

De la recherche à la
gestion : transfert
d'un modèle de
dynamique de population
vers un opérateur de la
gestion

Cas du saumon de l'Allier

Marion LEGRAND¹, Etienne PREVOST²

¹LOGRAMI, ²INRA –UMR 1224 ECOBIOP

FEVRIER 2015



Région
PAYS DE LA LOIRE



Table des matières

1	Introduction	6
2	Opération de transfert	7
3	Modifications apportées au modèle	9
3.1	Révisions et corrections	9
3.2	Mise à jour	10
3.3	Amélioration du modèle	10
3.3.1	Les données de surfaces productives et leur prise en compte dans le modèle . .	10
3.3.2	Les données de déversement d'alevins et leur influence sur les résultats de pêches électriques	11
3.3.3	Le taux de transition du juvénile à l'adulte à l'intérieur des différents secteurs du modèle	12
4	Développement d'un nouveau scénario : l'aménagement de Poutès	14
5	Résultats obtenus	16
5.1	Analyse rétrospective	16
5.1.1	Relation de calibration entre les densités de tacons 0+ et les indices d'abon- dance en 5 minutes	16
5.1.2	Répartition des adultes dans les différents secteurs	17
5.1.3	Relation entre nombre d'adultes potentiels et comptages frayères	19
5.1.4	Relations de densité-dépendance	19
5.1.5	Taux de retour du tacon 0+ et du smolt déversé à l'adulte	20
5.2	Simulations sans repeuplement et projections à 20 ans	22
5.2.1	Retour vers le futur : Et si on n'avait jamais repeuplé ?	22
5.2.2	Projection à 20 ans sans changement autre que l'arrêt des déversements	24
5.2.3	Projection à 20 ans avec une amélioration des conditions de franchissabilité à la montaison et une diminution des impacts à la dévalaison de 50% au barrage de Poutès	26
5.2.4	Projection à 20 ans avec la suppression du barrage de Poutès	29
5.2.5	Projection à 20 ans avec une augmentation progressive du taux de transition entre le tacon 0+ et l'adulte jusqu'à atteindre 50% du niveau initial	32
5.2.6	Projection à 20 ans avec une augmentation progressive du taux de transition entre le tacon 0+ et l'adulte jusqu'à l'atteinte de son niveau initial	35
6	Conclusion et perspectives du projet	38
6.1	La modélisation	38
6.2	Analyse rétrospective	38
6.3	Simulation rétrospective sans repeuplement	38
6.4	Viabilité de la population de saumon atlantique dans le bassin Allier	39
6.5	Projet de transfert	39

A	Présentation de la fiche-projet du transfert du modèle de dynamique de population	41
B	Relevés de décisions des réunions du groupe de suivi du projet de modélisation	47
C	Densités prédites pour un nombre de tacons 0+ capturé en 5 minutes	56
D	Présentation des paramètres estimés par le modèle	59
E	Code du modèle 2015.01.24	82

Table des figures

3.1	Localisation des secteurs utilisés dans le modèle	12
5.1	Densité de tacons prédits en fonction du nombre de poissons capturés	16
5.2	Répartition des adultes dans les différents secteurs	18
5.3	Relation entre nombre de géniteurs potentiels et comptages frayères	19
5.4	Relation Stock/recrutement	20
5.5	Taux de retour du 0+ et du smolt à l'adulte	21
5.6	Retour vers le futur : et si on n'avait jamais repeuplé ?	23
5.7	Retours d'adultes à Vichy avec arrêt des repeuplements et projection à 20 ans	24
5.8	Probabilité d'atteindre certains seuils de nombre d'adultes à Vichy	25
5.9	Retours d'adultes à Vichy avec arrêt des repeuplements et amélioration des conditions à Poutès de 50%	27
5.10	Probabilité d'atteindre certains seuils de nombre d'adultes à Vichy avec 50% d'amélioration à Poutès	28
5.11	Retours d'adultes à Vichy avec arrêt des repeuplements et amélioration des conditions à Poutès de 100%	30
5.12	Probabilité d'atteindre certains seuils de nombre d'adultes à Vichy avec 100% d'amélioration à Poutès	31
5.13	Retours d'adultes à Vichy avec arrêt des repeuplements et amélioration de la survie jusqu'à 50% du niveau initial	33
5.14	Probabilité d'atteindre certains seuils de nombre d'adultes à Vichy avec arrêt des repeuplements et amélioration de la survie de 50%	34
5.15	Retours d'adultes à Vichy avec arrêt des repeuplements et amélioration de la survie jusqu'à 100% du niveau initial	36
5.16	Probabilité d'atteindre certains seuils de nombre d'adultes à Vichy avec arrêt des repeuplements et amélioration de la survie de 100%	37

Liste des tableaux

3.1	Limites amont des linéaires accessibles	11
-----	---	----

1 Introduction

La réalisation d'un modèle de dynamique de population sur le saumon de l'Allier a été souhaité de longue date par les acteurs du bassin de la Loire. Ce projet avait ainsi été inscrit dans le plan de gestion des poissons migrateurs (PLAGEPOMI) 2009-2013 à la mesure 62 intitulée « Comprendre les modalités de renouvellement de la population : création d'un modèle de dynamique des populations ». En 2010, pour répondre à cette demande, Guillaume Dauphin et Etienne Prévost (INRA-UMR Ecobiop) ont développé dans le cadre du plan Loire grande nature (plateforme Recherche/Données et Informations), et avec la collaboration de tous les acteurs locaux de la gestion et du suivi du saumon de l'axe Loire-Allier, un modèle de dynamique de population spécifique au saumon de l'Allier (Dauphin and Prévost, 2013).

Ce modèle permet de faire la synthèse d'un vaste ensemble de données et d'informations collectées depuis plus de 30 ans et d'évaluer la viabilité de la population de saumons de l'Allier sous différentes hypothèses de gestion combinant repeuplement, restauration de la continuité écologique et changement de la qualité de l'habitat. La version remise en 2012 répondait aux attentes des acteurs du bassin mais il est très vite apparu qu'un tel projet méritait d'être poursuivi et amélioré afin de répondre plus largement aux questions des gestionnaires (développement de nouveaux scénarios, notamment). Une passation a ainsi été proposée entre l'INRA, concepteur du modèle, et le tableau de bord « saumon, aloses, lamproies et truite de mer » du bassin Loire (porté par LOGRAMI), outil de centralisation, de valorisation de l'information et d'expertise auprès des gestionnaires.

Du fait de sa complexité, la mise à jour (en fonction des nouvelles données et informations disponibles) et l'utilisation de ce modèle requiert un niveau d'expertise assez avancé en modélisation et un apprentissage pour sa prise en main. L'opération de transfert vise ainsi à permettre au principal opérateur assurant le suivi et l'évaluation du statut du saumon de l'Allier (association LOGRAMI) de devenir autonome dans la mise à jour et l'utilisation du modèle à des fins de tests d'options alternatives de gestion et d'évolution de l'environnement. Cette action de transfert est menée dans le cadre du pôle INRA-ONEMA.

2 Opération de transfert

Le projet de transfert du modèle de dynamique de population vers le Tableau de bord SALT visait plusieurs objectifs (Annexe A) :

- la formation à la modélisation bayésienne,
- la prise en main du modèle développé sur l'Allier,
- l'appropriation du modèle via la mise à jour avec les données thésaurisées en 2012 et 2013,
- le test de quelques options de gestion et d'évolution de l'environnement, et en particulier une première évaluation des effets attendus du prochain aménagement du barrage de Poutès.

En 2014, conformément à la fiche-projet (Annexe A), une formation à la modélisation bayésienne, réalisée par Etienne Prévost, s'est tenue du 24 au 29 mars puis du 7 au 11 avril. Cette formation s'est déroulée sur deux semaines et a permis à l'ingénieure LOGRAMI en charge du Tableau de bord SALT de se familiariser avec la modélisation bayésienne à la fois à travers l'apport de notions théoriques et au travers d'exemples concrets pour la mise en pratique de ces notions théoriques. Le logiciel Openbugs, utilisé pour faire tourner le modèle de dynamique de population du saumon de l'Allier, a également été présenté et des exercices utilisant ce logiciel ont été proposés. De façon à dynamiser cet apprentissage et à répondre à une demande en formation bayésienne, ces 15 jours ont été ouverts à des agents de l'ONEMA et de l'INRA. Au total, jusqu'à 7 personnes ont pu bénéficier de cette formation.

Suite à cette première phase, 2 autres semaines (du 19 au 30 mai) ont été consacrées à la prise en main du modèle Allier. Ces journées n'ont été suivies que par Marion Legrand (LOGRAMI) et ont été assurées par Guillaume Dauphin et Etienne Prévost, concepteurs du modèle sur l'Allier. Lors de cette période de prise en main, le modèle a été revisité en détail ce qui a permis à la fois à l'ingénieure LOGRAMI de s'approprier le modèle mais également de vérifier et valider toutes les données et hypothèses le constituant. Suite à ce travail des corrections et des modifications ont été apportées (section 3.1). Pour finir cette phase de prise en main, la mise à jour du modèle avec les données 2012 et 2013 bancarisées au sein du Tableau de bord SALT a été réalisée (section 3.2).

A la suite de cette période, l'ingénieure LOGRAMI a commencé à travailler en autonomie sur le modèle avec des réunions régulières avec Etienne Prévost à l'INRA. Ainsi, 3 réunions de 3 jours chacune (du 25 au 27 août, du 13 au 15 octobre et du 8 au 10 décembre 2014) ont été organisées afin de discuter des avancées et des résultats, ainsi que de l'organisation du travail à venir. De nouvelles modifications ont été apportées au modèle notamment concernant la prise en compte de l'influence des déversements dans les points de pêche à l'électricité (section 3.3.2 et plus généralement section 3.3). Enfin, durant cette période, les scénarios liés au réaménagement futur de Poutès ont été développés (section 4).

Afin de poursuivre et de renforcer le lien créé dès le démarrage du projet, avec les acteurs locaux de la gestion de l'eau et du saumon, nous avons constitué et réunis à deux reprises un groupe pour le suivi du projet (22 juillet et 19 novembre 2014, cf. Annexe B pour les relevés de décisions de ces réunions). La composition de ce groupe s'est voulue large afin que les principaux acteurs du bassin de l'Allier puisse y participer. Ont ainsi été invités l'ensemble des fédérations de pêche du bassin de l'Allier, les animateurs(/trices) des Sages Alagnon, Dore, Sioule et Haut-Allier, l'Agence de l'Eau Loire-Bretagne, Electricité de France, le Conservatoire National du Saumon Sauvage, l'ONEMA, la Direction Régionale de l'Environnement, de l'Aménagement et du Logement (DREAL) de bassin et la DREAL Auvergne, l'Etablissement Public Loire, le Syndicat Interdépartemental de Gestion de l'Alagnon, ainsi que LOGRAMI.

Ces réunions co-pilotées par l'INRA et le Tableau de bord SALT, ont permis de présenter le modèle tel que mis à jour des données 2012 et 2013, ainsi que les différentes modifications apportées au cours de l'année 2014. Elles ont également été l'occasion de discuter les hypothèses et de présenter le développement des scénarios liés au réaménagement de Poutès. De façon plus générale, ce groupe a permis d'attester de l'intérêt des acteurs du bassin pour ce projet de modélisation et a validé la poursuite du travail sur le modèle pour les années à venir. Dans ce but, les modifications et les développements nouveaux souhaités ont été listés et priorisés pour que le travail se poursuive en 2015 (Annexe B).

L'ensemble du code permettant de générer le modèle (version 2015.01.24) est consultable en Annexe E. Les données ayant alimenté le modèle peuvent être obtenues par demande écrite au Tableau de bord SALT¹.

1. tableau-salt-loire@logrami.fr

3 Modifications apportées au modèle

Comme nous l'avons vu, 3 types de modifications ont pu être apportées en 2014 au modèle tel que développé par [Dauphin and Prévost \(2013\)](#) :

- des révisions et des corrections : l'explication détaillée du modèle lors de la phase de formation, a été l'occasion de revalider l'ensemble des hypothèses et des données injectées dans le modèle ainsi que les scripts générés. Lors de cette phases, des erreurs ont pu être identifiées et corrigées (section [3.1](#)),
- l'incrémentation des séries de données avec les années 2012 et 2013 (section [3.2](#)),
- la poursuite de l'amélioration du modèle (section [3.3](#)).

3.1 Révisions et corrections

La principale correction apportée concerne le modèle de calibration reliant le nombre de tacons 0+ pêchés en 5 minutes au nombre total de tacons 0+ présents sur la zone (nombre connu grâce à la réalisation de pêches complètes à deux ou trois passages sur le même site et immédiatement après la réalisation de la pêche en 5 minutes). Ce modèle de calibration est à la base de tous les autres calculs concernant les juvéniles puisqu'il permet de transformer un nombre de poissons obtenus en 5 minutes de pêche en densité de 0+ par m². Cette densité est ensuite multipliée par les surfaces disponibles permettant ainsi d'avoir une estimation du nombre de juvéniles produits une année donnée. Or, une erreur s'était glissée dans le script permettant de réaliser le lien entre pêches en 5 minutes et pêches complètes. La figure [5.1](#) et le tableau de l'Annexe [C](#) présentent ainsi la mise à jour de cette relation corrigée.

D'autre part, nous avons rediscuté l'effet méthode ajouté dans le modèle frayère pour distinguer les comptages réalisés à pied ou en bateau (avant 1997), de ceux réalisés en hélicoptère (après 1997). En retravaillant cet aspect nous nous sommes aperçus que l'effet spatial injecté dans le modèle et permettant d'ajuster les données frayères en fonction des secteurs, ne permettait pas de sectoriser les zones au niveau de Langeac mais bien au niveau de Poutès. Cette correction ayant été apportée, nous avons constaté que l'effet méthode de comptage des frayères (pied et bateau *versus* hélicoptère) n'était plus significatif. Néanmoins, nous avons décidé de conserver cet effet puisqu'il avait été ajouté lors de la publication de ce modèle d'observation par [Dauphin et al. \(2013\)](#) (sur demande du comité de lecture), et que cela nous semblait cohérent avec les données (c'est-à-dire changement important dans la méthodologie). La section [5](#), présente les figures modifiées suite à la correction de l'effet spatial dans le modèle frayère.

Enfin, nous avons parcouru l'ensemble des données et lors de cette phase nous en avons précisé et corrigé un certain nombre. Les données frayères ont ainsi été complétées, notamment pour les cours d'eau Alagnon (données ajoutées sur la période 2001 – 2011) et Dore (données 2011). En effet, ces rivières faisant partie intégrante du secteur aval du modèle (secteur Vichy-Langeac), la prise en compte de ces données par le modèle est importante. Les nombreuses données de pêche en 5 minutes ont également été validées et corrigées. Enfin, une correction a été apportée aux comptages d'adultes à Vichy concernant l'année 2004. En effet, les opérateurs de terrain ont indiqué que l'effectif compté à Vichy cette année là, n'était pas exhaustif. Nous avons donc considéré ce nombre comme étant un minimum.

3.2 Mise à jour

La mise à jour des données a été un moment important dans le processus d'appropriation du modèle. En effet, il a permis de mieux se familiariser avec l'outil et de mieux comprendre comment le modèle fonctionnait. Deux années de données supplémentaires (années 2012 et 2013) ont été ajoutées (cf. section 5.1 pour les résultats de cette mise à jour). Les retours d'adultes de ces deux années correspondent aux premières années de mise en place de la zone refuge sur l'Allier. Cette zone refuge, située en amont de Langeac, vise à préserver les secteurs de productions considérés comme étant les meilleurs, des différents impacts anthropiques. Ainsi, il a été décidé de ne plus y déverser de poissons de pisciculture à quel que stades que ce soit. Cette mesure a pris effet en 2008 pour l'arrêt des déversements au stade alevin et en 2009 pour l'arrêt total (y compris les œufs). Les retours d'adultes en 2012 et 2013 proviennent ainsi (en totalité ou en partie) des juvéniles sauvages produits dans cette zones (respectivement entre 2007–2009 et 2008–2010). Ces années sont ainsi importantes car elles permettent au modèle de connaître avec certitude l'origine des poissons produits dans la zone en amont de Langeac (origine sauvage), or cette distinction sauvage/élevage est un des défis que se propose de relever le modèle compte-tenu du fait que l'ensemble des poissons déversés ne sont pas marqués. La poursuite de la mise à jour du modèle avec les données des prochaines années sera tout aussi importante pour permettre au modèle d'être plus robuste dans cette discrimination sauvage/élevage.

3.3 Amélioration du modèle

Deux types d'amélioration ont pu être apportées au modèle. La première est une amélioration de « forme ». En effet, dans le processus d'appropriation du modèle et du code, le script a été entièrement revu et commenté, avec une mise en évidence plus nette des différentes parties le composant. D'autre part, une séparation beaucoup plus nette a été proposée entre le modèle en tant que tel (tournant sous Openbugs), et la partie simulation et projection. Jusque là cette deuxième partie était pour un bout réalisée dans Openbugs et pour l'autre dans le logiciel R. Afin de bien dissocier les deux parties et d'éviter toute confusion d'Openbugs entre les paramètres projetés et ceux estimés sur la période pour laquelle nous disposons de données, toutes les simulations et projections ont été réécrites dans R. Ce travail de réécriture présente également l'avantage d'augmenter la rapidité de sortie des simulations et projections (puisque'il n'est plus nécessaire de faire retourner tout le modèle pour réaliser chaque nouvelle projection).

Le deuxième type d'amélioration concerne le modèle en tant que tel. Ces modifications ont concerné les deux modèles d'observation constituant le modèle de dynamique de population (cf. Dauphin and Prévost (2013) pour avoir un rappel sur la façon dont le modèle est construit), à savoir le modèle de densité de juvéniles 0+ et le modèle « frayères » permettant de relier les géniteurs potentiels aux comptages des nids.

3.3.1 Les données de surfaces productives et leur prise en compte dans le modèle

La façon de considérer les surfaces productives a été revue. Ainsi, ces surfaces ne sont plus calculées comme dans l'équation 3.1 proposée par Dauphin and Prévost (2013), mais comme dans l'équation 3.2 proposée par Minster and Bomassi (1999). Cette modification a fait l'objet d'une validation par le groupe de suivi du projet.

$$S_p = RAD + RAP + RAB + PLA \quad (3.1)$$

avec S_p = Surfaces_{productives},

RAD = Surfaces de radiers,

RAP = Surfaces de rapides,

RAB = Surfaces de radiers à blocs et

PLA = Surfaces de plats courants.

$$S_p = RAD + RAP + RAB + CLO + \frac{1}{5}PLA \quad (3.2)$$

avec S_p = Surfaces_{productives} en équivalent radiers-rapides,
 RAD= Surfaces de radiers,
 RAP=Surfaces de rapides,
 RAB=Surfaces de radiers à blocs,
 CLO=Surfaces de chenaux lotiques et
 PLA=Surfaces de plats courants.

D'autre part, la façon de prendre en compte le linéaire prospecté lors du comptage des frayères a été revue. En effet, jusque là le linéaire prospecté d'une année était rapporté au linéaire maximum prospecté sur l'ensemble de la série chronologique. Ce maximum prospecté a été remplacé dans cette nouvelle version du modèle par le linéaire total accessible, qui nous a semblé être une meilleure mesure (notamment pour éviter dans une année future d'avoir un linéaire prospecté supérieur au linéaire maximum prospecté jusque là). Ainsi, les limites amont de l'ensemble des cours d'eau intégrés dans le modèle ont été définies afin de quantifier ce linéaire total accessible.

Enfin, nous avons adapté le modèle pour mieux prendre en compte les différentes ouvertures opérées au cours du temps sur les cours d'eau Alagnon, Dore et Allier et qui sont récapitulées dans le tableau 3.1.

	Allier	Alagnon	Dore
1975–1985	VL= Langeac LP= Poutès AM= ∅	Grand Pont	Ambert
1986–1997	VL= Langeac LP= Poutès AM= S ^t Etienne	Grand Pont	Ambert
1998–2003	VL= Langeac LP= Poutès AM= amont Poutès total	Grand Pont	Ambert
1998–2003	VL= Langeac LP= Poutès AM= amont Poutès total	Jobsac	Ambert

Tableau 3.1 – Limites amont des linéaires accessibles en fonction des années et des cours d'eau. Sur l'Allier nous distinguons les 3 secteurs du modèle à savoir VL=Vichy-Langeac, LP=Langeac-Poutès et AM=Amont Poutès.

3.3.2 Les données de déversement d'alevins et leur influence sur les résultats de pêches électriques

La localisation précise des points d'alevinage n'est pas aisée à obtenir sur l'ensemble de la série chronologique (en particulier sur la partie historique de la série). De plus, le phénomène de dispersion de ces poissons est difficile à appréhender, ce qui implique que lors des pêches électriques il n'est pas évident de connaître l'origine des juvéniles pêchés notamment lorsque le point de pêche n'est pas directement situé au niveau du point de déversement. De ce fait, le modèle considérait jusque là que si un site de pêche était sous influence des repeuplements (site de pêche situé au niveau du point de déversement), tout le secteur était considéré comme sous l'influence des déversements. La figure 3.1 rappelle la sectorisation réalisée dans ce modèle. Ce mécanisme conduisait donc à considérer tout le secteur aval de l'Allier (secteur Vichy-Langeac) ainsi que la Dore et l'Alagnon sous influence des déversements si un point de pêche sur l'Alagnon était considéré comme influencé par les alevinages.

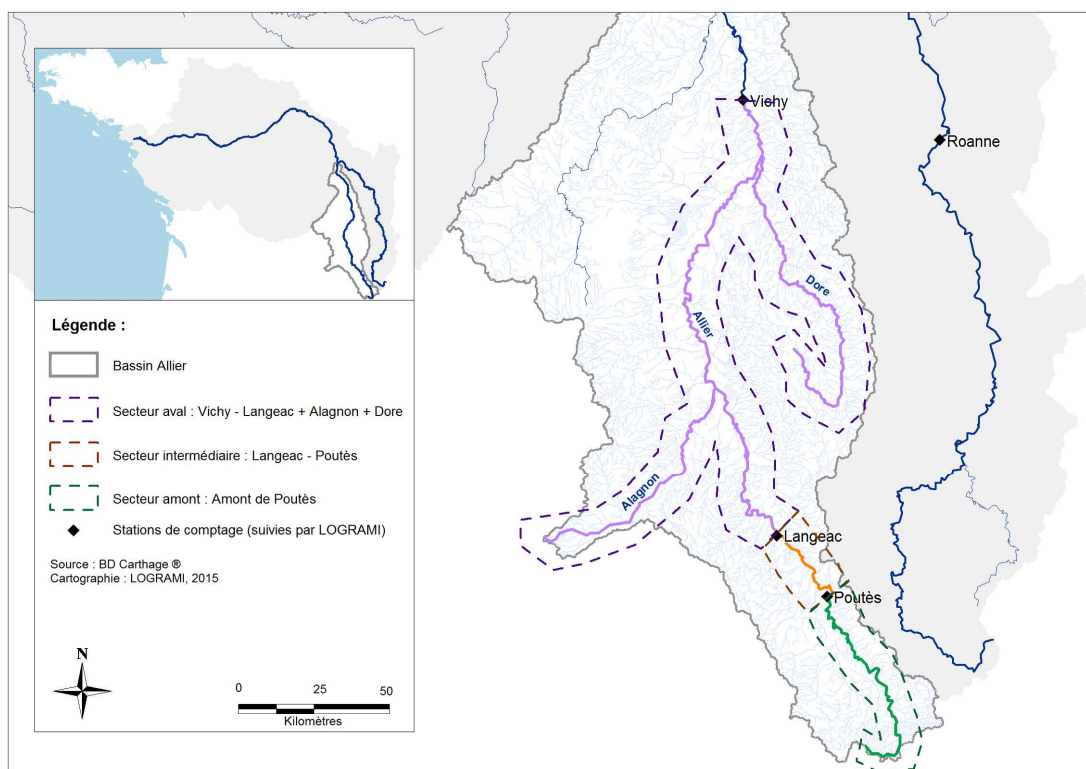


FIGURE 3.1 – Localisation des secteurs utilisés dans le modèle

Avec le soucis constant de préciser au maximum l'origine des poissons (quand cela est possible) afin de permettre au modèle de mieux discriminer les deux origines, nous avons repris l'ensemble des données bancarisées au sein du Tableau de bord SALT et pour lesquelles nous disposons d'informations précises sur la localisation des points d'alevinages (années 2005 à 2013). A l'aide du logiciel de cartographie MapInfo®, nous avons croisé les points de pêche et de déversement afin de visualiser des grands ensembles (zones où les points de déversement sont très fréquents et à proximité des points de pêche, et zones indemnes de repeuplement avec une zone tampon minimale de 2,5 km). Le résultat de ce croisement a été réinjecté dans le modèle pour les données 2005–2013 afin de déterminer plus finement pour ces années là, l'influence des déversements dans nos résultats de pêche.

3.3.3 Le taux de transition du juvénile à l'adulte à l'intérieur des différents secteurs du modèle

Dans la version antérieure (Dauphin and Prévost, 2013), le taux de transition du juvénile 0+ à l'adulte était identique quels que soient les secteurs. Le modèle n'avait donc qu'un seul paramètre à ajuster et cet ajustement était fait en fonction de l'ensemble des données des différents secteurs. Or, il nous est apparu durant notre travail sur le modèle en 2014, que cette hypothèse d'homogénéité était assez forte et pas vraiment justifiée. En effet, les connaissances de terrain et des études (en particulier Baglinière et al. (2005) et Bach et al. (2007)) tendent à montrer, au contraire, que le secteur en amont de Poutès, bien que disposant de surfaces jugées les plus productives, est lourdement impacté par le barrage de Poutès lors de la dévalaison des smolts. Ce facteur supplémentaire de mortalité n'ayant pas été prévu dans le modèle, c'est l'ensemble du taux de transition du 0+ à l'adulte de l'ensemble des zones qui était potentiellement impacté. Ainsi, nous avons ajouté dans le modèle un nouveau paramètre ($\rho_{\text{poutès}}$ pouvant prendre les valeurs de 0 à 1) lui permettant d'estimer un différentiel de survie entre l'amont et l'aval de Poutès. La production totale de juvéniles du système ne s'écrit donc plus comme dans l'équation 3.3, mais comme dans l'équation 3.4 :

$$Juv_tot_system[t] < -Juv_tot_vichy[t] + Juv_tot_langeac[t] + Juv_tot_poutes[t] \quad (3.3)$$

$$Juv_tot_system[t] < -Juv_tot_vichy[t] + Juv_tot_langeac[t] + rho_poutes * Juv_tot_poutes[t] \quad (3.4)$$

avec :

Juv_tot_system= production totale de juvéniles du système,

Juv_tot_vichy= production totale de juvéniles dans le secteur aval Vichy-Langeac,

Juv_tot_langeac= production totale de juvéniles dans le secteur intermédiaire Langeac-Poutès,

rho_poutes= paramètre de survie (entre 0 et 1) lié aux conditions de dévalaison à l'ouvrage de Poutès,

Juv_tot_poutes= production totale de juvéniles dans le secteur amont en amont de Poutès.

L'ajout de ce paramètre s'est révélé intéressant puisque le modèle a été capable d'estimer un facteur de surmortalité lié aux conditions de dévalaison à Poutès et dans le même temps de revoir à la hausse ses estimations sur le paramètre de transition entre le 0+ et l'adulte à l'échelle de l'ensemble des secteurs (cf. Annexe D et section 5.1.5).

4 Développement d'un nouveau scénario : l'aménagement de Poutès

Conformément à la fiche-projet (cf. Annexe A), nous avons développé des simulations liées au réaménagement prochain du barrage de Poutès situé sur l'Allier dans le département de la Haute-Loire. Les modifications apportées à cet ouvrage devraient être substantielles autant pour la montaison (abaissement du seuil de 17 à 4 mètres avec remplacement de l'ascenseur à poissons par une passe à bassins), que pour la dévalaison (réduction de la retenue de 3,5 kilomètres à moins de 300 mètres). L'objectif de ce travail était de :

- démontrer que le modèle était en mesure de simuler des scénarios de gestion liés aux ouvrages,
- évaluer la réponse de la population au réaménagement prochain de Poutès, tout particulièrement du point de vue de la viabilité de la population.

Suite aux discussions avec le comité de suivi du projet (cf. Annexe B), il a été décidé de réaliser 2 scénarios :

- le réaménagement de Poutès améliorera de 50% les conditions de montaison et de dévalaison (cf. section 5.2.3). Cette hypothèse est considérée comme pessimiste compte-tenu des améliorations prévues sur l'ouvrage et représentera donc un minimum à attendre en terme de réponse de la population,
- le barrage de Poutès est entièrement effacé (100% de gain à la montaison comme à la dévalaison). Ce deuxième scénario a été souhaité pour mesurer l'ensemble des gains possibles sur la population du saumon de l'Allier liés à l'ouvrage de Poutès (cf. section 5.2.4).

Pour réaliser ces scénarios nous avons identifié 2 paramètres à faire évoluer :

- un paramètre permettant de modifier les conditions à la dévalaison. Il s'agit du paramètre de différentiel de survie ($\rho_{\text{poutès}}$) lié à l'ouvrage de Poutès (cf. section 3.3.3),
- un paramètre permettant de modifier les conditions de franchissabilité à la montaison au niveau de l'ouvrage de Poutès (probabilité de passer en amont du barrage).

Dans le modèle, la probabilité de franchir Poutès s'écrit (équation 4.1) :

$$L_{\text{p_poutès}}[t] \sim \text{dnorm}(L_{\text{mu_p_poutès}}[t], \tau_{\text{p_poutès}}) \quad (4.1)$$

avec :

$L_{\text{p_poutès}}$ = logit de la probabilité de passer en amont de poutès ($p_{\text{poutès}}$),

$L_{\text{mu_p_poutès}}$ = logit de la probabilité moyenne ($\mu_{\text{p_poutès}}$) de passer en amont de Poutès (cf. équation 4.2),

$\tau_{\text{p_poutès}}$ = la précision liée à la probabilité de passer en amont de Poutès (la précision se définit comme étant $\frac{1}{\text{Variance}}$).

$$L_{\text{mu_p_poutès}}[t] < -L_{\text{ratio_juv_P}}[t] + \text{adjust_p_P} \quad (4.2)$$

avec :

$L_{\text{mu_p_poutès}}$ = logit de la probabilité moyenne ($\mu_{\text{p_poutès}}$) de passer en amont de Poutès,

$L_{\text{ratio_juv_P}}$ = le mécanisme de répartition des adultes à la fois en fonction des surfaces disponibles

(répartition idéale libre) et en fonction de l'endroit où ils sont nés (homing),
adjust_p_P= un facteur supplémentaire modifiant la probabilité de passage et directement lié à la présence de l'ouvrage. C'est ce paramètre qui est modifié dans nos simulations.

Ainsi, selon le scénario nous avons facilité la migration de montaison de 50% (cf. section 5.2.3) ou de 100% (cf. section 5.2.4), c'est à dire que nous avons respectivement divisé le paramètre adjust_p_P par 2 ou supprimé ce paramètre.

Concernant le paramètre modifiant les conditions de dévalaison (rho_poutes, cf. section 3.3.3), nous avons, dans le cadre du premier scénario (50% d'amélioration), divisé la mortalité par deux (soit $\frac{(1+\rho_{poutes})}{2}$), et dans le cadre du second (100% d'amélioration) supprimé le paramètre rho_poutes.

5 Résultats obtenus

Deux types de résultats sont présentés ici :

- les résultats du modèle de dynamique de population (section 5.1),
- les résultats des différentes simulations développées pour analyser la dynamique et la viabilité de la population à l'horizon de 20 ans sous différents scénarios (section 5.2).

Pour l'ensemble de ces projections nous avons fait l'hypothèse que les conditions environnementales resteront les mêmes que celles observées les années précédentes.

5.1 Analyse rétrospective

5.1.1 Relation de calibration entre les densités de tacons 0+ et les indices d'abondance en 5 minutes

Suite aux corrections et modifications apportées (section 3.1), la relation de calibration (figure 5.1) entre les indices d'abondances en 5 minutes et les densités de tacons 0+ par mètres carré est linéaire, et non plus concave comme dans la version de [Dauphin and Prévost \(2013\)](#).

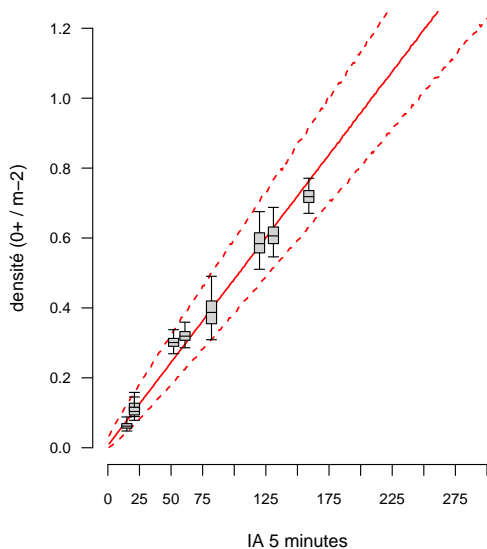


FIGURE 5.1 – Relation entre les indices d'abondances des pêches électriques 5 minutes et les densités de juvéniles 0+ pour 9 sites échantillonnés avec les deux types de méthodologies (enlèvements successifs et 5 minutes). Les boxplots indiquent les quantiles à 2.5th, 25th, médiane, 75th et 97.5th. Les lignes rouges pleines et pointillées indiquent la médiane et les quantiles à 2,5 et 97,5 des densités de juvéniles 0+ pour des valeurs d'indices d'abondance compris entre 1 et 300.

5.1.2 Répartition des adultes dans les différents secteurs

Les modifications apportées aux données de surfaces productives (section 3.3.1), ont quelque peu changé la vision que nous avions de la répartition des adultes (figure 5.2). Notamment, la prise en compte exhaustive des ouvertures des cours d'eau au fil du temps permet de mieux comprendre cette répartition avec un meilleur ajustement entre la présence des adultes et les surfaces disponibles (en particulier pour le secteur Vichy-Langeac).

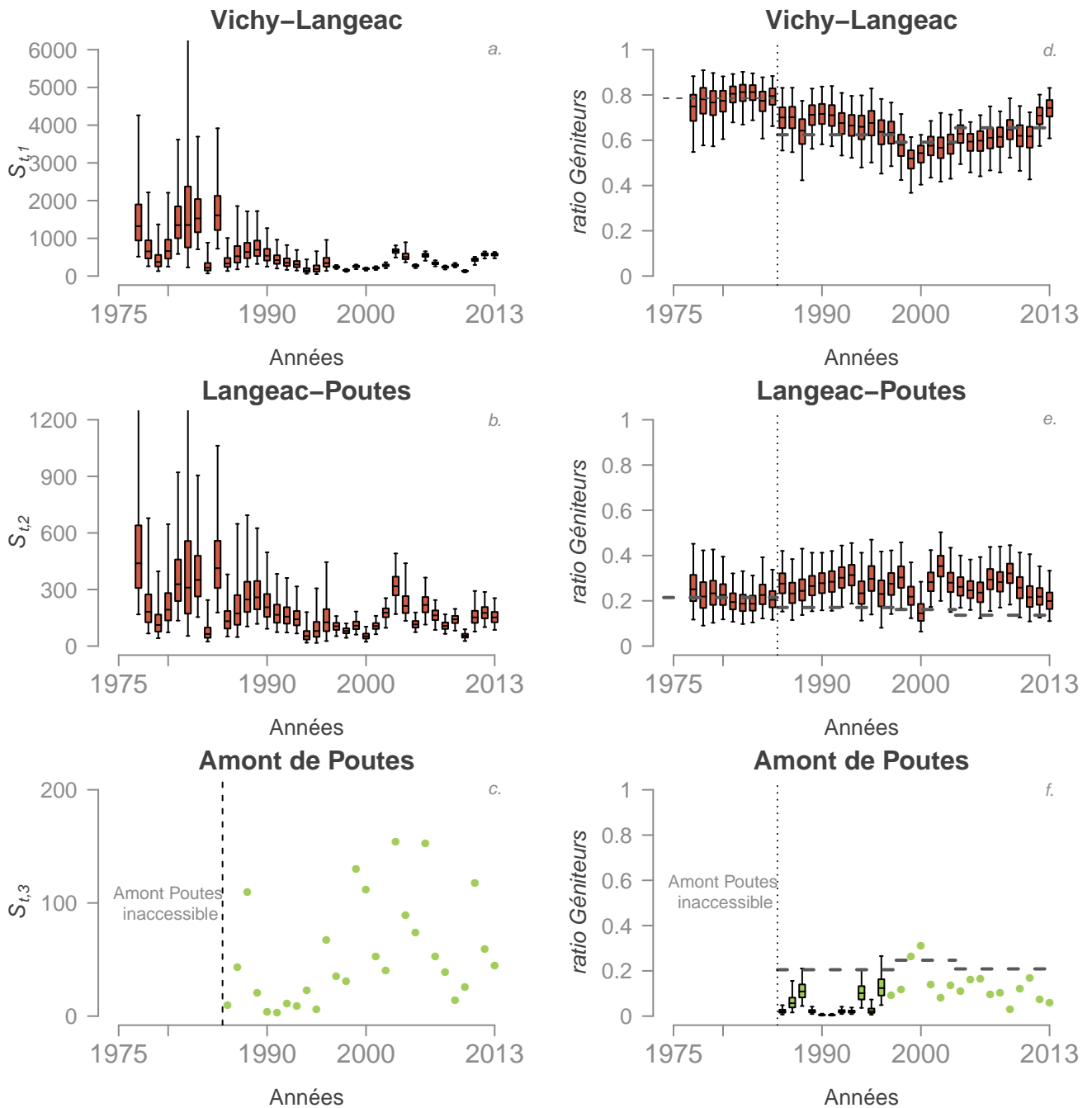


FIGURE 5.2 – Répartition des adultes dans les différents secteurs. Distribution a posteriori des abondances annuelles absolues et relatives des géniteurs potentiels dans chaque zones du bassin de l’Allier : Vichy-Langeac (a et d), Langeac-Poutès (b et e) et Amont de Poutès (c et f). Les boxplots indiquent les quantiles 2.5, 25, médiane, 75 et 97.5. Les lignes pointillées horizontales pour d, e, f indiquent la disponibilité relative de l’habitat potentiel pour les juvéniles. On notera que pour l’amont de Poutès, il n’y a pas d’estimation des abondances absolues car le nombre exact est toujours connu (c) et l’abondance relative est connue lorsque les comptages à Vichy sont disponibles.

5.1.3 Relation entre nombre d'adultes potentiels et comptages frayères

La moyenne du ratio « géniteurs :frayères » présentée dans la figure 5.3, met bien en avant la différence qui existe entre d'une part Vichy-Langeac et Langeac-Poutès, et l'amont de Poutès d'autre part. Ainsi, lorsqu'en amont de Poutès nous observons une frayère par géniteur potentiel, nous n'observons en moyenne que 0.65 frayères pour un géniteur potentiel en aval de Poutès.

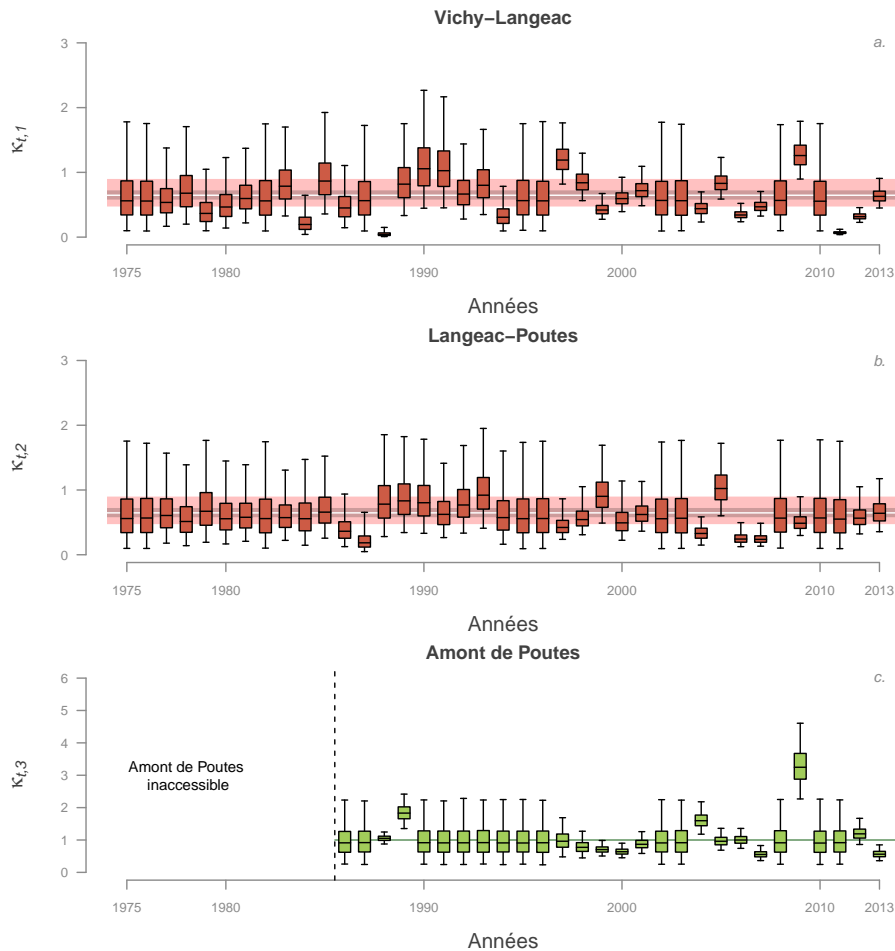


FIGURE 5.3 – Relation entre nombre de géniteurs potentiels et comptages frayères. Distribution a posteriori du ratio « géniteurs potentiels :frayères » pour chaque zone du bassin de l'Allier : a) Vichy-Langeac, b) Langeac-Poutès, c) Amont de Poutès. Les boxplots indiquent les quantiles 2.5, 25, médiane, 75 et 97.5. Les bandes colorées en arrière-plan représentent la médiane (trait blanc) et les quantiles à 2.5, 25, 75 et 97.5 pour l'hyper-paramètre $\mu^{\kappa_{down}}$ (moyenne de l'effet zone en aval de Poutès). L'hyper-paramètre $\mu^{\kappa_{up}}$ (moyenne de l'effet zone en amont de Poutès) est quant à lui fixé à 1.

5.1.4 Relations de densité-dépendance

Les relations Beverton & Holt de stock-recrutement ont également été mises à jour suites aux différentes modifications et améliorations apportées au modèle en 2014. Malgré cette mise à jour, les conclusions restent les mêmes avec un secteur en amont de Langeac bien plus productif que le secteur en aval (figure 5.4). Cette différence amont/aval Langeac est la plus marquée pour la relation stock-recrutement des juvéniles sauvages.

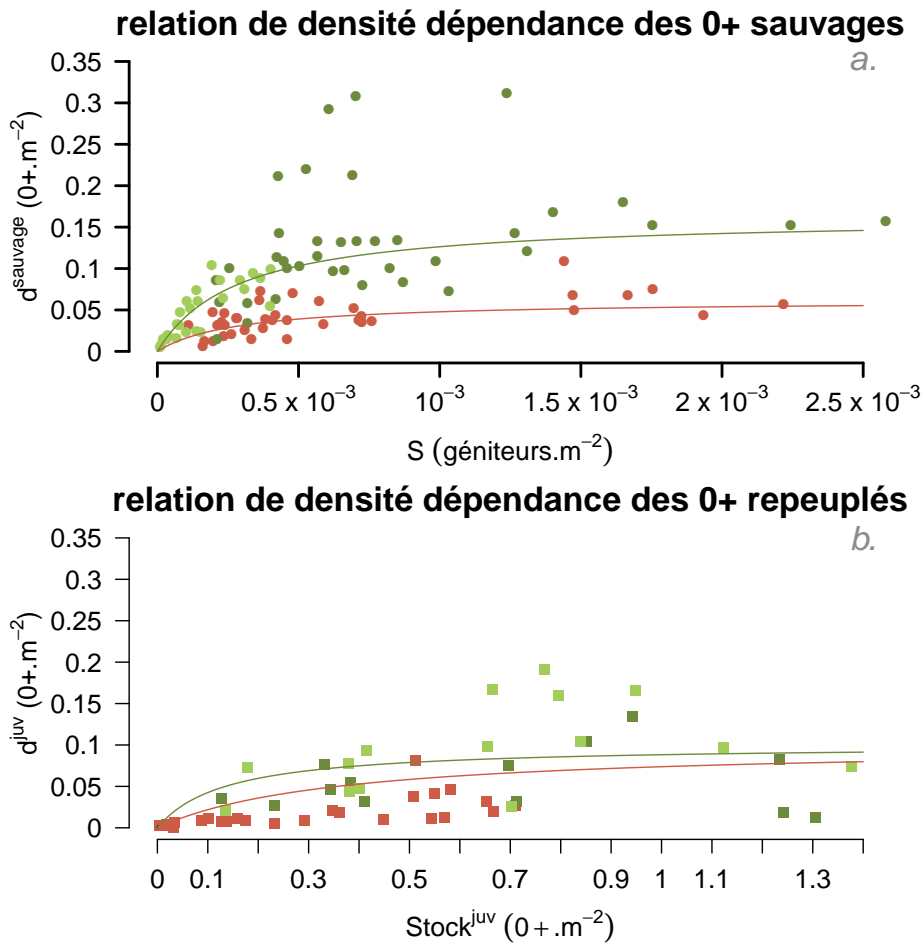


FIGURE 5.4 – Relation de densité dépendance moyenne entre a) les géniteurs potentiels d’une année donnée t et la densité de juvéniles 0+ sauvages de l’année suivante ($t+1$) et entre b) le nombre de juvéniles 0+ déversés au printemps et la densité de juvéniles issu du repeuplement à l’automne. Les différences spatiales à l’aval et à l’amont de Langeac sont représentées par deux courbes de couleurs différentes (rouge pour l’aval et vert pour l’amont). Les cercles et les carrés colorés représentent les « données » pour chaque zones du bassin de l’Allier : rouge pour la zone Vichy-Langeac, vert foncé pour la zone Langeac-Poutès et vert clair pour l’amont de Poutès.

5.1.5 Taux de retour du tacon 0+ et du smolt déversé à l’adulte

Dans cette nouvelle version du modèle, un facteur de sur-mortalité lié aux conditions de dévalaison au barrage de Poutès a été ajouté (section 3.3.3). Ainsi, nous estimons en moyenne (cf. Annexe C) que seuls 37% des juvéniles produits en amont de Poutès survivent à la dévalaison (tous paramètres pris en compte : perte dans la retenue, mortalité dans les turbines, etc.). Parallèlement à ce résultat, l’ajout du paramètre de sur-mortalité lié au barrage de Poutès a eu pour effet d’augmenter le taux de retour du juvénile 0+ à l’adulte (figure 5.5), même si le patron n’a pas bougé (décrochage observé du taux au milieu des années 80 comme précédemment). Ainsi, nous estimons en début de période (début année 80) un taux de transition moyen de l’ordre de 2% contre 0,65% dans la version précédente du modèle (Dauphin and Prévost, 2013), soit une augmentation d’un facteur 3. Le taux de transition actuel est également réévalué à la hausse (0,56% contre 0,17% précédemment).

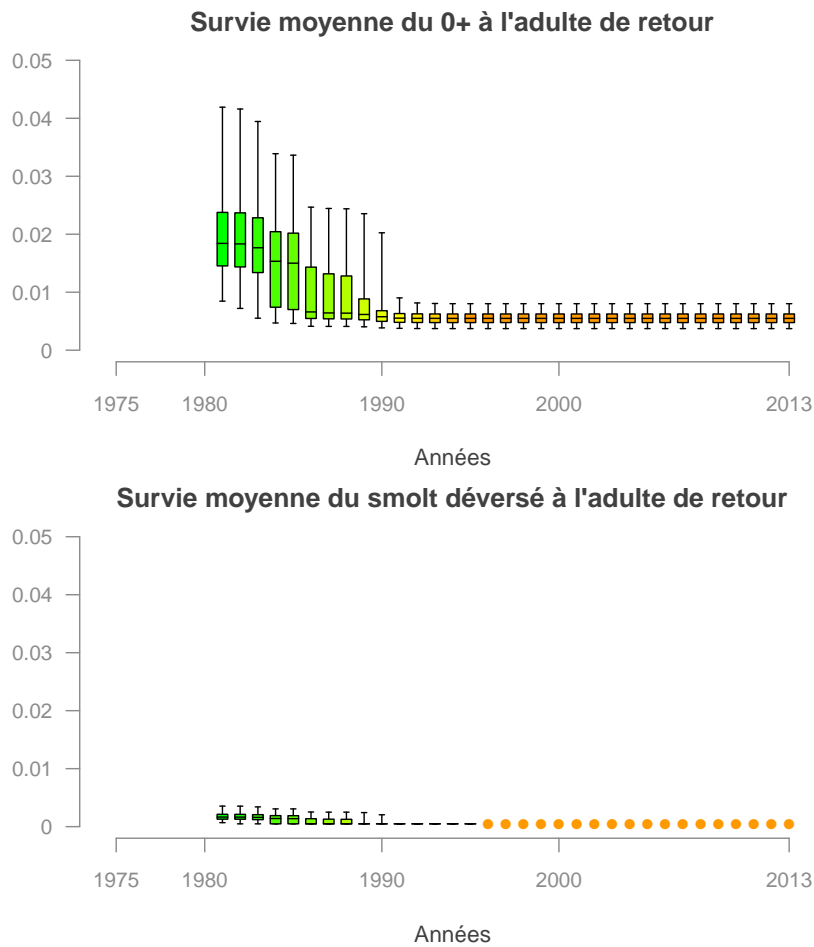


FIGURE 5.5 – Evolution a) du taux de retour du juvénile 0+ à l'adulte et b) du taux de retour du smolt déversé à l'adulte. Les points indiquent la survie moyenne du smolt issu du repeuplement à l'adulte fixée à partir des données de marquage ($\mu^{s-sm} = 4.81 * 10^{-4}$).

5.2 Simulations sans repeuplement et projections à 20 ans

Suite aux différentes corrections et améliorations apportées au modèle en 2014, les principaux scénarios proposés par [Dauphin and Prévost \(2013\)](#) ont été mis à jour et sont présentés dans cette section¹. Il s'agit de :

- une analyse rétrospective dans un scénario où aucun repeuplement n'aurait jamais eu lieu (section [5.2.1](#)),
- un scénario d'arrêt des repeuplements dès l'année prochaine avec une projection des retours à Vichy à 20 ans (section [5.2.2](#)),
- un scénario d'arrêt des repeuplements dès l'année prochaine et une augmentation progressive (sur 10 ans) du taux de transition entre le tacon 0+ et l'adulte jusqu'à atteindre 50% du niveau initial (section [5.2.5](#)),
- un scénario d'arrêt des repeuplements dès l'année prochaine et une augmentation progressive (sur 10 ans) du taux de transition entre le tacon 0+ et l'adulte jusqu'à atteindre le niveau initial (section [5.2.6](#)).

En plus de ces scénarios mis à jour, sont présentés les résultats des scénarios liés au réaménagement futur de Poutès :

- un scénario d'arrêt des repeuplements dès l'année prochaine accompagné d'une amélioration à la montaison et à la dévalaison de 50% au niveau du barrage de Poutès (section [5.2.3](#)),
- un scénario d'arrêt des repeuplements dès l'année prochaine accompagné d'une amélioration à la montaison et à la dévalaison de 100% au niveau du barrage de Poutès (section [5.2.3](#)). Ce scénario correspond à un scénario de suppression totale de l'ouvrage.

5.2.1 Retour vers le futur : Et si on n'avait jamais repeuplé ?

L'analyse rétrospective dans le scénario où aucun repeuplement n'auraient eu lieu dans le bassin Loire, indique que le repeuplement joue un rôle important dans le retour des adultes à Vichy depuis ces 15 dernières années (environ 61% des retours sur cette période). La contribution des repeuplements dans les retours d'adultes tient compte ici :

- des adultes de retour issus de repeuplement,
- de la descendance « naturelle » de géniteurs issus de repeuplement,
- des effets cumulés au cours des générations.

Cette contribution, bien qu'importante, a été revue à la baisse dans cette nouvelle version du modèle (61% contre 67% en moyenne dans la version précédente ([Dauphin and Prévost, 2013](#))). Ceci peut notamment être dû à la révision de l'influence des points de déversement sur les résultats des pêches électriques en 5 minutes (section [3.3.2](#)).

1. se référer au rapport de [Dauphin and Prévost \(2013\)](#) pour plus de détails sur les scénarios produits

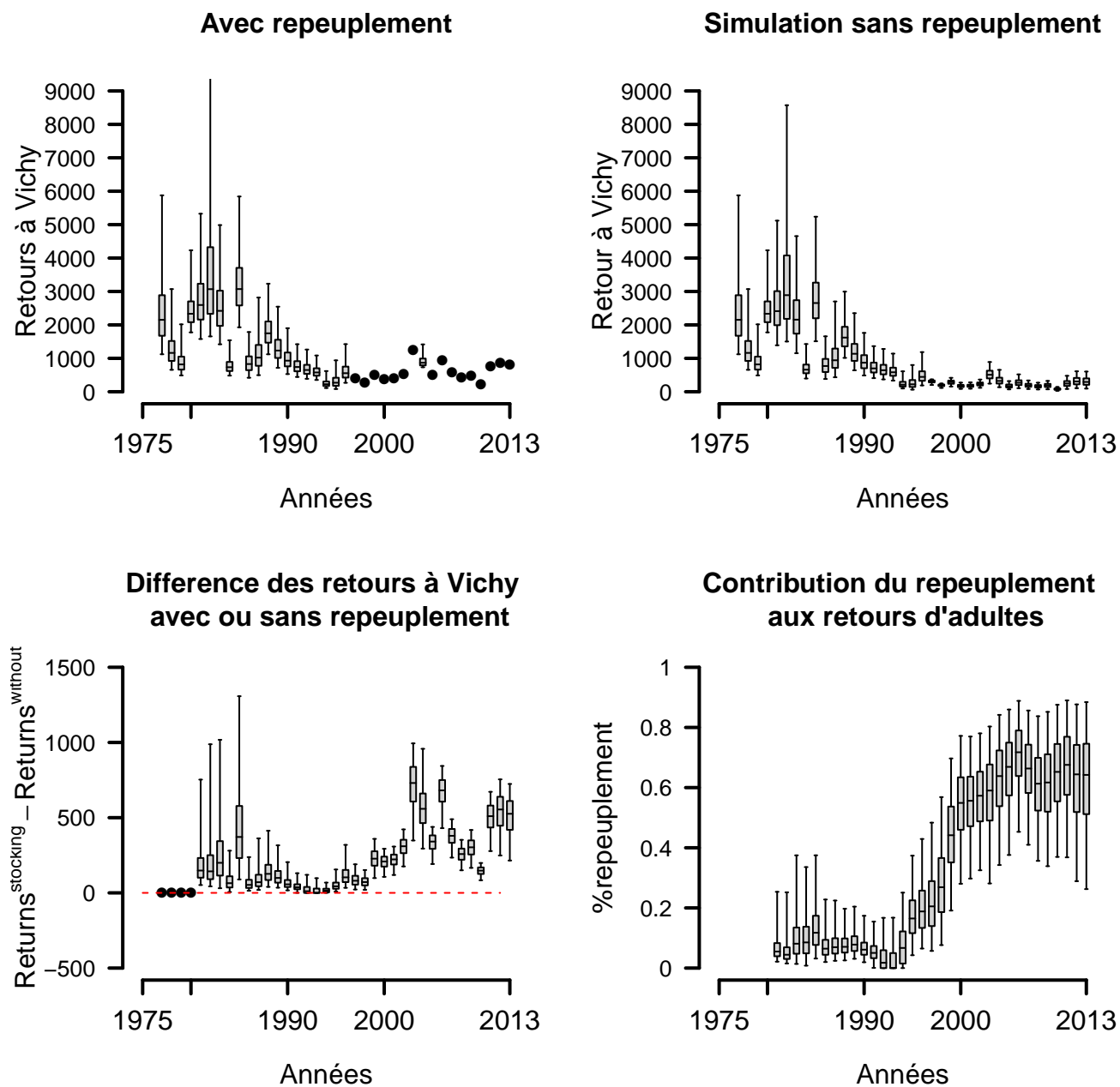


FIGURE 5.6 – a) *Distribution a posteriori des retours d'adultes à Vichy*, b) *Distribution a posteriori des retours d'adultes à Vichy simulés si il n'y avait jamais eu de repeuplement*, c) *Différences annuelles entre les retours d'adultes avec et sans repeuplement*, d) *Contribution du repeuplement aux retours d'adultes à Vichy*. Les boxplots indiquent les quantiles 2.5, 25, médiane, 75 et 97.5.

5.2.2 Projection à 20 ans sans changement autre que l'arrêt des déversements

L'intérêt de ce scénario est tout particulièrement de tester la viabilité de la population de saumon de l'Allier. Les résultats indiquent que le nombre d'adultes à Vichy tend à diminuer au cours du temps, témoignant ainsi d'une population qui ne se renouvelle pas suffisamment naturellement (figure 5.7). Dans ce scénario, la probabilité d'observer moins de 500 individus à Vichy est non négligeable (environ 40%) (figure 5.8), bien que cette probabilité ait été revue à la baisse comparée à la version précédente du modèle.

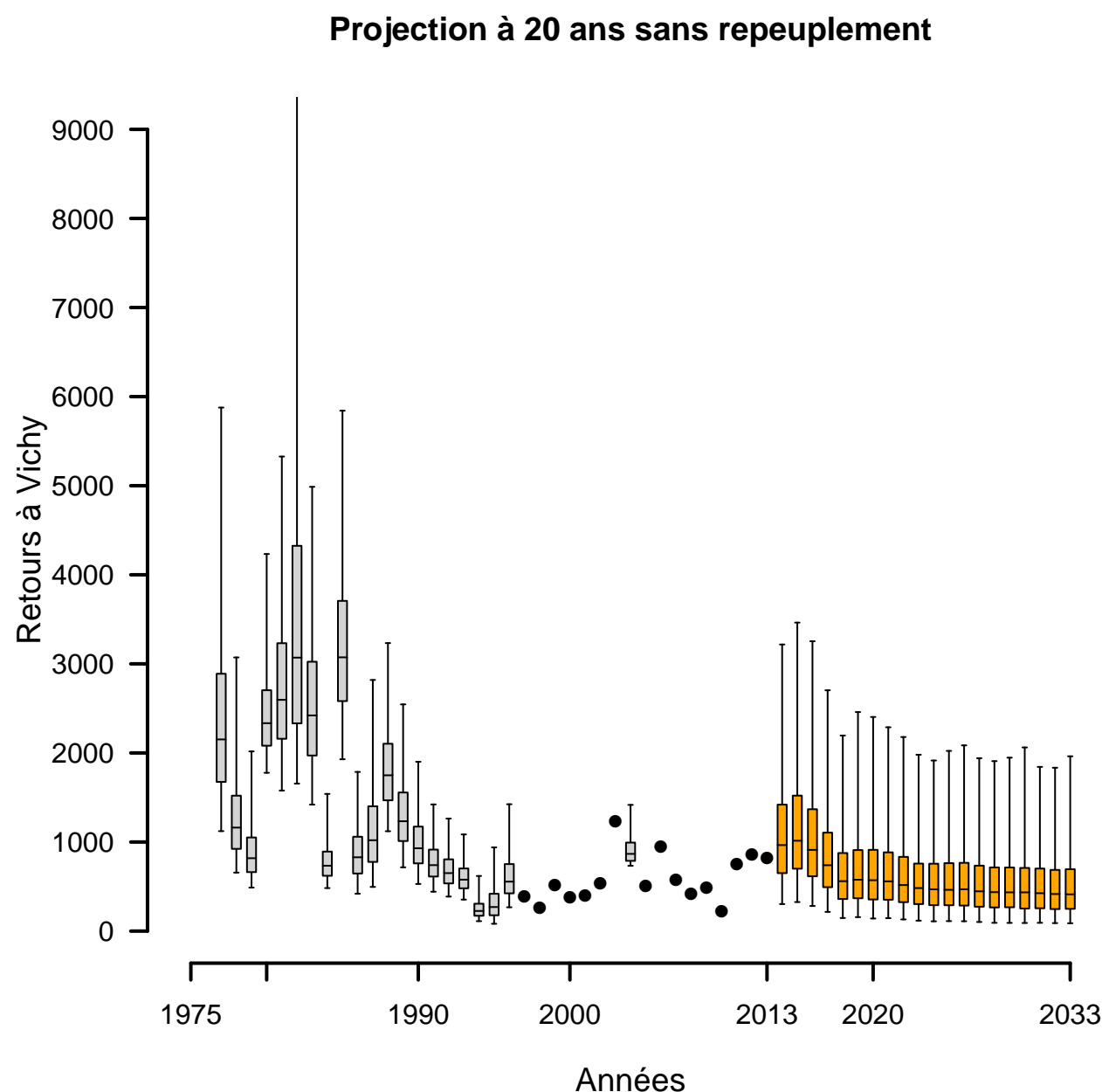


FIGURE 5.7 – Retours d'adultes à Vichy avec arrêt des repeuplements et projection à 20 ans. Les boxplots indiquent les quantiles 2.5, 25, médiane, 75 et 97.5. Les cercles pleins indiquent les années pour lesquelles la station de comptage de Vichy est opérationnelle et fournit le nombre de retours d'adultes. Les boxplots orange correspondent aux estimations des retours d'adultes à Vichy pour les 20 prochaines années.

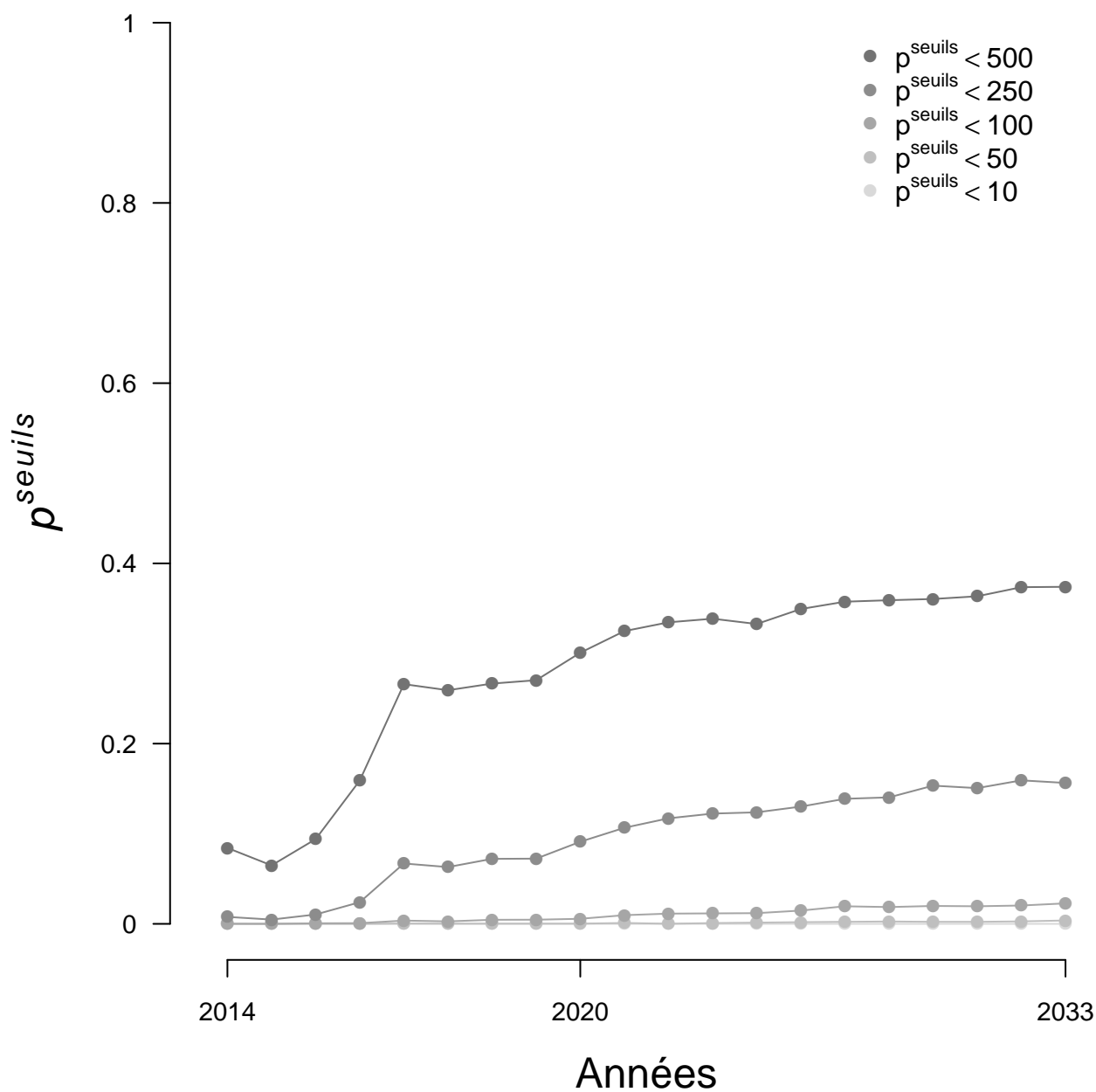


FIGURE 5.8 – Evolution de la probabilité p^{seuils} d'atteindre certains seuils arbitraires de nombre d'adultes de retours à Vichy sur la période 2014–2033, dans le scénario d'arrêt des repeuplements.

5.2.3 Projection à 20 ans avec une amélioration des conditions de franchissabilité à la montaison et une diminution des impacts à la dévalaison de 50% au barrage de Poutès

Dans ce scénario, les repeuplements sont arrêtés et la migration de montaison et de dévalaison est améliorée à hauteur de 50% à l'ouvrage de Poutès. Les retours d'adultes diminuent au cours du temps (figure 5.9) mais les effectifs attendus sont plus importants que ceux du scénario d'arrêt des repeuplements (figure 5.7). La diminution des effectifs à Vichy est plus lente que dans le scénario précédent et la probabilité d'observer moins de 500 individus à Vichy est d'environ 30% à la fin de la période (figure 5.10). Néanmoins, à l'horizon de 20 ans on ne constate toujours pas de stabilisation des effectifs à Vichy, ce qui tend à montrer que cette hypothèse ne serait pas suffisante pour assurer la viabilité de la population.

Projection à 20 ans sans repeuplement – Amélioration à la montaison et à la dévalaison à Poutès à hauteur de 50%

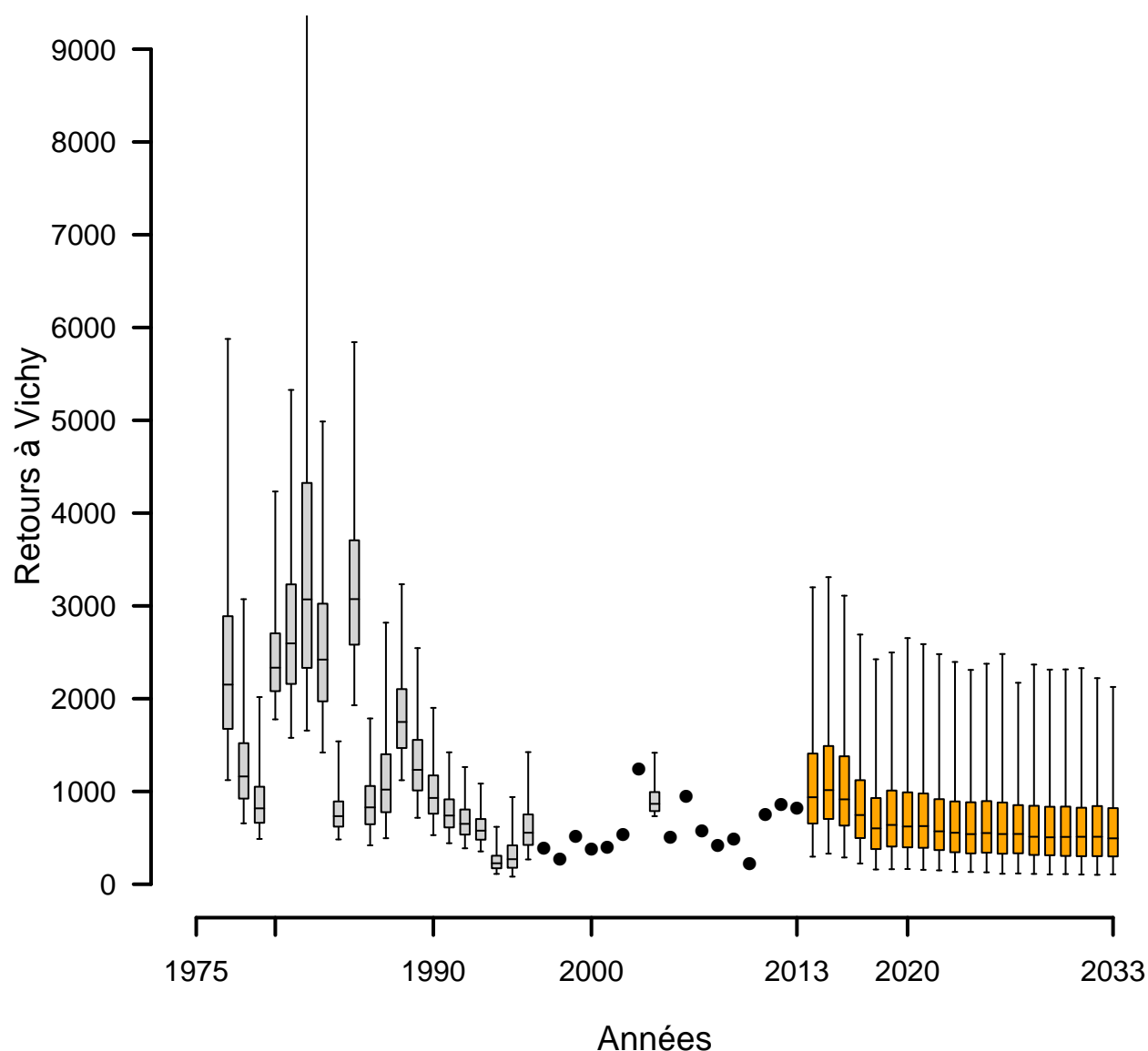


FIGURE 5.9 – Retours d’adultes à Vichy avec arrêt des repeuplements et amélioration des conditions de migration à la montaison et dévalaison à Poutès à hauteur de 50%. Une projection des retours d’adultes à 20 ans est réalisée. Les boxplots indiquent les quantiles 2.5, 25, médiane, 75 et 97.5. Les cercles pleins indiquent les années pour lesquelles la station de comptage de Vichy est opérationnelle et fournit le nombre de retours d’adultes. Les boxplots orange correspondent aux estimations des retours d’adultes à Vichy pour les 20 prochaines années.

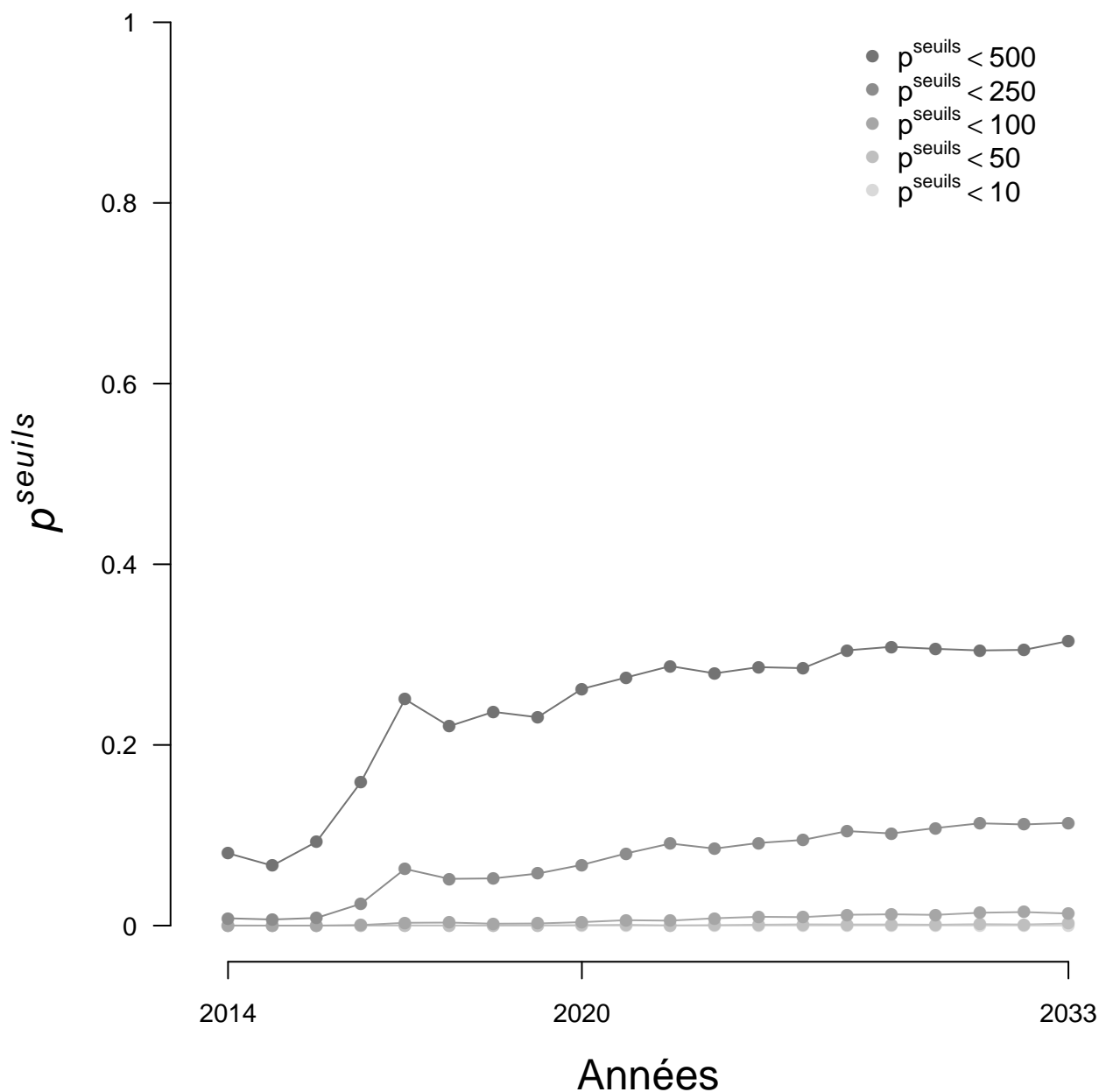


FIGURE 5.10 – Evolution de la probabilité p^{seuils} d'atteindre certains seuils arbitraires de nombre d'adultes de retours à Vichy sur la période 2014–2033, dans le scénario d'arrêt des repeuplements et d'amélioration des conditions de migration à la montaison et à la dévalaison à Poutès à hauteur de 50%.

5.2.4 Projection à 20 ans avec la suppression du barrage de Poutès

Dans ce scénario, les repeuplements sont arrêtés et la migration de montaison et de dévalaison est améliorée à hauteur de 100% à l'ouvrage de Poutès. Les retours d'adultes semblent quasiment stabilisés au cours du temps, avec un nombre médian de 543 individus à Vichy sur la période 2020–2033 (figure 5.11). Néanmoins, la probabilité d'observer moins de 500 individus à Vichy augmente encore (figure 5.12), même si cette augmentation est très ténue. Ce scénario permettrait d'observer des effectifs à Vichy à peu près comparables à ceux rencontrés ces dernières années, mais un doute persiste, sur le long terme, sur la viabilité de la population.

Projection à 20 ans sans repeuplement – Amélioration à la montaison et à la dévalaison à Poutès à hauteur de 100%

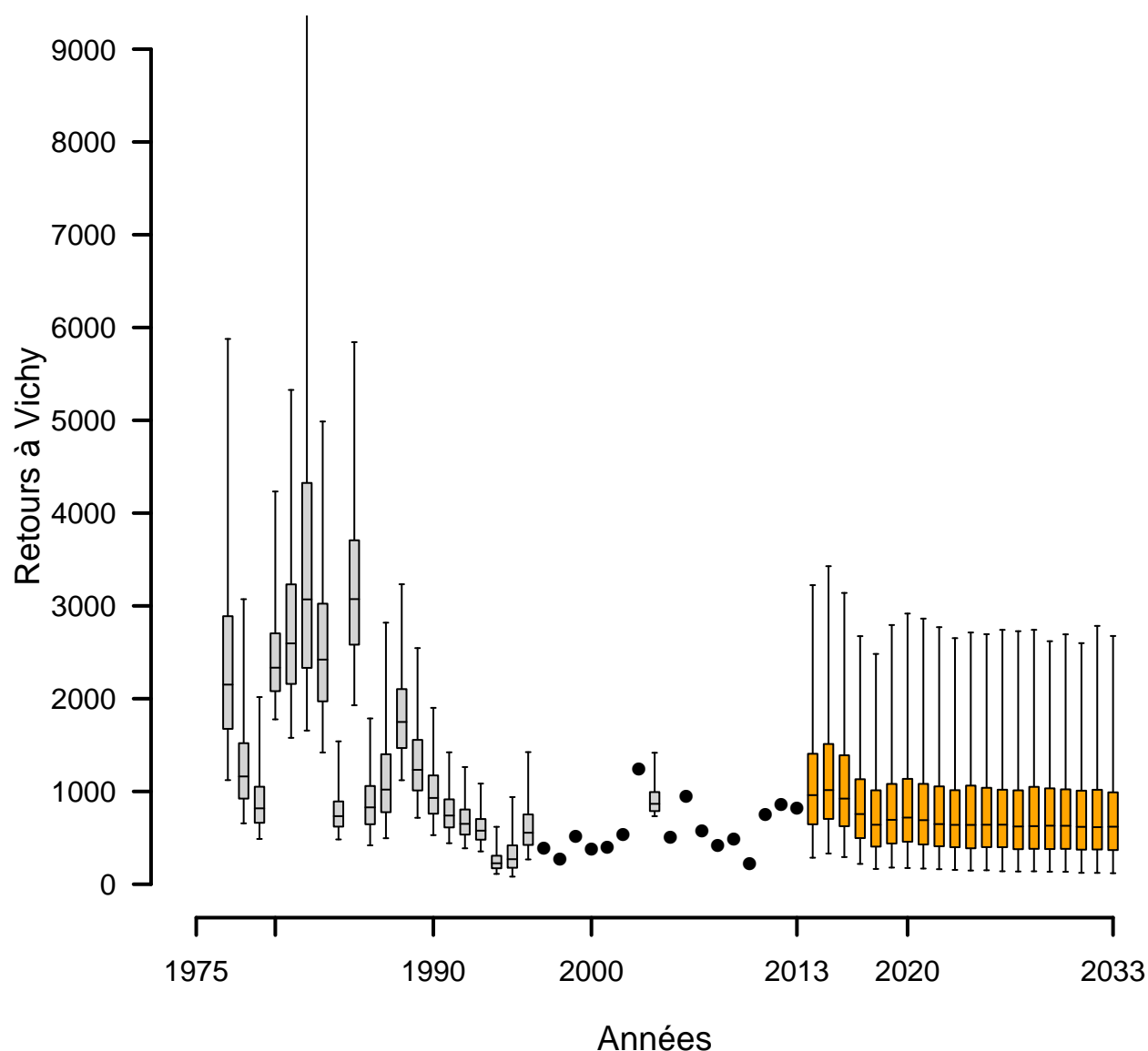


FIGURE 5.11 – Retours d'adultes à Vichy avec arrêt des repeuplements et amélioration des conditions de migration à la montaison et dévalaison à Poutès à hauteur de 100%. Une projection des retours d'adultes à 20 ans est réalisée. Les boxplots indiquent les quantiles 2.5, 25, médiane, 75 et 97.5. Les cercles pleins indiquent les années pour lesquelles la station de comptage de Vichy est opérationnelle et fournit le nombre de retours d'adultes. Les boxplots orange correspondent aux estimations des retours d'adultes à Vichy pour les 20 prochaines années.

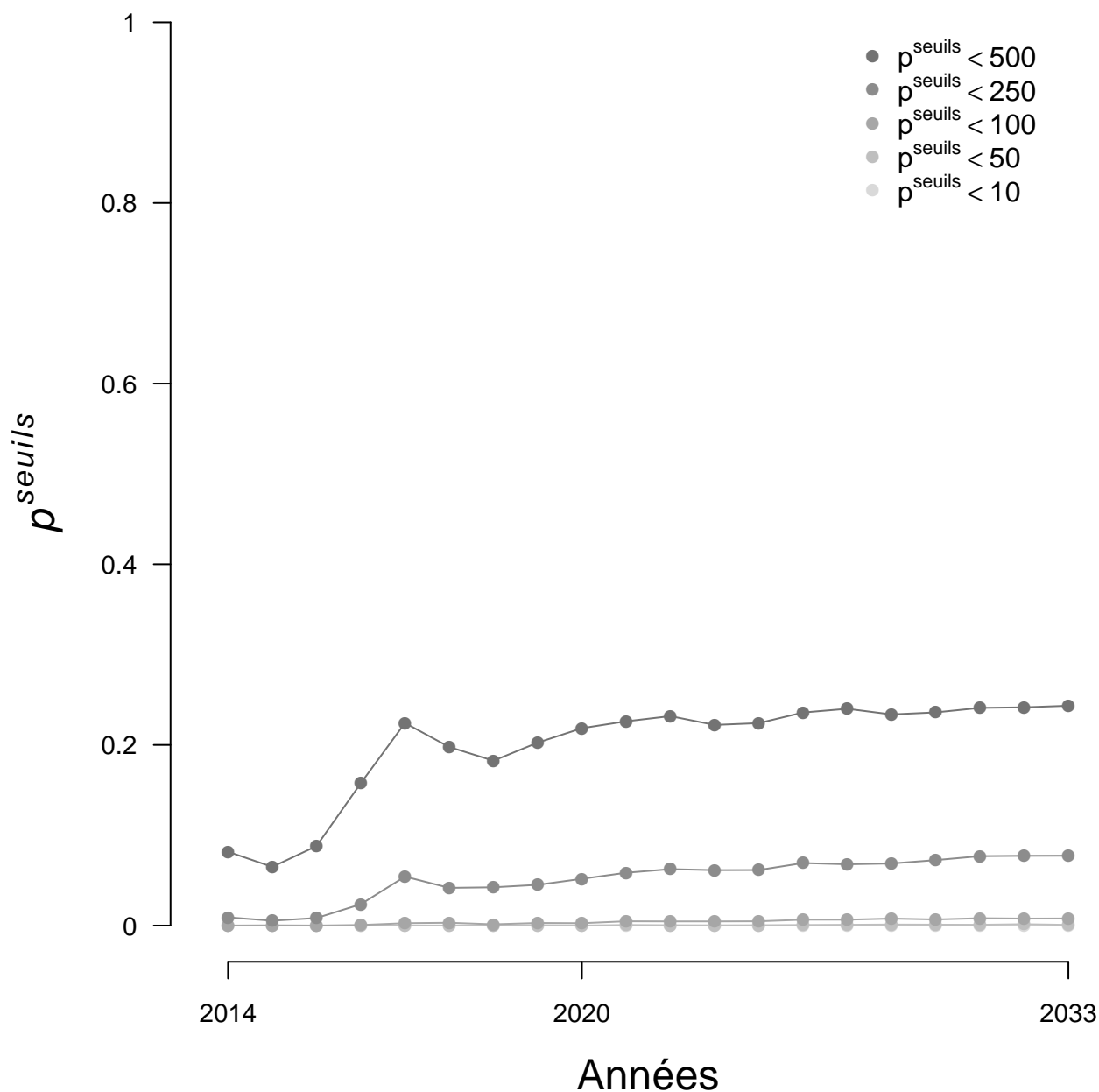


FIGURE 5.12 – Evolution de la probabilité p^{seuils} d'atteindre certains seuils arbitraires de nombre d'adultes de retours à Vichy sur la période 2014–2033, dans le scénario d'arrêt des repeuplements et d'amélioration des conditions de migration à la montaison et à la dévalaison à Poutès à hauteur de 100%.

5.2.5 Projection à 20 ans avec une augmentation progressive du taux de transition entre le tacon 0+ et l'adulte jusqu'à atteindre 50% du niveau initial

Dans ce scénario nous arrêtons les déversements et nous faisons l'hypothèse que le taux de transition entre le juvénile 0+ et l'adulte s'améliore progressivement sur les 10 premières années des projections puis se stabilise pour les dix années suivantes à la moitié du taux observé dans les années 80. Sous ces hypothèses nous obtenons une stabilité des retours à Vichy pour les 20 prochaines années (nombre médian de 1055 individus à Vichy sur la période 2020–2033) (figure 5.13), avec une probabilité relativement faible ($p^{\text{seuils}}=8\%$ en moyenne) d'observer moins de 500 adultes de retour à Vichy (figure 5.14).

Projection à 20 ans sans repeuplement – Amélioration de la survie jusqu'à 50% du taux de survie initial

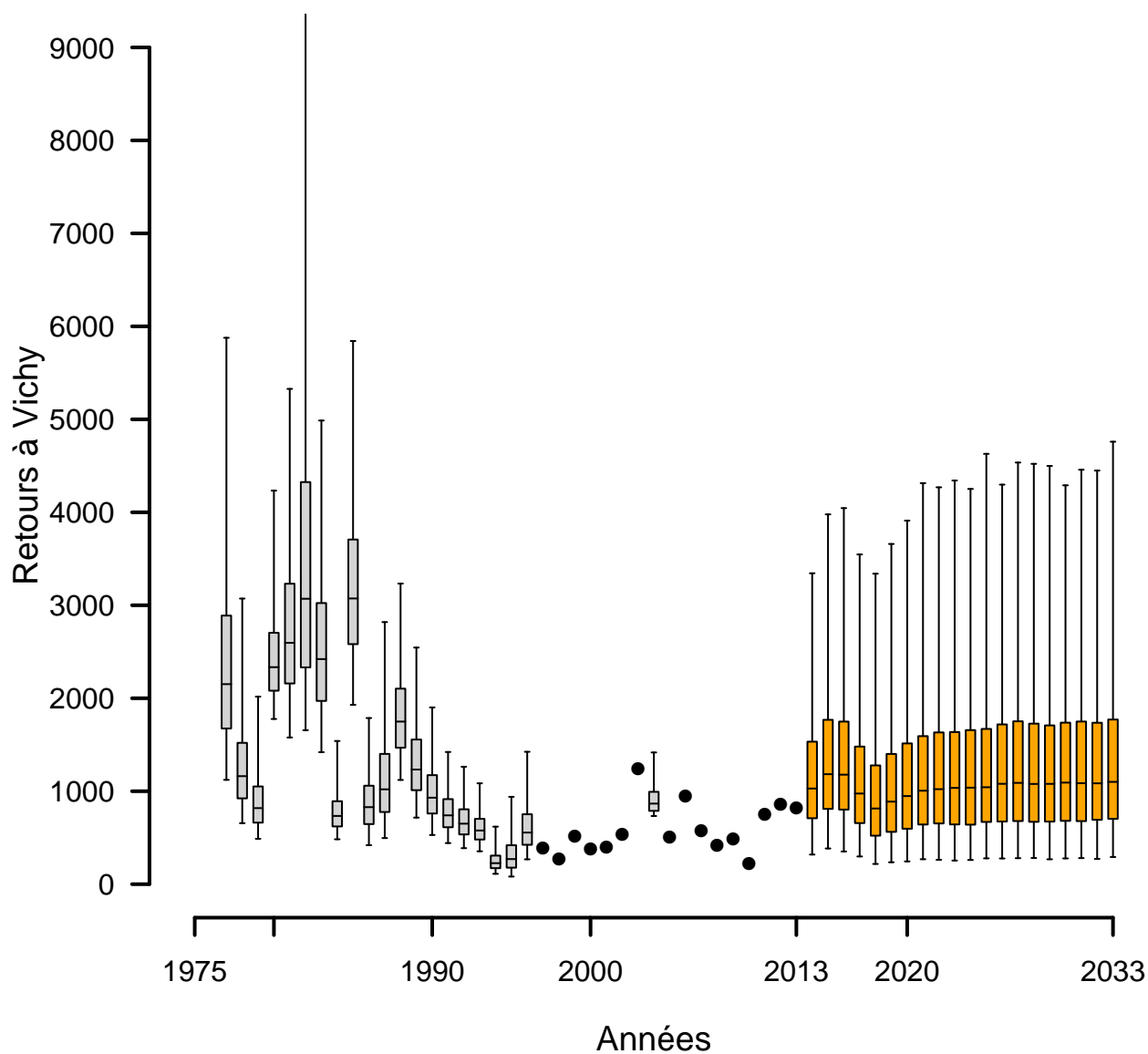


FIGURE 5.13 – Retours d'adultes à Vichy avec arrêt des repeuplements et amélioration de la survie jusqu'à 50% du niveau initial. Une projection des retours d'adultes à 20 ans est réalisée. Les boxplots indiquent les quantiles 2.5, 25, médiane, 75 et 97.5. Les cercles pleins indiquent les années pour lesquelles la station de comptage de Vichy est opérationnelle et fournit le nombre de retours d'adultes. Les boxplots orange correspondent aux estimations des retours d'adultes à Vichy pour les 20 prochaines années.

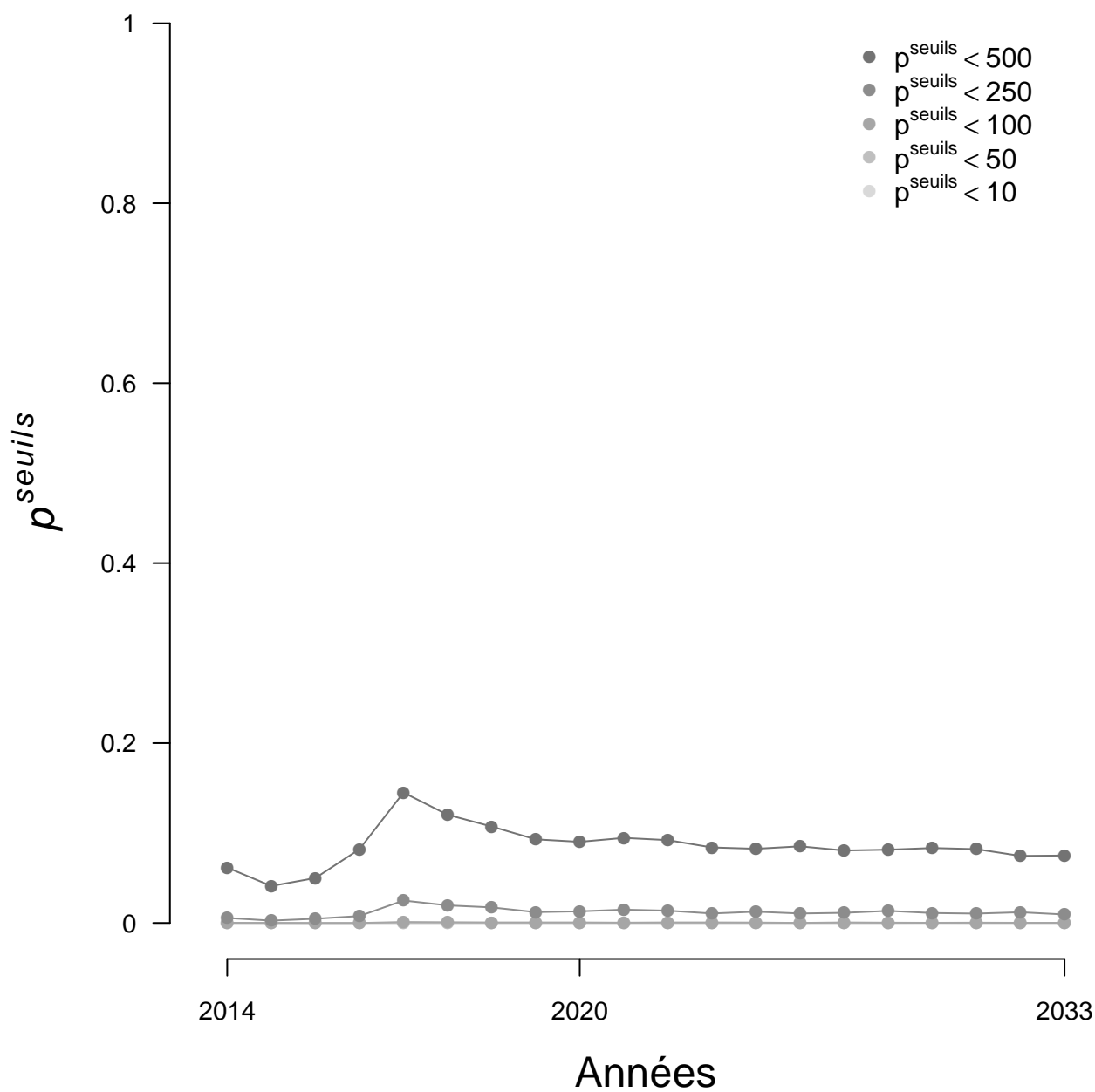


FIGURE 5.14 – Evolution de la probabilité p^{seuils} d'atteindre certains seuils arbitraires de nombre d'adultes de retours à Vichy sur la période 2014–2033, dans le scénario d'arrêt des repeuplements et d'amélioration du taux de survie du juvénile 0+ à l'adulte jusqu'à 50% de son niveau initial.

5.2.6 Projection à 20 ans avec une augmentation progressive du taux de transition entre le tacon 0+ et l'adulte jusqu'à l'atteinte de son niveau initial

Dans ce dernier scénario, nous simulons à 20 ans l'arrêt des repeuplements et l'amélioration progressive sur les 10 premières années (puis stabilisation) du taux de transition du 0+ à l'adulte jusqu'à l'atteinte du taux observé dans les années 80. Dans ces conditions, nous observons une augmentation des retours d'adultes à Vichy avec un nombre médian de 2268 individus à Vichy sur la période 2020–2033 (figure 5.15), et une probabilité quasi nulle d'observer moins de 500 individus à vichy (figure 5.16).

Projection à 20 ans sans repeuplement – Amélioration de la survie jusqu'à l'atteinte de son niveau initial

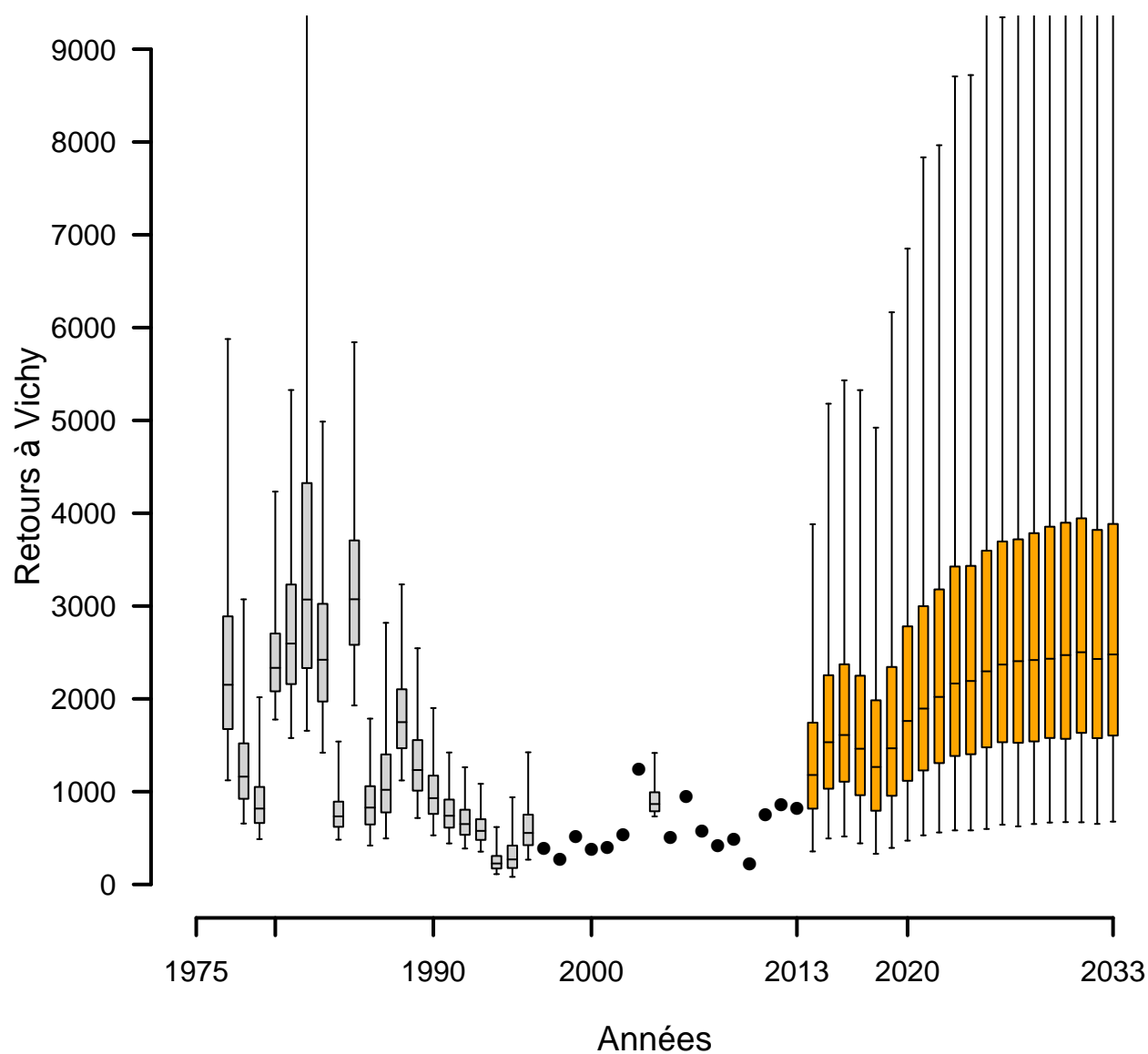


FIGURE 5.15 – Retours d'adultes à Vichy avec arrêt des repeuplements et amélioration de la survie jusqu'à l'atteinte de son niveau initial. Une projection des retours d'adultes à 20 ans est réalisée. Les boxplots indiquent les quantiles 2.5, 25, médiane, 75 et 97.5. Les cercles pleins indiquent les années pour lesquelles la station de comptage de Vichy est opérationnelle et fournit le nombre de retours d'adultes. Les boxplots orange correspondent aux estimations des retours d'adultes à Vichy pour les 20 prochaines années.

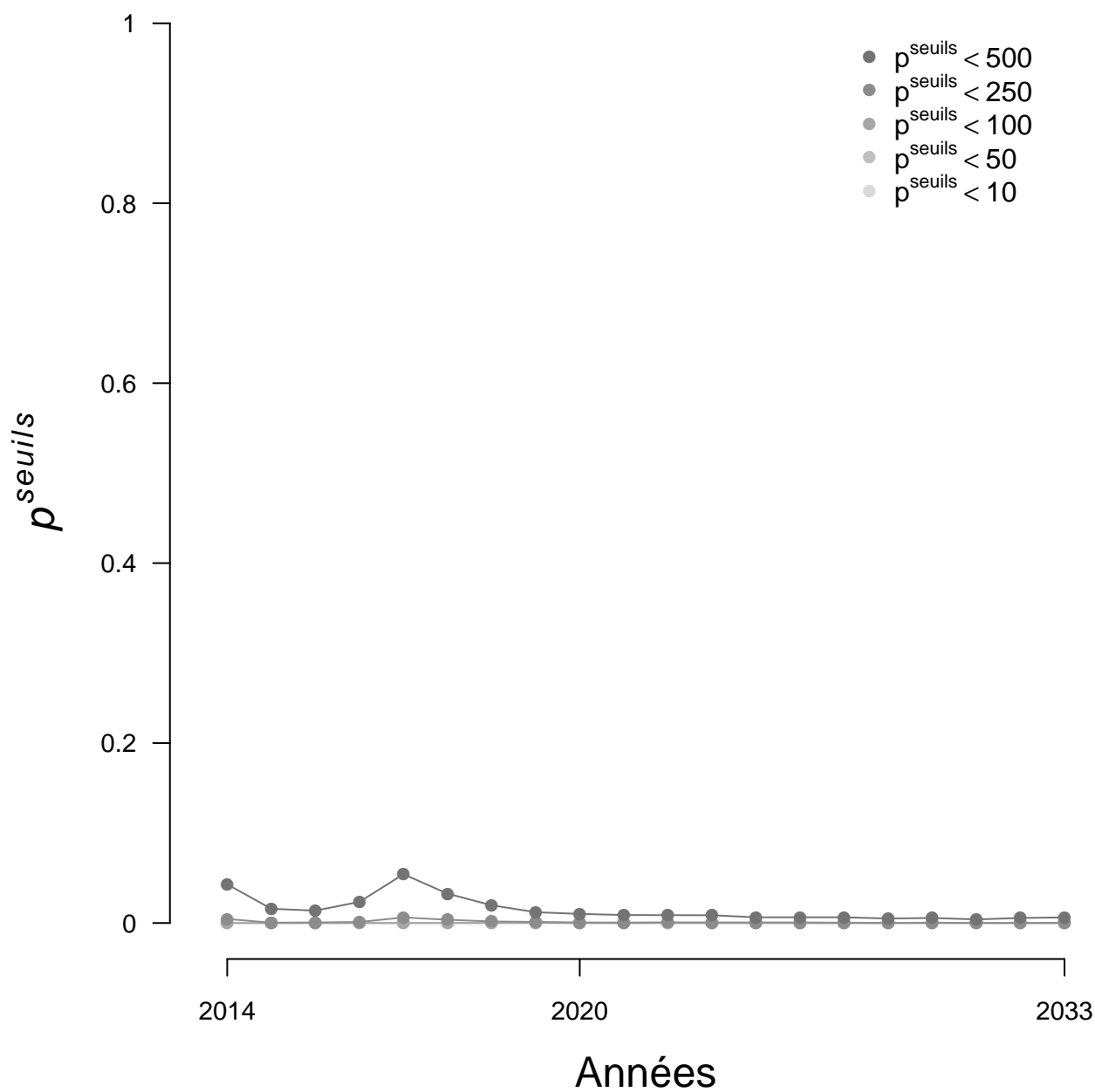


FIGURE 5.16 – Evolution de la probabilité p^{seuils} d'atteindre certains seuils arbitraires de nombre d'adultes de retours à Vichy sur la période 2014–2033, dans le scénario d'arrêt des repeuplements et d'amélioration du taux de survie du juvénile 0+ à l'adulte jusqu'à l'atteinte de son niveau initial.

6 Conclusion et perspectives du projet

6.1 La modélisation

Comme tous les modèles, l'outil développé est une simplification de la réalité, qui ne décrit pas spécifiquement tous les processus à l'œuvre. Il y a plusieurs raisons pour expliquer cela :

- nous ne disposons pas toujours des données nécessaires à modéliser un processus,
- le développement du modèle est long et parfois l'ajout d'un processus peut s'avérer compliqué et donc nécessiter beaucoup de temps.

Ainsi, certaines améliorations sont déjà envisagées et pourraient être mises en œuvre dans les années futures. Il s'agirait notamment de :

- différencier la *fitness* des juvéniles issus de reproduction naturelle de celle des individus déversés,
- tester une hypothèse alternative à notre hypothèse de priorité aux juvéniles natifs dans les relations de densité-dépendance,
- mieux quantifier les impacts à la dévalaison et estimer le gain attendu en cas d'aménagement à la dévalaison,
- introduire une corrélation spatiale dans la stochasticité environnementale (c'est-à-dire considérer à l'échelle de nos secteurs que lorsque les conditions environnementales sont propices dans un secteur, elles le sont également dans les autres), en particulier en ce qui concerne le recrutement et la survie des poissons de repeuplement.

6.2 Analyse rétrospective

L'ajout de l'hypothèse d'un différentiel de survie amont/aval Poutès (hypothèse basée sur une évaluation du barrage à la dévalaison (Baglinière et al., 2005) et d'un radiopistage de smolts (Bach et al., 2007)), a modifié de façon importante les valeurs de survie du 0+ à l'adulte, même si le patron reste identique à celui décrit dans Dauphin and Prévost (2013). Nous observons ainsi toujours une diminution forte de ce taux de transition au milieu des années 80, mais la survie moyenne en début de période (début des années 80) a été augmentée d'un facteur 3 par rapport aux premières estimations (Dauphin and Prévost, 2013).

6.3 Simulation rétrospective sans repeuplement

L'exercice de simulation nous permet d'estimer l'état de la population si aucun repeuplement n'avait eu lieu sur la période considérée par le modèle (1975–2013). Il est important de noter que malgré la contribution significative des repeuplements dans les retours d'adultes à Vichy, la population ne se serait pas éteinte sans ce soutien d'effectif, même si la taille de la population aurait été plus petite que celle actuellement observée (258 individus en moyenne sur les 10 dernières années contre 684). Notons également, que les évolutions du modèle en 2014 ont modifié l'importance de la contribution des repeuplements dans les retours à Vichy dans le sens d'une réduction de cette dernière. Ainsi, en moyenne 61% des poissons à Vichy seraient issus de poissons repeuplés contre 67% dans la version précédente. Pour rappel, la

contribution des repeuplements est à considérer à la fois en terme de poissons déversés (au stade œuf, alevin ou smolt) de retour à Vichy, mais également en terme de descendance de ces poissons issus de déversement revenant à Vichy (les générations se cumulant).

6.4 Viabilité de la population de saumon atlantique dans le bassin Allier

Les améliorations, corrections et ajouts de données, ont permis de modifier quelque peu notre vision de la dynamique de population du saumon de l'Allier, dans le sens d'une moindre inquiétude sur l'état de cette population. Néanmoins, les projections à 20 ans sans repeuplement (ni améliorations quelles qu'elles soient) indiquent toujours une diminution au cours du temps du nombre d'adultes de retour témoignant ainsi du renouvellement insuffisant de la population. A l'horizon de 20 ans la population retournerait à un niveau plus bas que celui actuellement observé, avec environ 40% de chance d'observer moins de 500 individus à Vichy à la fin de cette période de projection.

Les simulations avec arrêt des repeuplements et amélioration des conditions de migration à hauteur de 50% voire enlèvement du barrage de Poutès, montrent tout l'intérêt de ce modèle dans une optique de gestion. Les résultats indiquent qu'en améliorant les conditions de passage à un seul barrage stratégique, la situation du saumon de l'Allier peut être significativement améliorée, même si un doute persiste sur le fait que cette seule action soit suffisante pour assurer sur le long terme la persistance de la population de l'Allier. Au vu de nos résultats, le réaménagement de Poutès ne peut donc être qu'encouragé.

Le levier le plus fort pour restaurer la population de l'Allier reste l'amélioration du taux de transition entre le 0+ et l'adulte. Avec une augmentation de ce taux de transition jusqu'à atteindre 50% de son niveau initial au début des années 80, la persistance de la population avec une taille de population similaire à ce qui est observée actuellement semble assurée sur le long terme. Dans l'hypothèse de l'atteinte du taux de transition initial, la population de l'Allier augmenterait progressivement au cours des 20 ans, avec une probabilité quasi nulle d'observer moins de 500 individus à Vichy.

6.5 Projet de transfert

L'opération de transfert du modèle de dynamique de population de l'INRA vers le Tableau de bord SALT, s'est déroulée conformément à la fiche projet (Annexe A). A l'issue de l'année 2014, le modèle a été mis à jour, des améliorations et corrections ont été apportées, des nouveaux scénarios de gestion liés au réaménagement futur du barrage de Poutès ont été développés et une organisation s'est mise en place (constitution d'un comité de suivi, collaboration INRA – Tableau de bord SALT, etc.). Ce projet a donc montré tout l'intérêt de ce type de démarche permettant de continuer à faire vivre des outils mis en place par un organisme scientifique pour répondre à des questions de gestion. L'intérêt des acteurs locaux pour la poursuite du développement du modèle et les nombreuses propositions de développement (cf. Annexe B), est en ce sens un indicateur positif fort.

Références bibliographiques

- Bach, J., Lelièvre, M. and Trotet, M. 2007. Expertise du système de dévalaison de Naussac 2 et évaluation globale des conditions de dévalaison des saumons sur l'Allier. Tech. rep., LOGRAMI
- Baglinière, J., Larinier, M., Porcher, J., Prévost, E., Souchon, Y. and Vauclin, V. 2005. Le complexe hydroélectrique de Poutès-Monistrol (Haute-Loire) : Impact sur la population de saumon de l'Allier et sur les autres espèces migratrices. Tech. rep., GRISAM
- Dauphin, G., Brugel, C., Hoffmann-Legrand, M. and Prévost, E. 2013. Estimating spatial distribution of Atlantic salmon escapement using redd counts despite changes over time in counting procedure : application to the Allier River population. *Ecology of Freshwater Fish* **22**(4) : 626–636
- Dauphin, G. and Prévost, E. 2013. Viability analysis of the natural population of Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) in the Allier catchment. Tech. rep., INRA
- Minster, A. M. and Bomassi, P. 1999. Repérage et évaluation des surfaces potentielles de développement de juvéniles de saumons atlantiques : Proposition d'un modèle de gestion des stocks sur les bassins de l'Allier et de l'Arroux. Tech. rep., LOGRAMI,CSP-DR6

A Présentation de la fiche-projet du transfert du modèle de dynamique de population

Titre complet de l'action	De la recherche à la gestion : transfert d'un modèle de dynamique de population vers un opérateur de la gestion – Cas du saumon de l'Allier																			
Action n°																				
Objectifs de l'opérateur	Transfert vers un opérateur de la gestion opérationnelle (Association LOGRAMI), à des fins d'aide à la décision pour la gestion, d'un modèle de dynamique de population développé au préalable par l'INRA via un projet de recherche appliquée.																			
Programmation Onema																				
Contexte de l'action	<p>Dans le cadre du volet R&D du Plan Loire Grandeur Nature, un modèle démographique a été élaboré par l'INRA (UMR Ecobiop) avec la coopération de tous les acteurs locaux de la gestion et du suivi du saumon de l'axe Loire-Allier (http://www.plan-loire.fr/index.php?id=1646&row=33&type=112). Ce modèle permet de faire la synthèse d'un vaste ensemble de données et d'informations collecté depuis plus de 30 ans et d'évaluer la viabilité de la population de saumon de l'Allier sous différentes hypothèses de gestion combinant repeuplement, restauration de la continuité écologique, changement de qualité de l'habitat. Du fait de sa complexité, la mise à jour (en fonction des nouvelles données et information disponibles) et l'utilisation de ce modèle requiert un niveau d'expertise assez avancé en modélisation et un apprentissage pour sa prise en main. L'action proposée vise, à permettre au principal opérateur assurant le suivi et l'évaluation du statut du saumon de l'Allier (association LOGRAMI) de devenir autonome dans la mise à jour et l'utilisation du modèle à des fins de tests d'options alternatives de gestion et d'évolution de l'environnement. Cette action de transfert est menée dans le cadre du pôle INRA-Onema et est au cœur de ses missions. Première de son genre pour le pôle, elle vise à démontrer le potentiel de ce dernier dans le domaine du transfert de la recherche vers la gestion opérationnelle. La valeur patrimoniale unique du saumon de l'Allier (dernier population d'un grand fleuve ouest européen) contribuera à donner de la visibilité au pôle via cette action.</p>																			
Perspective globale de l'action	L'action se déroulera en 2014.																			
Action ciblée dans le temps	Un rapport final rédigé par la cible de l'action de transfert (LOGRAMI) sous la supervision de l'INRA validera l'action de transfert. Il présentera la mise à jour du modèle et le test de quelques options de gestion et d'évolution de l'environnement, incluant une première évaluation des effets attendus du réaménagement du complexe hydroélectrique de Poutes-Monistrol. Ce rapport aura vocation à être présenté en 2015 aux instances du COGEPOMI correspondant ainsi qu'au Conseil scientifique international du saumon de l'Allier.																			
Description de l'action au titre de la convention 2013-2015	1 - formation initiale à la modélisation Bayésienne pour une ingénieure de LOGRAMI (T1 2014) ; 2 - session de prise en main du modèle par la même ingénieure accompagnée par son concepteur initial et principal (G. Dauphin ; T2 2014) ; 3 – validation des acquis des deux premières étapes via la mise à jour du modèle à partir des données collectées en 2012 et 2013, ainsi que le test de quelques scénarios de gestion et d'évolution de l'environnement (T3 2014) ; 4 – Rédaction du rapport final (T4 -2014)																			
Spécificité de l'action	<table border="1"> <thead> <tr> <th>Action DOM</th><th>Action AQUAREF</th><th>Action SNDE</th><th>Action Ecophyto</th><th>Action Pôle</th><th>Action Plans nationaux</th><th>Pas de spécificité</th></tr> </thead> <tbody> <tr> <td></td><td></td><td></td><td></td><td align="center">X</td><td></td><td></td></tr> </tbody> </table>	Action DOM	Action AQUAREF	Action SNDE	Action Ecophyto	Action Pôle	Action Plans nationaux	Pas de spécificité					X							
Action DOM	Action AQUAREF	Action SNDE	Action Ecophyto	Action Pôle	Action Plans nationaux	Pas de spécificité														
				X																
Action DOM	N° de l'action en référence au plan d'action du SNDE DOM :																			
Responsable Opérateur	Etienne Prévost (UMR Ecobiop, Saint Pée s/ Nivelles)																			
Autres correspondants Opérateur																				

Responsable Onema Laurent Beaulaton (Directeur du Pôle Onema-Inra)

Autres correspondants Onema Vincent Vauclin, Gilles Euzenat

Autres correspondants Guillaume Dauphin (concepteur du modèle, actuellement en post-doc à Pêches et Océans Canada)

LOGRAMI : Marion Legrand (chargée de programme tableau de bord « saumon, aloses, lamproies et truite de mer »)et Aurore Blaisez (directrice)

Livrables attendus au titre de la convention 2013-2015

Livrables (Titre du livrable explicitant le type de livrable)	Utilisateur cible	Date prév. (T1/T2/T3/T4) et année
Un rapport final validant l'action de transfert : mise à jour du modèle et le test de quelques options de gestion et d'évolution de l'environnement.	COGEPOMI Conseil scientifique du saumon de Loire-Allier	T4 - 2014

Dans le cas où un rapport annuel intermédiaire n'est pas prévu, un point d'avancement annuel sera demandé, au plus tard au 28 février pour l'exercice écoulé.

Année	Personnel permanent (en jours)		Personnel non permanent (en mois)		Coût total de l'action pour l'opérateur (€)	Financement Onema (€)	Cofinancement externe à l'opérateur (montant en € et cofinanceur)
	cadre A	Technicien B	cadre A	Technicien B			
2013							
2014	18				22 466	12 507	9100 (LOGRAMI)
2015							
TOTAL							

Cofinancement de LOGRAMI acquis.

Autres apports Onema

Actions liées			
Date de rédaction de la fiche	18/07/2013	Version	2

Action n° XX - De la recherche à la gestion : transfert d'un modèle de dynamique de population vers un opérateur de la gestion – Cas du saumon de l'Allier

1. Contexte de l'action dont travaux antérieurs

Dans le cadre du volet R&D du Plan Loire Grandeur Nature, un modèle démographique a été élaboré par l'INRA (UMR Ecobiop) avec la coopération de tous les acteurs locaux de la gestion et du suivi du saumon de l'axe Loire-Allier. Ce modèle permet de faire la synthèse d'un vaste ensemble de données et d'informations collecté depuis plus de 30 ans et d'évaluer la viabilité de la population de saumon de l'Allier sous différentes hypothèses de gestion combinant repeuplement, restauration de la continuité écologique, changement de qualité de l'habitat (rapport détaillé et résumé disponibles à <http://www.plan-loire.fr/index.php?id=1646&row=33&type=112>).

Les résultats de ce travail de modélisation ont été récemment présentés au Conseil scientifique du saumon de l'axe Loire-Allier (Clermont-Ferrand, 28-29 mars 2013). Ce comité d'experts scientifiques internationaux, qui conseille le collectif d'acteurs impliqués dans la gestion du saumon à l'échelle du bassin Loire-Allier, a recommandé que l'outil que constitue le modèle puisse continuer à être utilisé à l'avenir, à la fois pour mettre à jour l'évaluation du statut du saumon de l'Allier et pour tester des scénarios de gestion et/ou d'évolution de l'environnement (amélioration de la continuité écologique, variation des schémas de repeuplement...). Cette utilisation future à des fins d'aide à la gestion nécessite un transfert de l'INRA, organisme de recherche ayant développé le modèle, vers LOGRAMI (<http://www.logrami.fr/>), le principal acteur assurant aujourd'hui le suivi et l'évaluation du saumon de l'Allier à des fins d'aide à la gestion opérationnelle. Ce transfert est en cohérence avec le projet de tableau de bord des poissons migrateurs amphihalins (<http://www.migrateurs-loire.fr/>), dont le saumon, que LOGRAMI met en œuvre. Ce projet vise à centraliser, synthétiser et communiquer vers un large public l'ensemble des informations disponibles sur les poissons migrateurs amphihalins de la Loire, des côtiers vendéens et de la Sèvre niortaise.

L'action de transfert projetée sera menée dans le cadre du pôle INRA-Onema et est au cœur de ses missions. Première de son genre pour le pôle, elle vise à démontrer le potentiel de ce dernier dans le domaine du transfert de la recherche vers la gestion opérationnelle. La valeur patrimoniale unique du saumon de l'Allier (dernière population d'un grand fleuve ouest européen) contribuera à donner de la visibilité au pôle via cette action.

2. Description de l'action : étapes et calendrier

Du fait de sa complexité, la mise à jour (en fonction des nouvelles données et informations disponibles) et l'utilisation du modèle de dynamique de population développé par l'INRA requiert un niveau d'expertise assez avancé en modélisation et un apprentissage pour sa prise en main. Le modèle de dynamique de population développé est un modèle statistique qui permet tout à la fois de faire de l'inférence (i.e. estimation) par assimilation de sources d'information multiples dans un cadre Bayésien, mais également des prévisions à moyen terme conditionnées par les informations disponibles et préalablement assimilées. L'action proposée vise, à former un ingénieur au sein de LOGRAMI, afin de lui permettre de devenir autonome dans l'utilisation du modèle à des fins de mise à jour (au fur et à mesure de l'acquisition de nouvelles données) et de test d'options alternatives de gestion et d'évolution de l'environnement. Ce personnel est d'ores et déjà identifié (Marion Legrand, responsable du tableau de bord sur les poissons migrateurs amphihalins du bassin Loire Allier).

L'action se déroulera uniquement en 2013 et sera décomposée en quatre phases :

1 - formation initiale à la modélisation Bayésienne pour l'ingénieur de LOGRAMI (T1 2014).

L'ingénieur LOGRAMI recevra cette formation au sein de l'UMR Ecobiop sur une période de deux semaines. Cette formation sera prodiguée par le responsable INRA de l'action, qui a de l'expérience dans ce type de formation (déjà dispensée pour des publics variés), et qui a par ailleurs dirigé le développement du modèle de dynamique de population de l'Allier. Cette formation sera dispensée par le biais d'étude de cas pédagogiques concrets à l'occasion desquels des méthodes génériques seront introduites. Elle sera adaptée en temps réel au niveau initial et au progrès de l'ingénieur en formation.

2 - session de prise en main du modèle de dynamique de population de saumon de l'Allier (T2 2014).

Cette session est prévue également sur deux semaines au sein de l'UMR Ecobiop. L'ingénieur LOGRAMI en formation sera accompagnée par le concepteur initial et principal du modèle, Guillaume Dauphin. Le déplacement de ce dernier, actuellement en poste à Terre-Neuve au sein de Pêches et Océans Canada, sera pris en charge dans le cadre du projet.

3 – validation des acquis des deux premières étapes via la mise à jour du modèle à partir des données collectées en 2012 et 2013, ainsi que le test de quelques scénarios de gestion et d'évolution de l'environnement (T3 2014).

Au cours de cette phase, on s'intéressera à étudier les effets attendus du réaménagement prochain du complexe hydroélectrique de Poutes-Monistrol. Ce projet d'un intérêt majeur pour l'avenir du saumon de l'Allier et aussi un enjeu fort pour l'Onema en terme d'accompagnement et de suivi de sa mise en œuvre.

4 – rédaction du rapport final (T4 -2014).

Il sera rédigé par l'ingénieur cible de l'action de transfert (LOGRAMI) sous la supervision de l'INRA. Il viendra valider l'action de transfert. Il présentera la mise à jour du modèle par les nouvelles données collectées en 2012 et 2013, ainsi que le résultat du test des options de gestion et d'évolution de l'environnement de la phase précédente. Ce rapport aura vocation à être présenté en 2015 aux instances du COGEPOMI correspondant ainsi qu'au Conseil scientifique international du saumon du bassin Loire-Allier.

3. Livrables attendus et jalons (préciser le trimestre et l'année)

Le rapport final élaboré dans la phase 4 qui vient d'être présentée sera le livrable de l'action de transfert.

4. Perspectives de l'action (le cas échéant)

Cette action a pour ambition de servir d'illustration par l'exemple de la démarche de transfert que peut mettre en œuvre le pôle INRA-Onema. Cette démonstration doit : (i) favoriser le développement futur d'actions de recherche finalisées d'aide à la gestion opérationnelle des populations de poissons migrateurs amphihalins ; (ii) promouvoir pour des cas d'études futurs la démarche de co-construction entreprise sur l'Allier avec les partenaires locaux de la gestion ; (iii) initier le développement de collaborations entre le pôle et les associations homologues de LOGRAMI (Migradour, Bretagne-Grands migrants...).

Dans le cas spécifique de LOGRAMI, l'action permettra la poursuite dans le cadre du pôle de la collaboration initiée avec l'INRA. On vise ainsi à renforcer la synergie de l'INRA et de l'Onema vis à vis de l'accompagnement de la démarche de gestion et de restauration du saumon sur le bassin Loire-Allier coordonnées par le DREAL. Ce point prend un relief particulier dans le contexte actuel de fragilité de la population de saumon de l'Allier et du réaménagement prochain du complexe hydro-électrique de Poutes-monistrol.

5. Budget de l'action

5.1. Synthèse du budget pluriannuel de l'action

Année de fin prévisionnelle de l'action : (indiquer l'année ou la mention « permanente »)

Budget pluriannuel de l'action :

	Montant en euros			
	2013	2014	2015	TOTAL
Coût total		22 466		22 466 €
Demande de financement Onema		12 507		12 507 €

NB : l'opérateur doit indiquer le coût total de l'action en tenant compte de l'assujettissement éventuel de l'action à la TVA.

5.2. Détail du budget 2014

	Catégorie de personnel	Coût total de l'action pour l'opérateur €	Dont auto-financement de l'opérateur €	Dont financement Onema €
Personnel permanent	DR INRA (en jours)	9576 (18 jours)	9576	
	Catégorie et durée (en jours)			
	Catégorie et durée (en jours)			
Personnel non permanent	Niveau et durée (en mois)			
	Niveau et durée (en mois)			
Fonctionnement				
Déplacements		12026		12026
Equipement				
Frais de gestion (4%)		864*	383	481
Total		22466	9 959	12507

Un Ingénieur LOGRAMI participe à cette action sur 3 mois (9100€)

B Relevés de décisions des réunions du groupe de suivi du projet de modélisation

Réunion sur l'opération de transfert du modèle dynamique de population - Relevé de décisions

Clermont-Ferrand
22 juillet 2014

Objet de la réunion :

Présentation de l'opération de transfert (financée via l'accord-cadre INRA ONEMA) du modèle "dynamique de population saumon" mis en place dans le bassin de l'Allier par l'INRA (dans le cadre du plan Loire grandeur nature) vers le tableau de bord SALT (LOGRAMI). Premiers résultats et organisation avec les acteurs du bassin pour la poursuite du projet.

Présents :

Bach Jean-Michel (LOGRAMI)
Baisez Aurore (LOGRAMI)
Brugel Catherine (ONEMA -Dir6)
Lagaly Aude (SAGE Haut-Allier)
Larvido Alix (DREAL Centre)
Legrand Marion (LOGRAMI)
Lemaire Agathe (EP Loire)
Malbrunot Mylène (ONEMA -Dir6)
Mazeau Lucile (SAGE Allier aval)
Ponsonnaille Guillaume (SIGAL)
Prévost Etienne (INRA, UMR Ecobiop, St-Pée)
Rouzeyre Cloé (SAGE Alagnon)
Steinbach Pierre (ONEMA -Dir4)
Tetard Stéphane (EDF -R&D)
Vauclin Vincent (ONEMA -Dir4)

Invités et excusés :

Beaulaton Laurent (ONEMA -DG)
FDAAPPMA 42
Harger Sébastien (Région Centre)
Lelievre Mickaël (FDAAPPMA 03)
Vienne Laurent (AELB)

Invité et ne souhaitant pas participer à la réunion :

Martin Patrick (CNSS)

Documents joints :

- Présentation d'introduction d'Etienne Prévost (INRA)
- Présentation du modèle et des résultats de Marion Legrand (Logrami)

La réunion a été organisée en 3 temps forts :

- 1. Rappel sur l'origine du projet de modélisation de la dynamique de population du saumon de l'Allier et du choix du partenaire pour le transfert du modèle** (par Etienne Prévost - cf. fichier pdf joint)

Suite à la présentation, questionnement sur le rôle d'accompagnement de l'INRA pour la poursuite du projet. L'INRA conserve la supervision du projet, les rapports éventuels qui sortiront seront co-signés Logrami-Inra (plus les partenaires ayant contribué à la réflexion ou ayant fourni des données).

Il est souligné que le choix du tableau de bord pour la poursuite du projet est judicieux car il centralise déjà les données nécessaires à faire tourner le modèle et n'est pas partie prenante.

2. Présentation du modèle et des résultats (par Marion Legrand - cf. fichier PPT joint)

Diverses discussions sur les données alimentant le modèle :

- la façon de prendre en compte les surfaces productives : consensus du groupe pour adopter la formule¹ d'équivalent radier rapide telles que décrite dans Bomassi et Minster (1999).
- la relation de calibration pour les pêches IA 5 min et De Lury (passage d'un nombre de poissons capturés en densité) : il est rappelé que cette relation de calibration ne tient que sur 9 stations toutes réalisées dans l'Allier. Si un effet rivière existe, il est assez déroutant d'utiliser cette relation de calibration sur la Dore et l'Alagnon. Le groupe s'accorde pour dire qu'il serait important d'envisager un complément de points à la fois sur l'Allier lui-même et sur les affluents considérés dans le modèle. La question de l'influence des débits lors des pêches de calibration a également été posée. Des modèles développés par ailleurs par l'INRA sont déjà disponibles pour intégrer ce facteur débit.
- les données de pêche IA 5 min alimentant le modèle de production de juvéniles : le groupe s'accorde sur la nécessité de ré-examiner les stations de pêche prises en compte dans le modèle (notamment en terme de représentativité de ces stations). La question des changements de faciès au cours du temps (notamment après les grosses crues type 2003, 2008) est également posée. Sur cette question, le groupe est partagé : certains pensent qu'il vaut mieux enlever ces surfaces des surfaces productives (radiers décrits par Malavoi et ayant subi des modifications suite à des crues), d'autres pensent qu'il vaut mieux s'assurer que ces faciès ne sont plus productifs avant de les retirer des surfaces productives. Dans le deuxième cas, la question de l'accessibilité de ces sites a été soulevée.
- la distinction des juvéniles issus de reproduction et des juvéniles issus de déversements : la question de la mobilisation des données du programme génétique pour le modèle est posée. Les données disponibles pourront être intégrées mais il ne s'agira très probablement que de données sur une seule cohorte (retour 2012 à 2014 pour la reproduction 2008).

Discussion sur les processus :

- l'effet zone présent dans le modèle frayère : des données supplémentaires existent qui ne sont pas à ce jour incluses dans le modèle (dates d'arrivée des poissons aux stations de comptage, etc.). Il serait envisageable d'intégrer ces données pour voir si elles permettent d'affiner l'effet zone.
- l'effet méthode (comptage hélico/à pied) du modèle frayère : en 2013 un double comptage (à pied et en hélico) a été réalisé sur une partie de la zone d'étude

(amont/aval Poutès), il pourrait être intéressant de rentrer ce double comptage pour mieux cerner cet effet méthode.

- la distribution spatiale des géniteurs dans les différents secteurs : elle dépend aussi des débits et de la température (en plus des processus déjà décrits par le modèle). Pour l'instant aucune covariable environnementale n'est incluse dans le modèle. Ces données étant disponibles (surtout pour les débits via la banque hydro), une réflexion pourrait être menée pour s'accorder sur la façon de rentrer ces données dans le modèle
- la survie des juvéniles : il serait intéressant de tester comment l'hypothèse de priorité de résidence des sauvages sur les poissons déversés agit sur le modèle. Pour cela, un test avec l'hypothèse inverse (priorité aux juvéniles déversés) pourrait être envisagé.
- l'hypothèse de fitness équivalente entre les juvéniles issus de reproduction naturelle et ceux issus de pisciculture : il est rappelé qu'il n'existe pas de données dans le bassin Loire pour mesurer les écarts de fitness éventuels entre sauvages/élevages. Néanmoins, la possibilité de recourir à la littérature scientifique est évoquée. Il serait alors nécessaire de réaliser plusieurs scénarii. L'utilisation des équivalents saumoneaux sauvages dévalants (ESSD) est également envisagée.

3. Eléments d'organisation pour la poursuite du projet (par Marion Legrand - cf. PTT)

L'organisation telle que proposée pour la poursuite du projet est approuvée par le groupe.

De façon à organiser au mieux le travail, il est décidé de dresser la liste (i) des améliorations à prévoir pour le modèle, (ii) des développements nouveaux qui permettraient de répondre à des questions de gestion et enfin (iii) des données à collecter pour consolider voire permettre les évolutions du modèle. Lors de la réunion des items ont déjà été proposés (Tableau 1). La liste sera à compléter pour la prochaine réunion (courant novembre 2014) de façon à prioriser les travaux à mener pour la suite.

Tableau 1 : Améliorations, collectes d'informations et développements souhaités pour le modèle dynamique de pop saumon de l'allier

Amélioration du modèle dans sa version actuelle	Collectes de données	Développements
Prise en compte de l'ouverture des cours d'eau lors d'arasement ou d'équipement d'ouvrage infranchissable	Pêches de calibration	Mieux quantifier les impacts à la dévalaison (notamment mortalité) et estimer le gain attendu si aménagement à la dévalaison
Utilisation du double comptage frayère 2013 pour essayer de mieux cerner l'effet méthode	Données pouvant discriminer l'origine des juvéniles (programme génétique, marquage de lot, etc.)	Extension géographique du modèle à la Sioule
	Données environnementales (débit, température)	Ajout de covariables environnementales dans le modèle

		Différence de fitness entre les juvéniles issus de reproduction naturelle et les juvéniles déversés
		Survie des juvéniles : test d'une hypothèse de priorité aux juvéniles déversés
		Prise en compte des dates d'arrivée aux stations dans la modélisation du processus de distribution des adultes dans les différents secteurs

Réunion sur l'opération de transfert du modèle dynamique de population - Relevé de décisions n°2

Clermont-Ferrand
19 novembre 2014

Relevé de décision non validé à ce jour par le groupe

Objet de la réunion :

Point sur l'avancement du projet depuis le mois de juillet et priorisation des actions à mener en 2015.

Présents :

Bach Jean-Michel (LOGRAMI)
Baisez Aurore (LOGRAMI)
Brugel Catherine (ONEMA -Dir6)
Ditch Jean-Maxence (ONEMA-Dir6)
Legrand Marion (LOGRAMI)
Nicolas Stéphane (FDAAPPMA 43)
Prévost Etienne (INRA, UMR Ecobiop, St-Pée)
Rouzeyre Cloé (SAGE Alagnon)
Steinbach Pierre (ONEMA -Dir4)

Invités et excusés :

DREAL - Auvergne
FDAAPPMA 48
FDAAPPMA 63
Harger Sébastien (Région Centre)
Joly Véronique (DREAL de Bassin Loire-Bretagne)
Lagaly Aude (Sage Haut-Allier)
Lelievre Mickaël (FDAAPPMA 03)
Lemaire Agathe (EP Loire)
Ponsonnaille Guillaume (SIGAL)
Tétard Stéphane (EDF)
Vienne Laurent (AELB)

Invité n'ayant pas répondu à l'invitation :

Martin Patrick (CNSS)

La réunion a été organisée en 3 temps :

1. Présentation des avancées du projet (par Marion Legrand)

De nombreuses discussions ont porté sur les surfaces d'habitats prises en compte dans le modèle. Quels cours d'eau faut-il prendre en compte dans le modèle ? Et jusqu'à quelle limite ? La question du Chapeauroux est longuement discutée. Aujourd'hui cet affluent de taille importante n'est pas pris en compte dans le modèle. Il est décidé de tester l'ajout du Chapeauroux dans le modèle jusqu'à la limite du barrage d'Aurroux.

La méthode proposée pour distinguer les sites de pêches électriques sous influence des déversements est retenue. Il faut chercher des données complémentaires pour étendre la démarche à l'historique de la série de données (avant 2005). Lucien Jonard à l'ONEMA Dir6

pourrait être un bon contact pour aider à retrouver la localisation précise des points de déversement réalisés historiquement à minima sur les cours d'eau Dore, Chapeauroux et Allier en amont de Langeac.

Suite à la présentation du principe de modélisation des scénarios liés au réaménagement de Poutès des discussions ont lieu, notamment concernant le paramètre caractérisant la variabilité de franchissement de l'ouvrage. Il est décidé de ne pas faire intervenir ce paramètre dans les modélisations liées à Poutès car un doute est émis sur une quelconque modification de ce paramètre suite au réaménagement. En effet, l'hypothèse d'une modification de la variabilité de franchissement en fonction de la gestion des débits réservés à Poutès au fil des ans est avancée. Or le projet de réaménagement prévoit des débits réservés similaires à ceux observés actuellement. Il est ainsi décidé de ne conserver dans les simulations liées à Poutès que

- le paramètre de différentiel de survie caractérisant les problèmes de dévalaison à Poutès
- la probabilité de franchir l'ouvrage caractérisant les problèmes liés à la montaison.

Concernant les scénarios Poutès il est décidé de tester l'arasement total de l'ouvrage (100% d'amélioration) de façon à mesurer le gain maximum pouvant être atteint sur cet ouvrage. Pour le deuxième scénario, de nombreux échanges ont lieu. En l'absence d'objectifs clairement exposés sur ce qu'on est en droit d'attendre du réaménagement de Poutès en termes d'amélioration à la montaison et à la dévalaison, nous décidons de conserver la proposition d'une amélioration de 50% par rapport à l'existant.

Une mise en garde est donnée sur le fait que sans covariable débit permettant de caractériser l'année hydrologique dans laquelle on se trouve, on risque d'avoir du mal à modéliser réellement l'amélioration attendue du barrage de Poutès. Cependant, l'ajout d'une covariable débit nécessite un travail de développement très important du modèle incompatible avec les délais de réalisation du scénario en 2014. D'autre part, le débit est déjà introduit dans le modèle via le paramètre de variabilité de la probabilité de franchir l'ouvrage de Poutès. Enfin, l'ajout de ce type de variable dans le modèle pose problème lorsque l'on réalise des projections (comme c'est le cas avec les scénarios Poutès), car il faut être alors capable de projeter également les débits. Or il est très difficile de savoir comment ces derniers vont être modifiés dans les 20 prochaines années.

2. Programme de travail 2015 et priorisation des actions (par Marion Legrand)

Les propositions faites lors de la dernière réunion (+ ajouts de quelques items) sont repris (voir tableau) de façon à rediscuter chaque point et à dégager 2 priorités pour 2015. Au sujet de la présentation du tableau, les rubriques sont jugées peu explicites, la répartition dans chacune d'entre elles n'étant pas toujours facile à comprendre. Ce tableau sera revu et des termes plus explicites devront être proposés.

Concernant les items proposés il est rappelé que bien que les nouveaux développements et la réponse à des nouvelles questions est toujours plus attractives, il est très important de renforcer la robustesse du modèle (consolidation de l'existant), ainsi il est souligné que le travail sur l'auto-corrélation spatiale est important car cela permettrait sans doute de réduire les incertitudes du modèle.

Après discussion, il est décidé que le travail proposé sur les méthodologies de comptages des frayères n'est plus pertinent (notamment au regard des résultats du modèle – paramètre de méthodologie de comptage n'est plus significatif suite aux

changements/corrections réalisés en 2014 -, mais aussi suite à la comparaison en 2013 des deux méthodes de comptage sur le terrain –pas de différence à l'échelle macroscopique).

Pour 2015, il est finalement décidé de conserver les deux items suivants :

- **Différence de fitness entre les juvéniles issus de reproduction naturelle et les juvéniles déversés**
- **Mieux quantifier les impacts à la dévalaison (notamment mortalité) et estimer le gain attendu si aménagement à la dévalaison**

Pour l'aspect quantification des impacts à la dévalaison, le lien avec le modèle DEVALPOMI (modèle de mortalité des smolts dans les turbines lors de la dévalaison) est évoqué.

Enfin, la mise en place de pêches de calibration dans le but de renforcer la robustesse de la relation indice d'abondance en 5 minutes / densité est abordée. Il serait intéressant dans ce cadre de planifier 3 ou 4 points annuels sur 3 ans avec chaque année, un bon site, un moyen et un mauvais (en terme de nombre de 0+ capturés en 5 minutes).

Amélioration du modèle dans sa version actuelle	Collectes de données	Développements
Prise en compte de l'ouverture des cours d'eau dans les surfaces productives	Pêches de calibration	Mieux quantifier les impacts à la dévalaison (notamment mortalité) et estimer le gain attendu si aménagement à la dévalaison
Utilisation du double comptage frayère 2013 pour essayer de mieux cerner l'effet méthode	Données pouvant discriminer l'origine des juvéniles (programme génétique, marquage de lot, etc.)	Extension géographique du modèle à la Sioule
	Données environnementales (débit, température)	Ajout de covariables environnementales dans le modèle
		Différence de fitness entre les juvéniles issus de reproduction naturelle et les juvéniles déversés
		Survie des juvéniles : test d'une hypothèse de priorité aux juvéniles déversés

		Prise en compte des dates d'arrivée aux stations dans la modélisation du processus de distribution des adultes dans les différents secteurs
		Autocorrélation spatiale des résidus (si on a une bonne année sur une zone, les autres zones devraient le prendre en compte → non indépendant)

3. Eléments d'organisation pour la poursuite du projet en 2015 (par Marion Legrand)

Il est décidé de réunir le groupe élargit (le même que celui réunit pour cette réunion) fin 2015 pour présenter les résultats des travaux qui seront menés l'an prochain.

Parallèlement, avec les gens du groupe élargit qui le souhaitent, un groupe de travail sur le modèle sera constitué et réunit à la fin du premier trimestre 2015. Ce groupe permettra de discuter et valider la façon de procéder pour traiter les 2 sujets 2015 choisis.

C Densités prédites pour un nombre de tacons 0+ capturé en 5 minutes

IA 5 min	densité prédite 0+/m2 (quantiles)				
	2,5%	25%	50%	75%	97,5%
1	0,000	0,010	0,010	0,020	0,030
2	0,000	0,010	0,020	0,020	0,040
3	0,010	0,010	0,020	0,030	0,050
4	0,010	0,020	0,030	0,030	0,060
5	0,010	0,020	0,030	0,040	0,060
6	0,010	0,030	0,030	0,050	0,070
7	0,020	0,030	0,040	0,050	0,080
8	0,020	0,040	0,040	0,060	0,080
9	0,020	0,040	0,050	0,060	0,090
10	0,030	0,040	0,050	0,070	0,090
11	0,030	0,050	0,060	0,070	0,100
12	0,040	0,050	0,060	0,080	0,100
13	0,040	0,060	0,070	0,080	0,110
14	0,040	0,060	0,070	0,090	0,120
15	0,050	0,070	0,080	0,090	0,120
16	0,050	0,070	0,080	0,100	0,130
17	0,050	0,070	0,090	0,100	0,130
18	0,060	0,080	0,090	0,110	0,140
19	0,060	0,080	0,100	0,110	0,150
20	0,060	0,090	0,100	0,120	0,150
21	0,070	0,090	0,110	0,120	0,160
22	0,070	0,100	0,110	0,130	0,160
23	0,070	0,100	0,120	0,130	0,170
24	0,080	0,100	0,120	0,140	0,180
25	0,080	0,110	0,130	0,140	0,180
26	0,090	0,110	0,130	0,150	0,190
27	0,090	0,120	0,130	0,150	0,200
28	0,090	0,120	0,140	0,160	0,200
29	0,100	0,130	0,140	0,160	0,200
30	0,100	0,130	0,150	0,170	0,210
31	0,110	0,140	0,150	0,170	0,220
32	0,110	0,140	0,160	0,180	0,220
33	0,110	0,140	0,160	0,180	0,230
34	0,120	0,150	0,170	0,190	0,230
35	0,120	0,150	0,170	0,190	0,240
36	0,120	0,160	0,180	0,200	0,250
37	0,130	0,160	0,180	0,200	0,250
38	0,130	0,170	0,190	0,210	0,260
39	0,140	0,170	0,190	0,210	0,260
40	0,140	0,180	0,200	0,220	0,270
41	0,140	0,180	0,200	0,220	0,270
42	0,150	0,180	0,210	0,230	0,280
43	0,150	0,190	0,210	0,230	0,280
44	0,160	0,190	0,220	0,240	0,290
45	0,160	0,200	0,220	0,250	0,300
46	0,160	0,200	0,220	0,250	0,300
47	0,170	0,210	0,230	0,250	0,300
48	0,170	0,210	0,230	0,260	0,310

IA 5 min	densité prédite 0+/m2 (quantiles)				
	2,5%	25%	50%	75%	97,5%
49	0,180	0,220	0,240	0,270	0,320
50	0,180	0,220	0,250	0,270	0,320
51	0,190	0,220	0,250	0,270	0,330
52	0,190	0,230	0,250	0,280	0,340
53	0,190	0,230	0,260	0,280	0,340
54	0,200	0,240	0,260	0,290	0,350
55	0,200	0,240	0,270	0,300	0,350
56	0,200	0,250	0,270	0,300	0,360
57	0,210	0,250	0,280	0,300	0,360
58	0,210	0,260	0,280	0,310	0,370
59	0,220	0,260	0,290	0,320	0,370
60	0,220	0,270	0,290	0,320	0,380
61	0,220	0,270	0,300	0,320	0,380
62	0,230	0,280	0,300	0,330	0,390
63	0,230	0,280	0,310	0,340	0,390
64	0,240	0,280	0,310	0,340	0,400
65	0,240	0,290	0,320	0,350	0,410
66	0,250	0,290	0,320	0,350	0,410
67	0,250	0,300	0,320	0,360	0,420
68	0,250	0,300	0,330	0,360	0,420
69	0,260	0,310	0,340	0,370	0,430
70	0,260	0,310	0,340	0,370	0,430
71	0,260	0,320	0,340	0,370	0,440
72	0,270	0,320	0,350	0,380	0,450
73	0,270	0,320	0,350	0,380	0,450
74	0,280	0,330	0,360	0,390	0,450
75	0,280	0,330	0,360	0,390	0,460
76	0,290	0,340	0,370	0,400	0,460
77	0,290	0,340	0,370	0,410	0,470
78	0,300	0,350	0,380	0,410	0,480
79	0,300	0,350	0,380	0,410	0,480
80	0,300	0,360	0,390	0,420	0,490
81	0,310	0,360	0,390	0,430	0,500
82	0,310	0,370	0,400	0,430	0,500
83	0,310	0,370	0,400	0,430	0,510
84	0,320	0,370	0,410	0,440	0,510
85	0,320	0,380	0,410	0,440	0,520
86	0,330	0,380	0,420	0,450	0,520
87	0,330	0,390	0,420	0,460	0,530
88	0,340	0,390	0,430	0,460	0,530
89	0,340	0,400	0,430	0,470	0,540
90	0,340	0,400	0,440	0,470	0,540
91	0,350	0,410	0,440	0,470	0,540
92	0,350	0,410	0,440	0,480	0,550
93	0,360	0,410	0,450	0,480	0,560
94	0,360	0,420	0,450	0,490	0,560
95	0,360	0,420	0,460	0,490	0,570
96	0,370	0,430	0,460	0,500	0,580

IA 5 min	densité prédite 0+/m2 (quantiles)				
	2,5%	25%	50%	75%	97,5%
97	0,370	0,430	0,470	0,500	0,580
98	0,380	0,440	0,470	0,510	0,580
99	0,380	0,440	0,480	0,510	0,590
100	0,390	0,450	0,480	0,520	0,590
101	0,390	0,450	0,490	0,520	0,600
102	0,390	0,460	0,490	0,530	0,610
103	0,400	0,460	0,500	0,530	0,610
104	0,400	0,470	0,500	0,540	0,620
105	0,410	0,470	0,500	0,540	0,620
106	0,410	0,470	0,510	0,550	0,630
107	0,410	0,480	0,520	0,550	0,640
108	0,420	0,480	0,520	0,560	0,640
109	0,420	0,490	0,520	0,560	0,640
110	0,430	0,490	0,530	0,570	0,650
111	0,430	0,500	0,540	0,570	0,660
112	0,440	0,500	0,540	0,580	0,660
113	0,440	0,510	0,540	0,580	0,670
114	0,440	0,510	0,550	0,590	0,670
115	0,450	0,510	0,550	0,590	0,680
116	0,450	0,520	0,560	0,600	0,680
117	0,450	0,520	0,560	0,600	0,690
118	0,460	0,530	0,570	0,610	0,690
119	0,460	0,530	0,570	0,610	0,700
120	0,470	0,540	0,570	0,620	0,700
121	0,470	0,540	0,580	0,620	0,710
122	0,480	0,550	0,590	0,630	0,720
123	0,480	0,550	0,590	0,630	0,720
124	0,480	0,560	0,600	0,640	0,730
125	0,490	0,560	0,600	0,640	0,730
126	0,490	0,570	0,600	0,650	0,730
127	0,490	0,570	0,610	0,650	0,740
128	0,500	0,570	0,620	0,660	0,750
129	0,510	0,580	0,620	0,660	0,750
130	0,510	0,580	0,620	0,670	0,760
131	0,510	0,590	0,630	0,670	0,770
132	0,520	0,590	0,630	0,680	0,770
133	0,520	0,600	0,640	0,680	0,780
134	0,530	0,600	0,640	0,690	0,780
135	0,530	0,610	0,650	0,690	0,790
136	0,540	0,610	0,650	0,700	0,790
137	0,540	0,610	0,660	0,700	0,800
138	0,540	0,620	0,660	0,710	0,790
139	0,550	0,620	0,670	0,710	0,810
140	0,550	0,630	0,670	0,720	0,820
141	0,550	0,640	0,680	0,720	0,810
142	0,560	0,640	0,680	0,730	0,820
143	0,570	0,640	0,690	0,730	0,830
144	0,570	0,650	0,690	0,740	0,830

IA 5 min	densité prédite 0+/m2 (quantiles)				
	2,5%	25%	50%	75%	97,5%
145	0,570	0,650	0,700	0,740	0,840
146	0,580	0,660	0,700	0,750	0,840
147	0,580	0,660	0,700	0,750	0,850
148	0,580	0,660	0,710	0,760	0,860
149	0,590	0,670	0,720	0,760	0,860
150	0,590	0,670	0,720	0,770	0,870
151	0,600	0,680	0,720	0,770	0,880
152	0,600	0,680	0,730	0,780	0,880
153	0,610	0,690	0,740	0,780	0,880
154	0,610	0,690	0,740	0,790	0,880
155	0,620	0,700	0,750	0,790	0,890
156	0,620	0,700	0,750	0,800	0,890
157	0,620	0,710	0,750	0,800	0,900
158	0,630	0,710	0,760	0,810	0,910
159	0,630	0,710	0,760	0,810	0,920
160	0,640	0,720	0,770	0,820	0,920
161	0,640	0,720	0,770	0,820	0,920
162	0,640	0,730	0,780	0,830	0,930
163	0,650	0,730	0,780	0,830	0,940
164	0,660	0,740	0,790	0,830	0,940
165	0,660	0,740	0,790	0,840	0,950
166	0,660	0,750	0,790	0,850	0,950
167	0,670	0,750	0,800	0,850	0,960
168	0,670	0,760	0,810	0,860	0,960
169	0,670	0,760	0,810	0,860	0,970
170	0,680	0,770	0,820	0,870	0,970
171	0,680	0,770	0,820	0,870	0,980
172	0,690	0,770	0,820	0,880	0,980
173	0,690	0,780	0,830	0,880	0,990
174	0,700	0,780	0,830	0,890	1,000
175	0,700	0,790	0,840	0,890	0,990
176	0,710	0,790	0,840	0,900	1,000
177	0,710	0,800	0,850	0,900	1,010
178	0,710	0,800	0,850	0,910	1,020
179	0,720	0,810	0,860	0,910	1,020
180	0,720	0,810	0,860	0,920	1,020
181	0,720	0,810	0,870	0,920	1,030
182	0,730	0,820	0,870	0,930	1,040
183	0,730	0,820	0,870	0,930	1,040
184	0,740	0,830	0,880	0,930	1,040
185	0,740	0,830	0,890	0,940	1,050
186	0,750	0,840	0,890	0,950	1,060
187	0,750	0,850	0,900	0,950	1,060
188	0,750	0,850	0,900	0,960	1,060
189	0,750	0,850	0,900	0,960	1,070
190	0,760	0,860	0,910	0,970	1,080
191	0,770	0,860	0,920	0,970	1,080
192	0,770	0,860	0,920	0,970	1,090

IA 5 min	densité prédite 0+/m2 (quantiles)				
	2,5%	25%	50%	75%	97,5%
193	0,770	0,870	0,920	0,980	1,090
194	0,780	0,880	0,930	0,990	1,100
195	0,780	0,880	0,930	0,990	1,100
196	0,790	0,880	0,940	1,000	1,110
197	0,790	0,890	0,940	1,000	1,120
198	0,800	0,890	0,950	1,010	1,120
199	0,800	0,900	0,950	1,010	1,120
200	0,810	0,900	0,960	1,020	1,130
201	0,810	0,910	0,960	1,020	1,130
202	0,820	0,910	0,970	1,020	1,140
203	0,810	0,920	0,970	1,030	1,150
204	0,820	0,920	0,970	1,030	1,150
205	0,830	0,930	0,980	1,040	1,160
206	0,830	0,930	0,990	1,040	1,160
207	0,840	0,940	0,990	1,050	1,170
208	0,840	0,940	1,000	1,060	1,170
209	0,850	0,940	1,000	1,060	1,180
210	0,840	0,950	1,000	1,060	1,180
211	0,850	0,950	1,010	1,070	1,190
212	0,860	0,950	1,010	1,070	1,190
213	0,860	0,960	1,020	1,080	1,200
214	0,860	0,970	1,030	1,080	1,210
215	0,870	0,970	1,030	1,090	1,210
216	0,870	0,970	1,030	1,090	1,230
217	0,870	0,980	1,040	1,100	1,220
218	0,880	0,980	1,040	1,100	1,230
219	0,880	0,990	1,050	1,110	1,230
220	0,890	0,990	1,050	1,120	1,240
221	0,900	1,000	1,060	1,120	1,250
222	0,900	1,000	1,060	1,120	1,250
223	0,900	1,000	1,060	1,130	1,250
224	0,910	1,010	1,070	1,140	1,260
225	0,910	1,020	1,080	1,140	1,260
226	0,920	1,020	1,080	1,150	1,270
227	0,920	1,020	1,090	1,150	1,280
228	0,920	1,030	1,090	1,160	1,280
229	0,930	1,030	1,090	1,160	1,290
230	0,930	1,040	1,100	1,160	1,290
231	0,930	1,040	1,100	1,170	1,300
232	0,940	1,050	1,110	1,170	1,300
233	0,950	1,050	1,120	1,180	1,310
234	0,950	1,060	1,120	1,190	1,320
235	0,960	1,060	1,120	1,190	1,320
236	0,950	1,070	1,130	1,190	1,320
237	0,960	1,070	1,130	1,200	1,340
238	0,970	1,070	1,140	1,200	1,340
239	0,970	1,080	1,140	1,210	1,350
240	0,970	1,080	1,150	1,220	1,340

IA 5 min	densité prédite 0+/m2 (quantiles)				
	2,5%	25%	50%	75%	97,5%
241	0,980	1,090	1,150	1,220	1,340
242	0,980	1,090	1,160	1,230	1,360
243	0,980	1,100	1,160	1,230	1,360
244	0,990	1,100	1,160	1,230	1,360
245	0,990	1,110	1,170	1,240	1,360
246	1,000	1,110	1,180	1,240	1,370
247	1,010	1,120	1,180	1,250	1,390
248	1,010	1,120	1,190	1,250	1,390
249	1,010	1,130	1,190	1,260	1,390
250	1,020	1,130	1,200	1,260	1,400
251	1,020	1,140	1,200	1,270	1,400
252	1,030	1,140	1,200	1,270	1,410
253	1,030	1,150	1,210	1,280	1,410
254	1,030	1,150	1,210	1,280	1,420
255	1,040	1,150	1,220	1,290	1,430
256	1,040	1,160	1,220	1,290	1,430
257	1,050	1,160	1,230	1,300	1,440
258	1,060	1,170	1,230	1,300	1,440
259	1,060	1,170	1,240	1,310	1,450
260	1,060	1,180	1,240	1,310	1,460
261	1,060	1,180	1,250	1,320	1,450
262	1,060	1,190	1,250	1,320	1,460
263	1,080	1,190	1,260	1,330	1,470
264	1,080	1,200	1,260	1,340	1,470
265	1,080	1,200	1,270	1,340	1,470
266	1,090	1,200	1,270	1,340	1,490
267	1,090	1,210	1,270	1,350	1,490
268	1,090	1,210	1,280	1,350	1,500
269	1,100	1,220	1,280	1,360	1,500
270	1,110	1,220	1,290	1,360	1,510
271	1,100	1,230	1,290	1,370	1,520
272	1,110	1,230	1,300	1,370	1,520
273	1,110	1,240	1,310	1,380	1,520
274	1,120	1,240	1,310	1,380	1,520
275	1,120	1,250	1,310	1,390	1,530
276	1,120	1,250	1,320	1,390	1,530
277	1,130	1,250	1,320	1,390	1,540
278	1,140	1,260	1,330	1,400	1,550
279	1,140	1,260	1,330	1,400	1,550
280	1,140	1,270	1,340	1,410	1,560
281	1,150	1,270	1,340	1,420	1,560
282	1,160	1,270	1,350	1,420	1,580
283	1,160	1,280	1,350	1,430	1,570
284	1,170	1,290	1,360	1,430	1,580
285	1,170	1,290	1,360	1,440	1,580
286	1,170	1,290	1,360	1,440	1,590
287	1,180	1,300	1,370	1,450	1,600
288	1,180	1,300	1,370	1,450	1,600

IA 5 min	densité prédite 0+/m2 (quantiles)				
	2,5%	25%	50%	75%	97,5%
289	1,180	1,310	1,380	1,460	1,610
290	1,190	1,310	1,380	1,460	1,620
291	1,190	1,310	1,390	1,470	1,620
292	1,190	1,320	1,390	1,470	1,620
293	1,200	1,330	1,400	1,480	1,620
294	1,210	1,340	1,400	1,480	1,630
295	1,200	1,340	1,410	1,490	1,640
296	1,210	1,340	1,410	1,490	1,640
297	1,220	1,340	1,420	1,500	1,650
298	1,220	1,350	1,420	1,500	1,660
299	1,220	1,350	1,430	1,510	1,660
300	1,230	1,360	1,430	1,510	1,660

D Présentation des paramètres estimés par le modèle

Sortie des paramètres Openbugs - Modèle 2016_01_18_Devalaison_0 juv
Dore

marion.legrand
19 janvier 2016

1 sigma_juv_moy

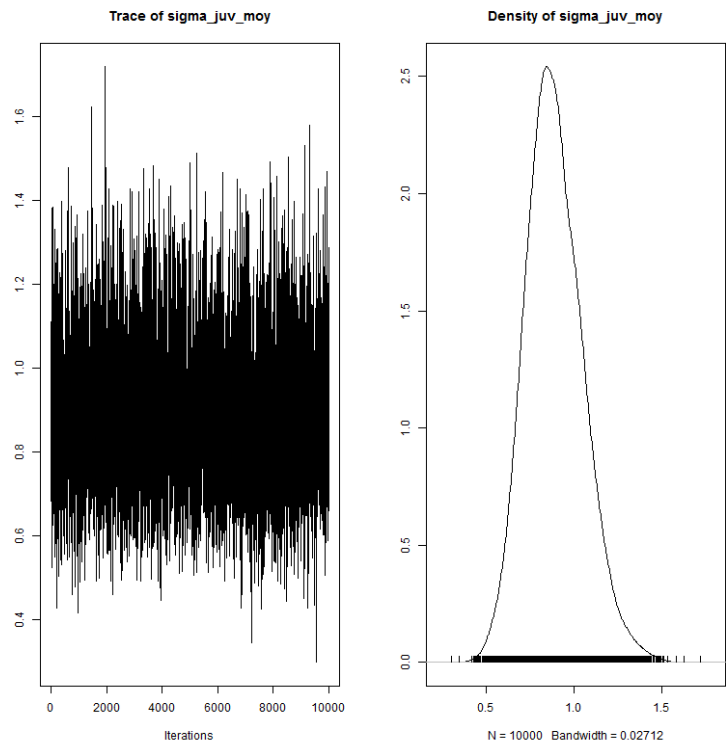


FIGURE 1 – sigma_juv_moy

TABLE 1 – Statistiques de sigma_juv

2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
0.60	0.77	0.88	0.99	1.24	0.89	0.16

2 sigma_wild_moy

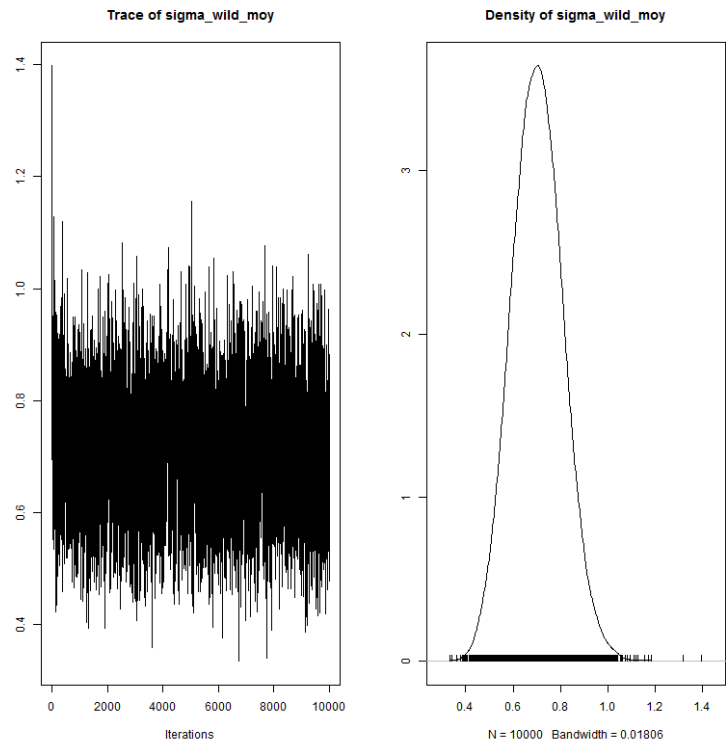


FIGURE 2 – sigma_wild_moy

TABLE 2 – Statistiques de sigma_wild

2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
0.50	0.63	0.70	0.77	0.92	0.70	0.11

3 sigma_egg_moy

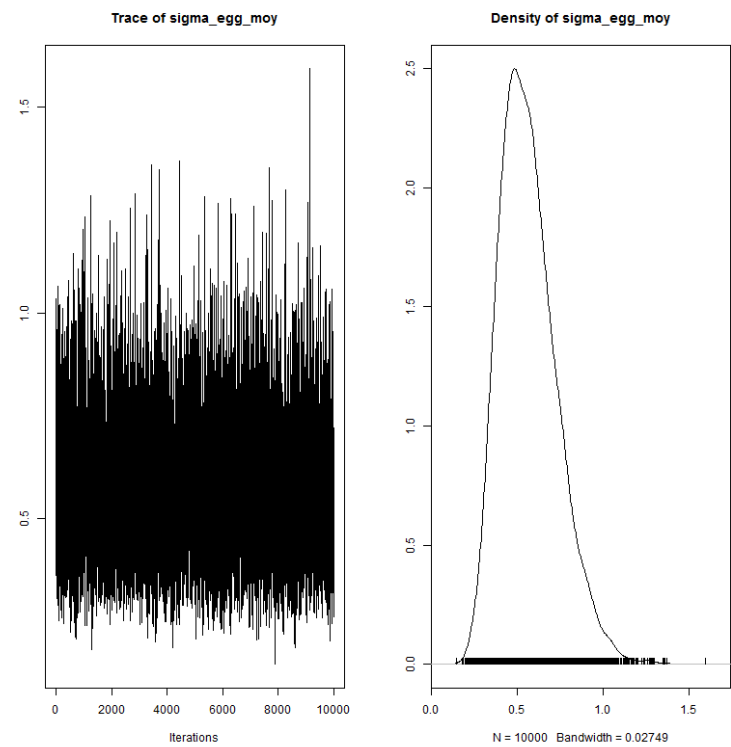


FIGURE 3 – sigma_egg_moy

TABLE 3 – Statistiques de sigma_egg

2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
0.30	0.44	0.55	0.66	0.94	0.56	0.17

4 nu_wild

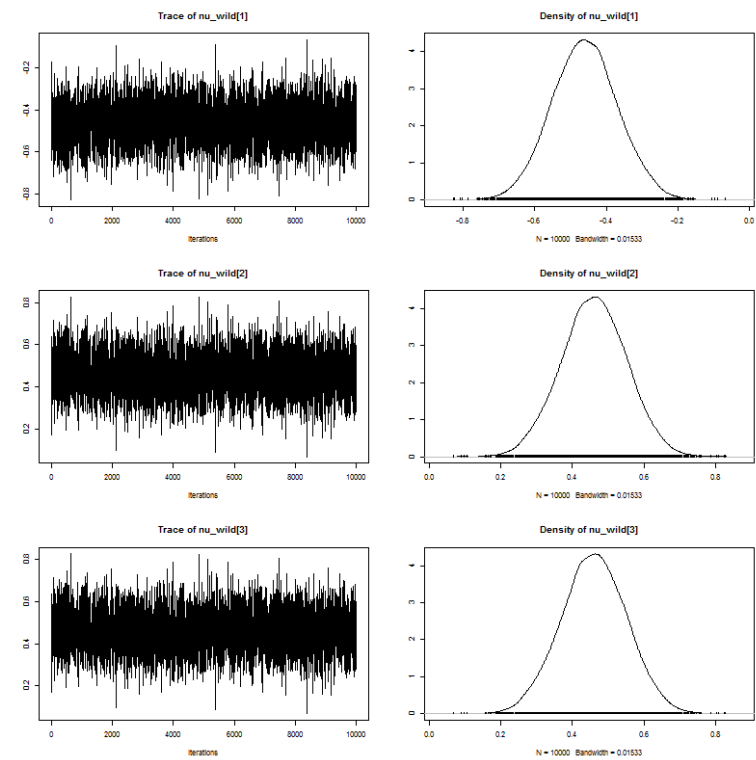


FIGURE 4 – nu_wild

TABLE 4 – Statistiques de nu_wild

	2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
nu_wild1	-0.64	-0.52	-0.46	-0.40	-0.28	-0.46	0.09
nu_wild2	0.28	0.40	0.46	0.52	0.64	0.46	0.09
nu_wild3	0.28	0.40	0.46	0.52	0.64	0.46	0.09

5 a

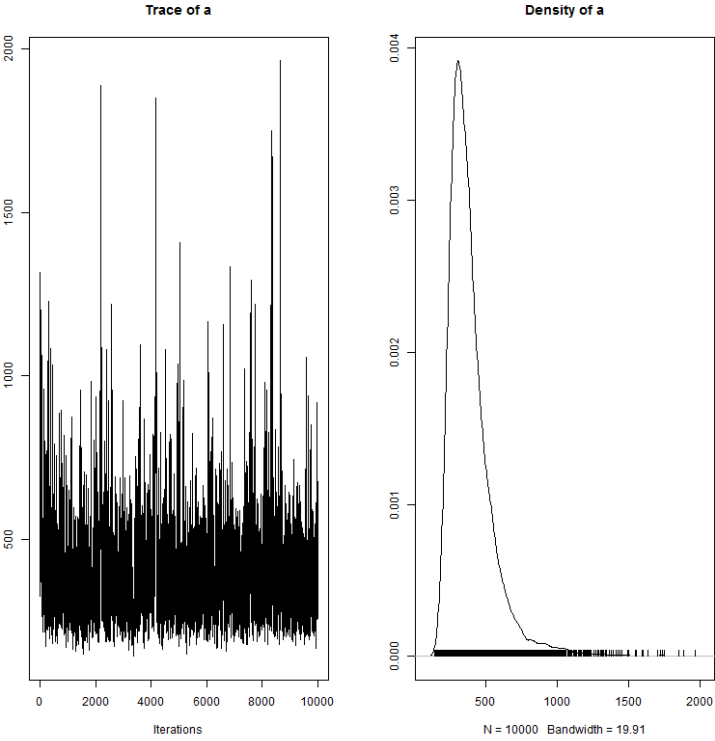


FIGURE 5 – a

TABLE 5 – Statistiques de a

2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
206.00	289.50	354.60	448.30	826.81	392.32	163.39

6 a_juv

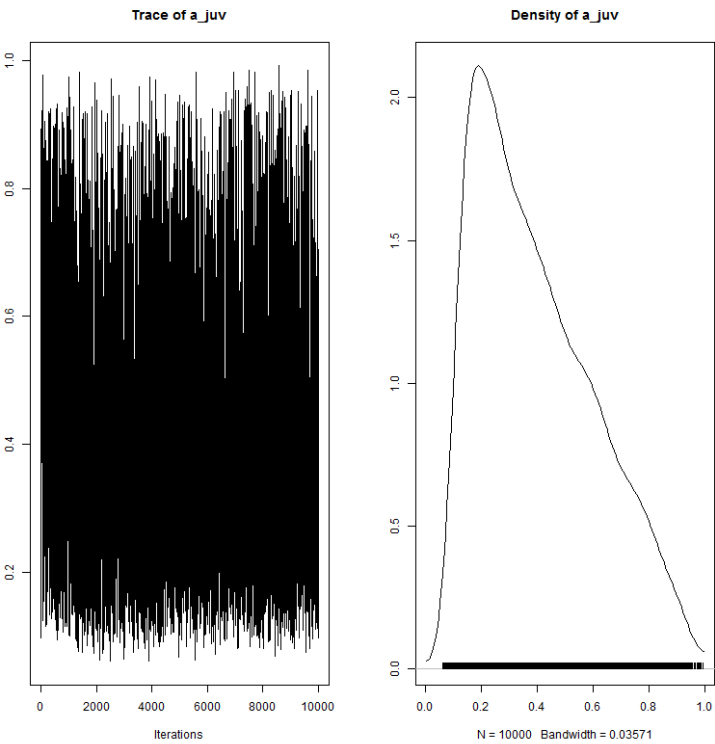


FIGURE 6 – a_juv

TABLE 6 – Statistiques de a_juv

2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
0.11	0.22	0.36	0.55	0.86	0.40	0.21

7 Rmax

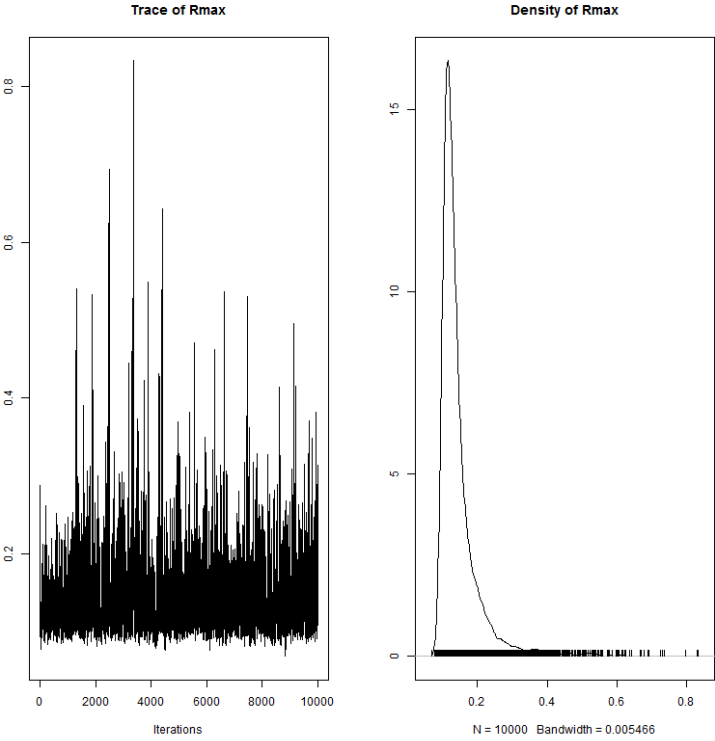


FIGURE 7 – Rmax

TABLE 7 – Statistiques de Rmax

2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
0.09	0.11	0.13	0.16	0.34	0.15	0.07

8 sigma_juv_site

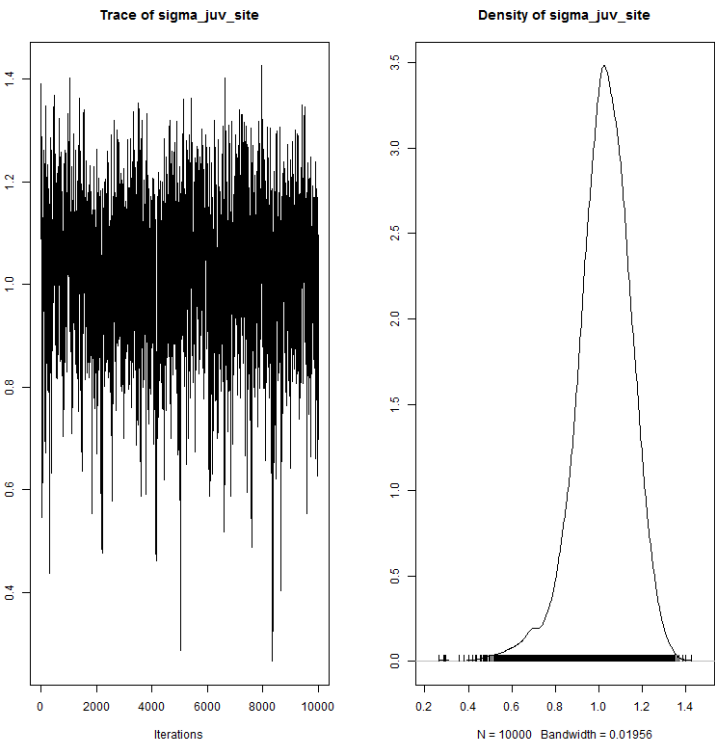


FIGURE 8 – sigma_juv_site

TABLE 8 – Statistiques de sigma_juv_site

2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
0.72	0.95	1.03	1.11	1.25	1.02	0.13

9 sigma_wild_site

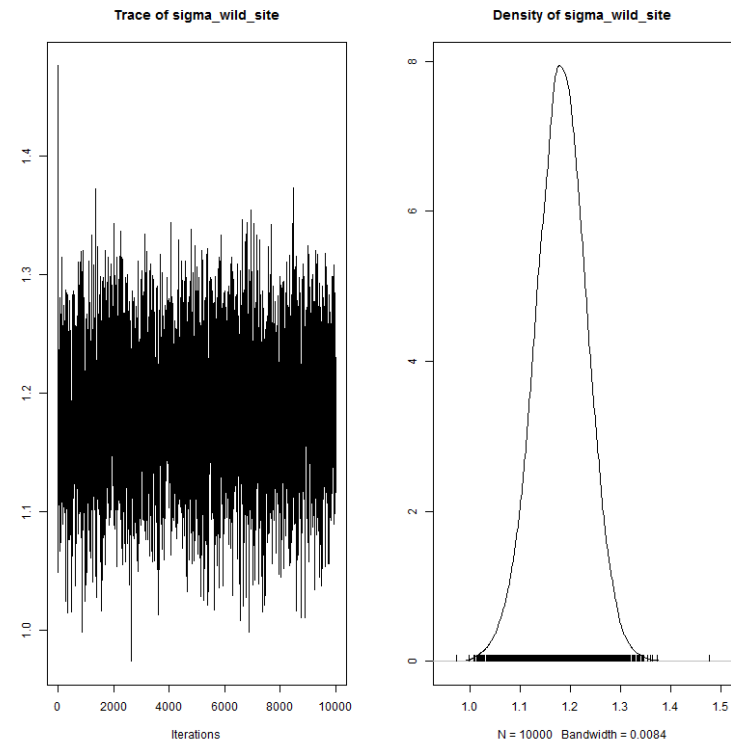


FIGURE 9 – sigma_wild_site

TABLE 9 – Statistiques de sigma_wild_site

2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
1.08	1.15	1.18	1.22	1.28	1.18	0.05

10 sigma_egg_site

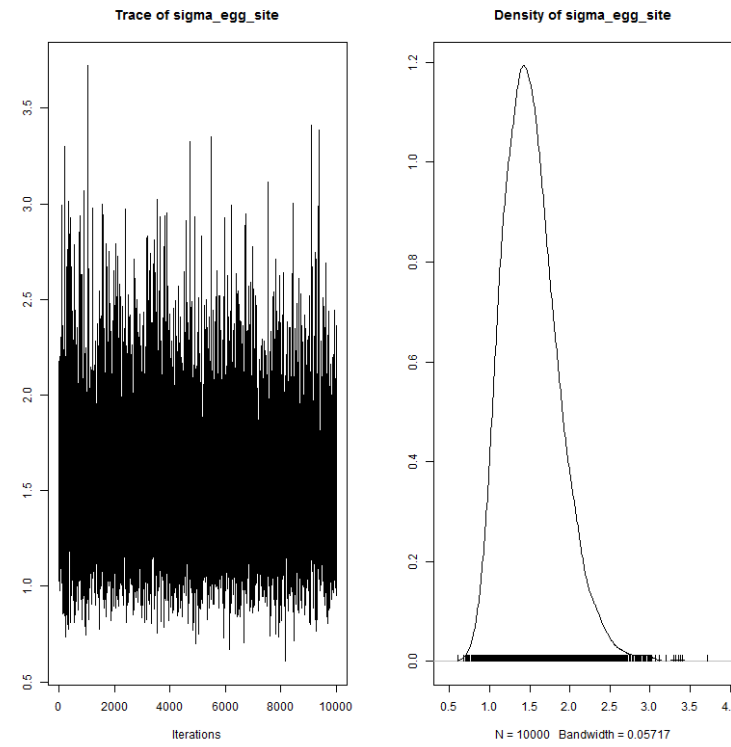


FIGURE 10 – sigma_egg_site

TABLE 10 – Statistiques de sigma_egg_site

2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
0.96	1.27	1.49	1.73	2.31	1.52	0.35

11 adjust_p_L

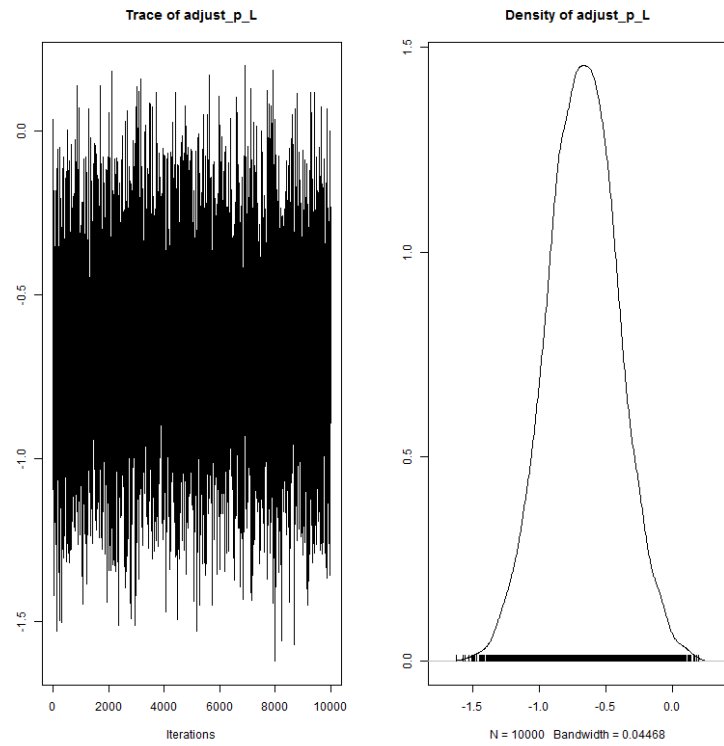


FIGURE 11 – adjust_p_L

TABLE 11 – Statistiques de adjust_p_L

2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
-1.20	-0.85	-0.67	-0.49	-0.13	-0.67	0.27

12 adjust_p_P

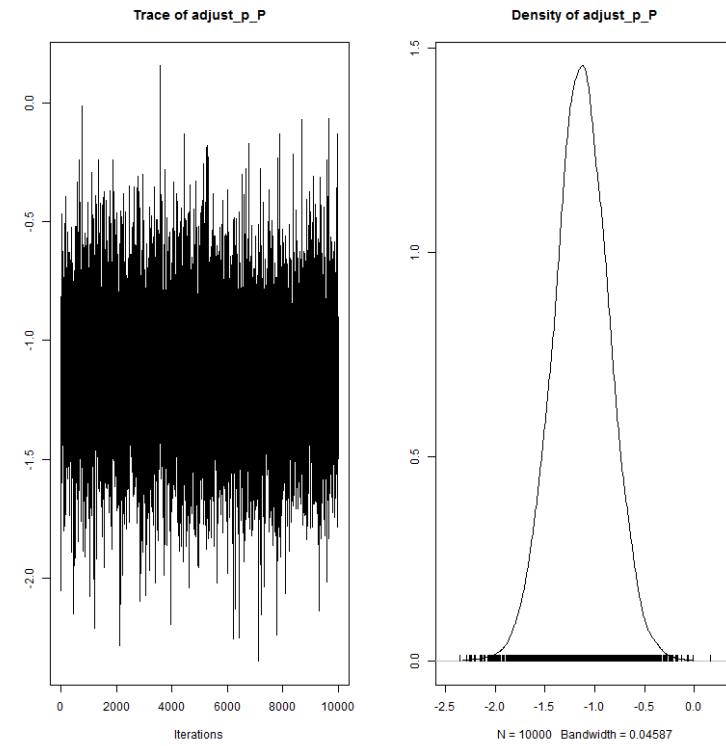


FIGURE 12 – adjust_p_P

TABLE 12 – Statistiques de adjust_p_P

2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
-1.69	-1.31	-1.13	-0.95	-0.59	-1.13	0.28

13 sigma_p_langeac

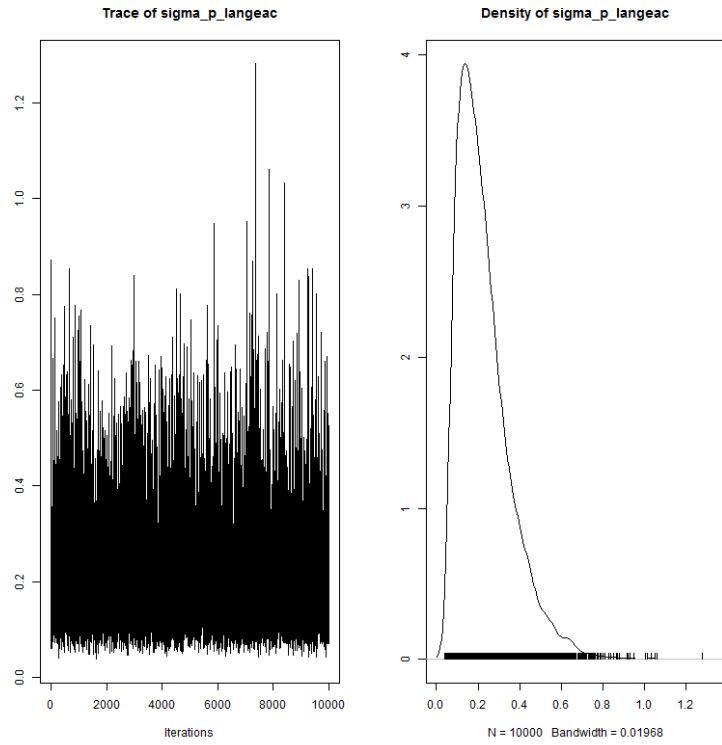


FIGURE 13 – sigma_p_langeac

TABLE 13 – Statistiques de sigma_p_langeac

2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
0.07	0.13	0.20	0.29	0.55	0.23	0.13

14 sigma_p_poutes

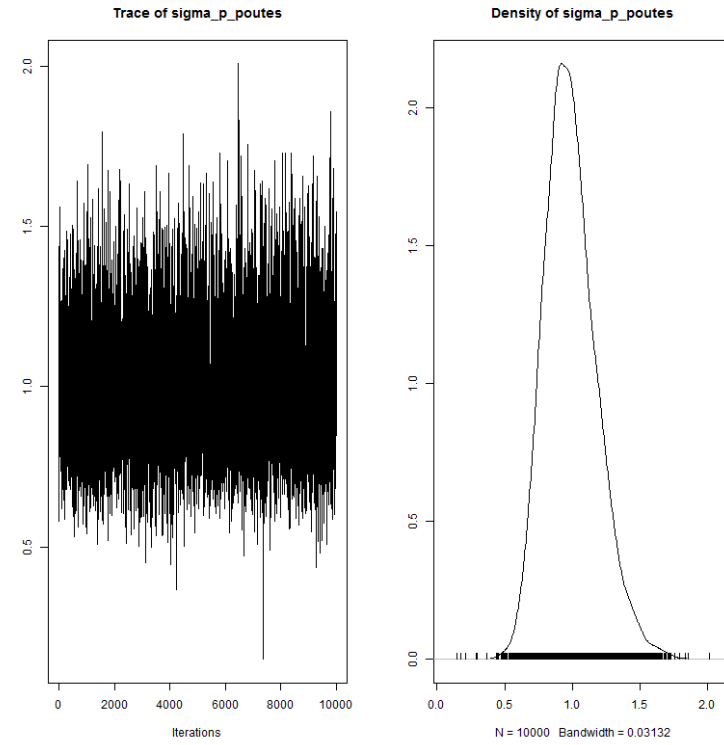


FIGURE 14 – sigma_p_poutes

TABLE 14 – Statistiques de sigma_p_poutes

2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
0.66	0.85	0.97	1.10	1.42	0.99	0.19

15 rho_station

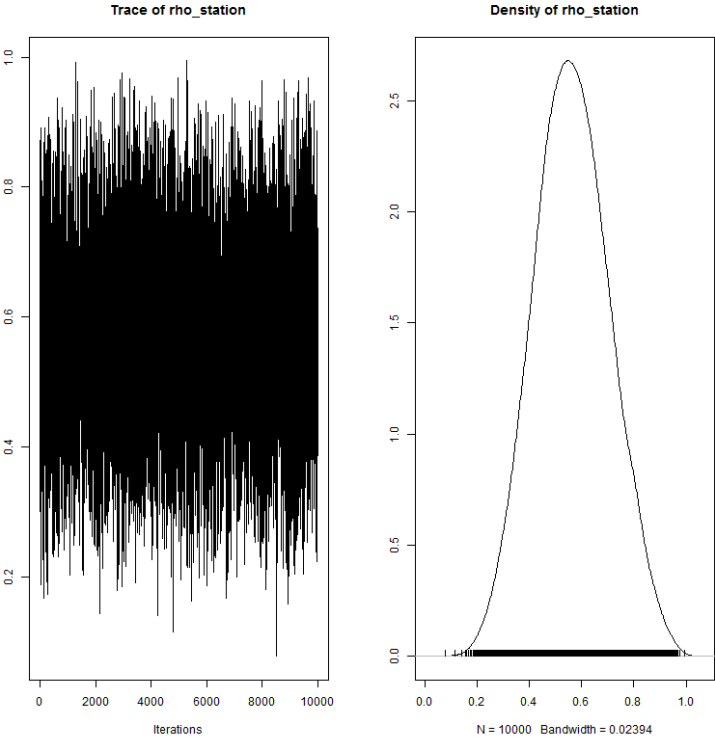


FIGURE 15 – rho_station

TABLE 15 – Statistiques de rho_station

2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
0.29	0.46	0.56	0.66	0.85	0.56	0.14

16 heLeffect

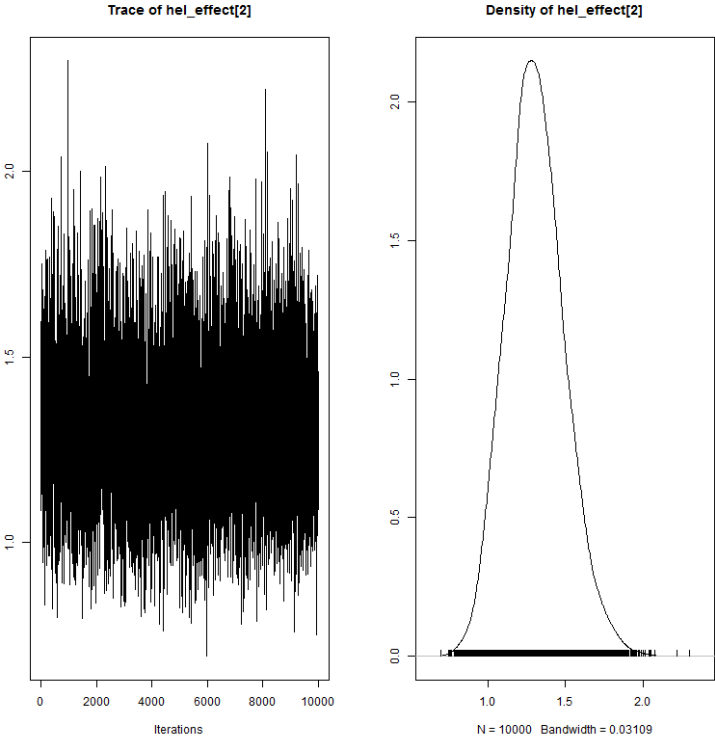


FIGURE 16 – heLeffect

TABLE 16 – Statistiques de heLeffect

2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
0.96	1.18	1.30	1.43	1.71	1.31	0.19

17 mu_tau

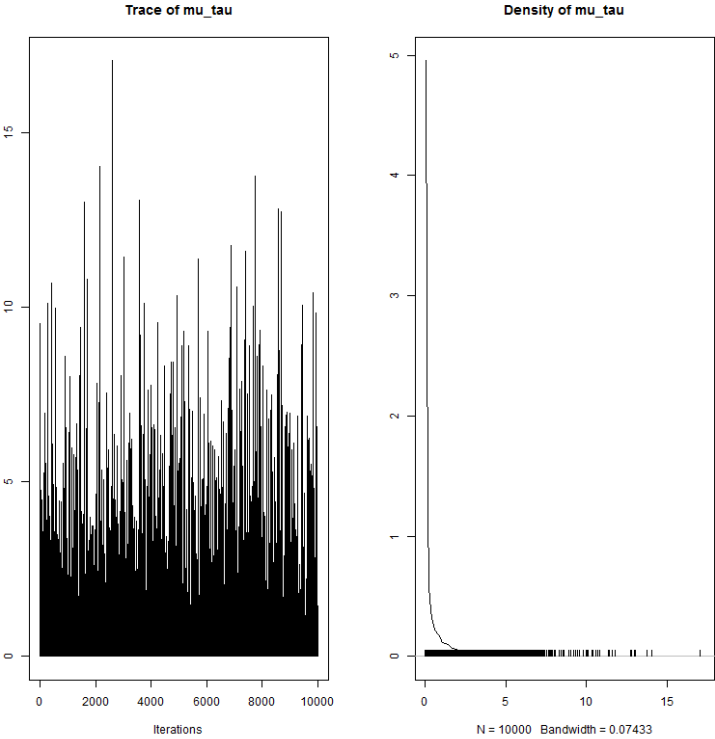


FIGURE 17 – mu_tau

TABLE 17 – Statistiques de mu_tau

2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
0.000003	0.000879	0.051995	0.593775	4.475075	0.604239	1.303666

18 beta_tau

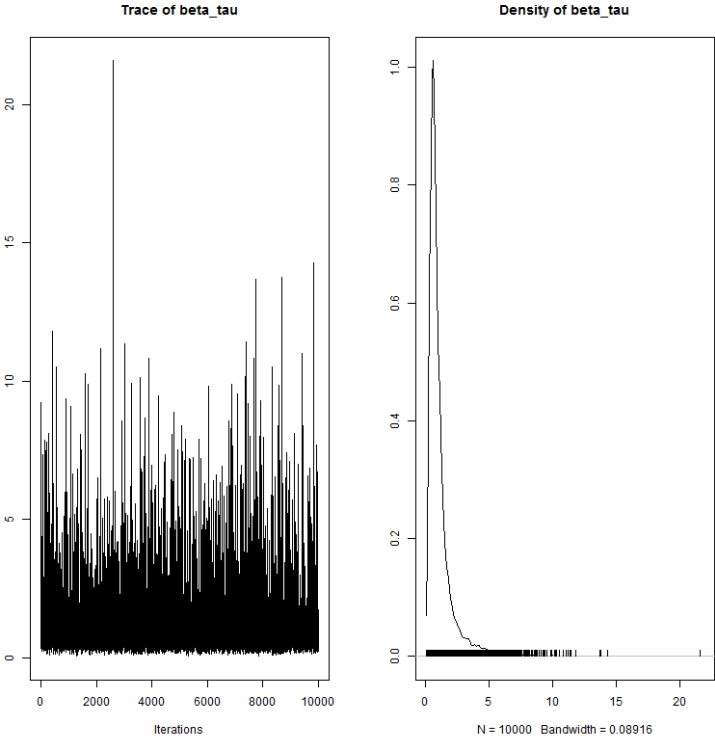


FIGURE 18 – beta_tau

TABLE 18 – Statistiques de beta_tau

2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
0.22	0.50	0.75	1.21	4.54	1.11	1.19

19 s_juv2ad

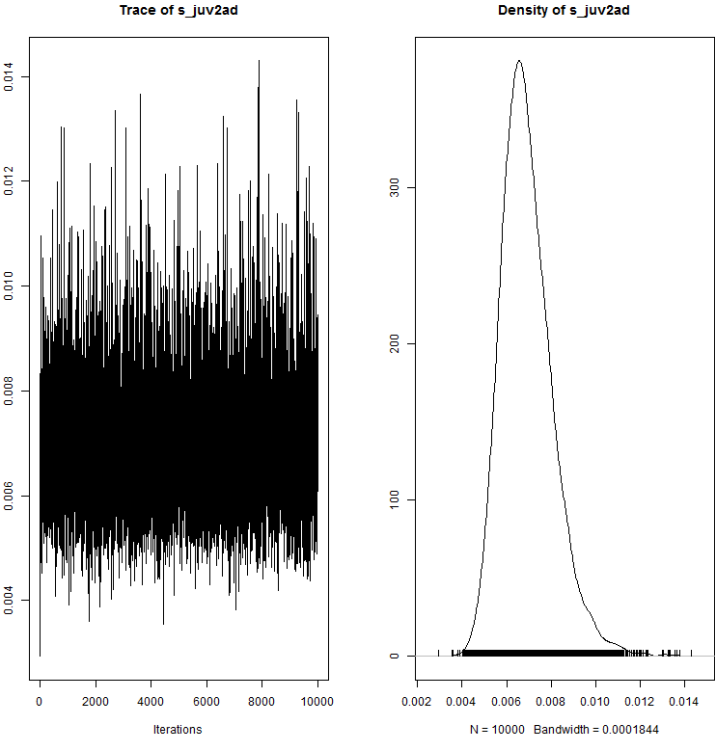


FIGURE 19 – s_juv2ad

TABLE 19 – Statistiques de s_juv2ad

2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
0.0050	0.0061	0.0068	0.0076	0.0097	0.0069	0.0012

20 level_s

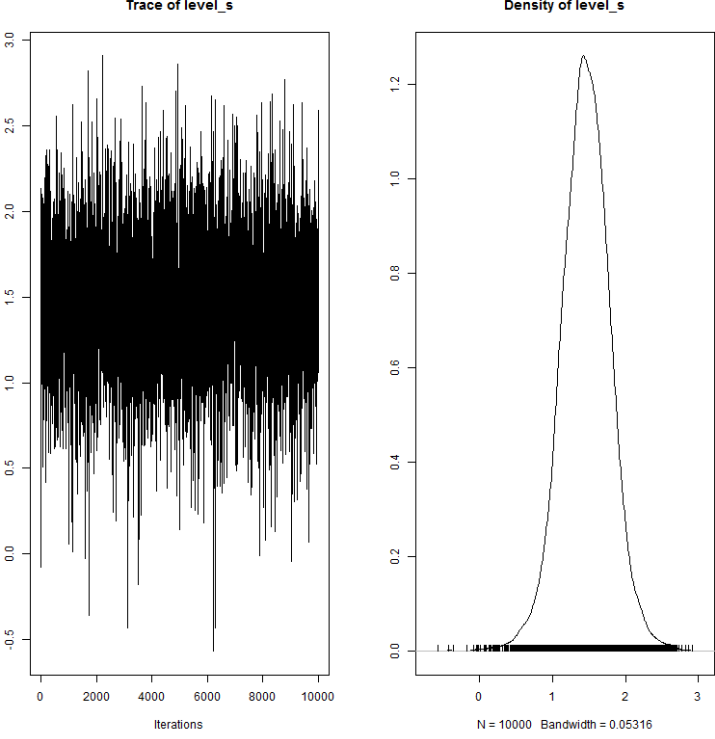


FIGURE 20 – level_s

TABLE 20 – Statistiques de level_s

2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
0.78	1.25	1.46	1.67	2.12	1.46	0.34

21 rho_poutes

22 sigma_vichy

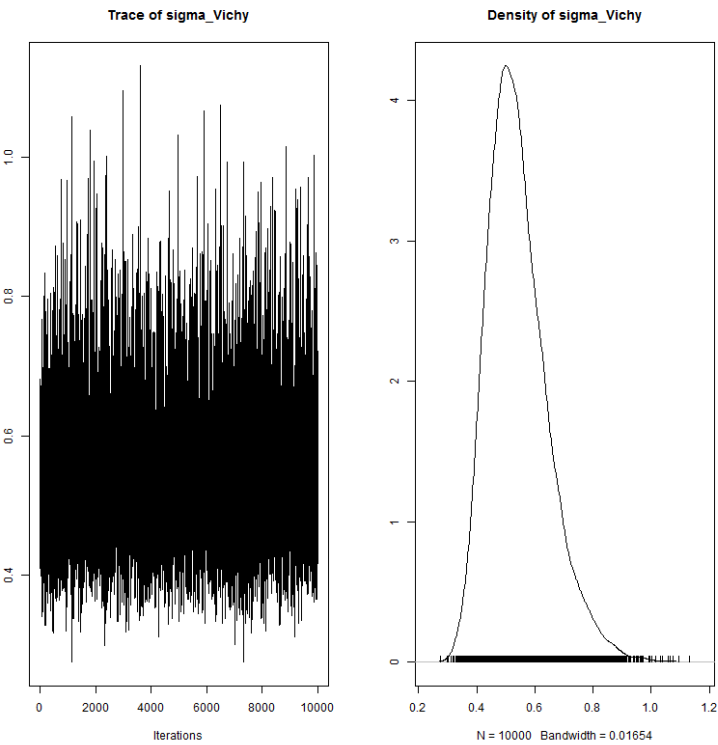


FIGURE 21 – sigma_vichy

TABLE 21 – Statistiques de sigma_vichy

2.5%	25%	50%	75%	97.5%	Mean	SD
0.38	0.47	0.53	0.60	0.79	0.54	0.10

23 res_p_langeac

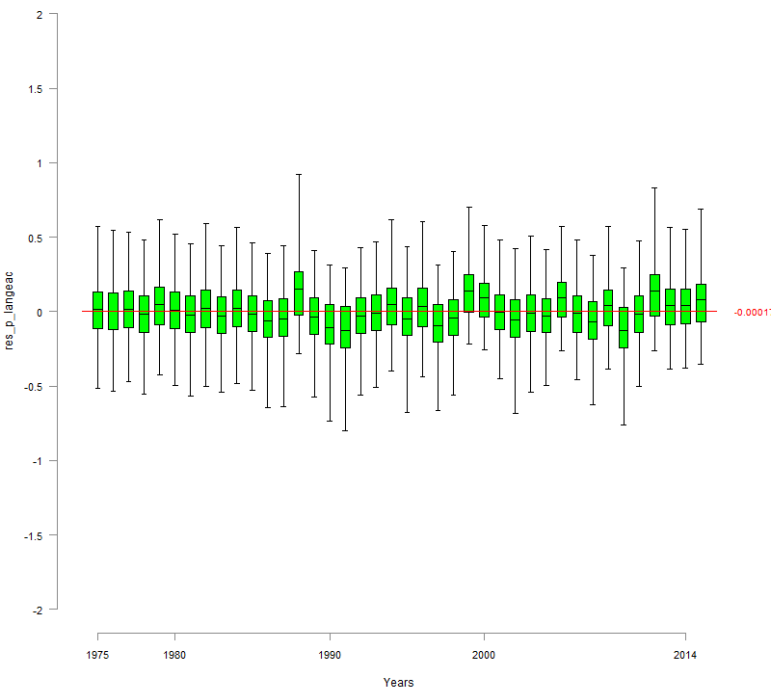


FIGURE 22 – res_p_langeac

24 res_p_poutes

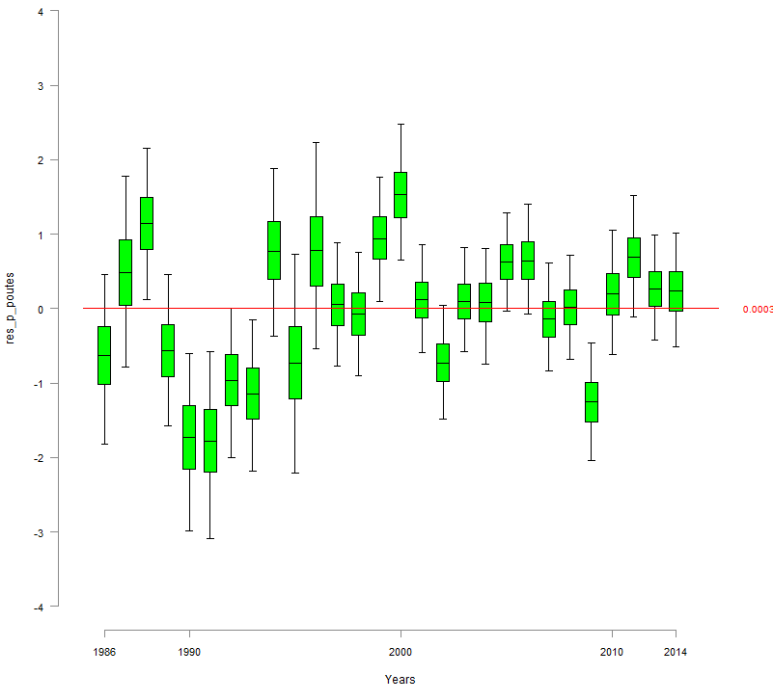


FIGURE 23 – res.p.poutes

25 res_vichy

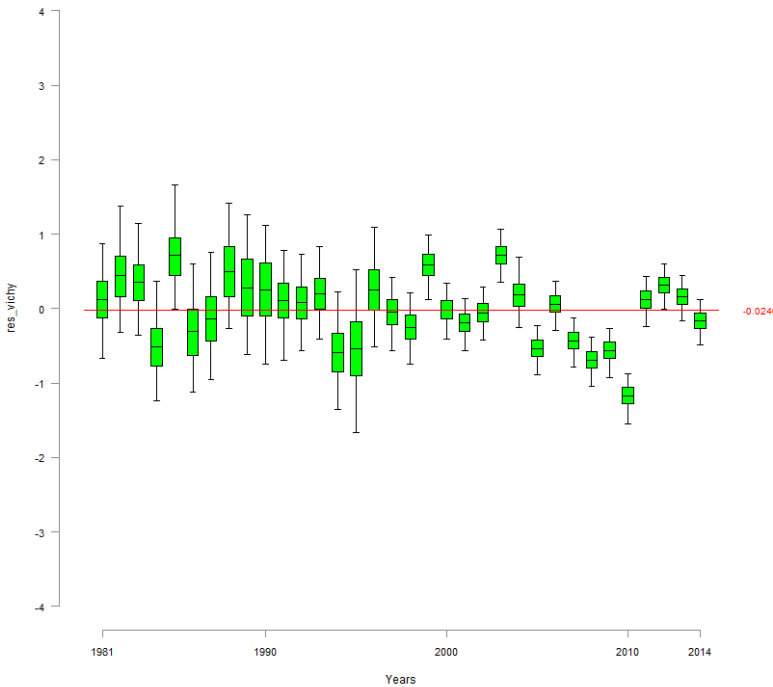


FIGURE 24 – res.vichy

26 zone_effect

26.1 zone_effect_Vichy

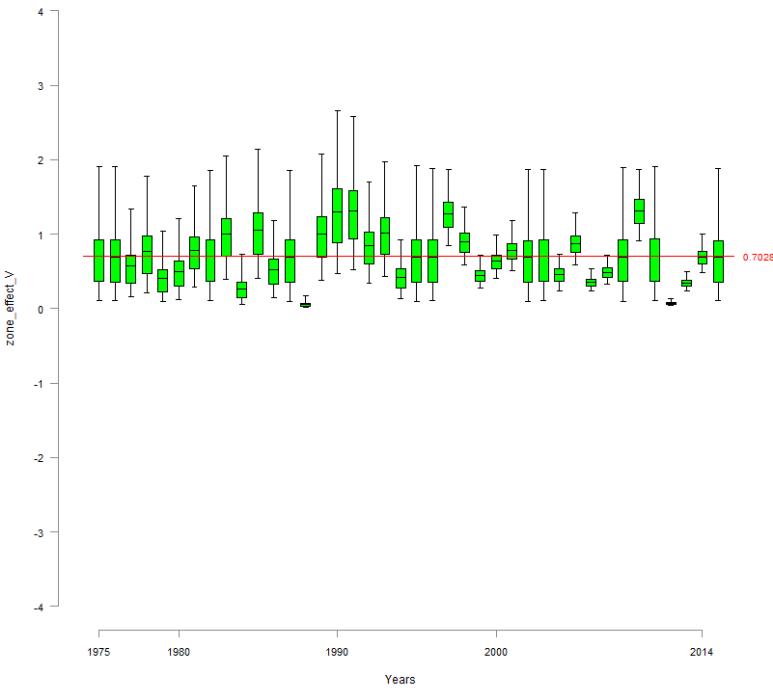


FIGURE 25 – zone_effect_V

26.2 zone_effect_Langeac

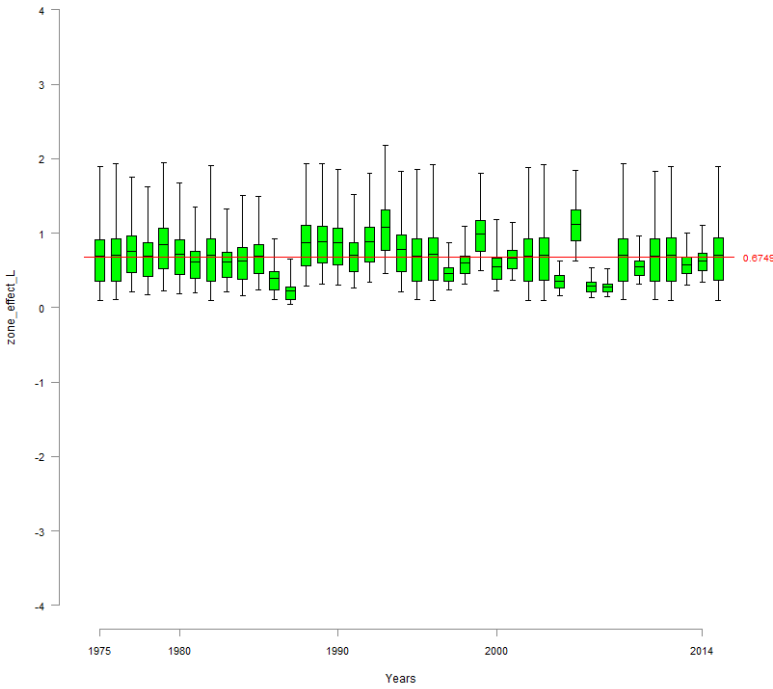


FIGURE 26 – zone_effect_L

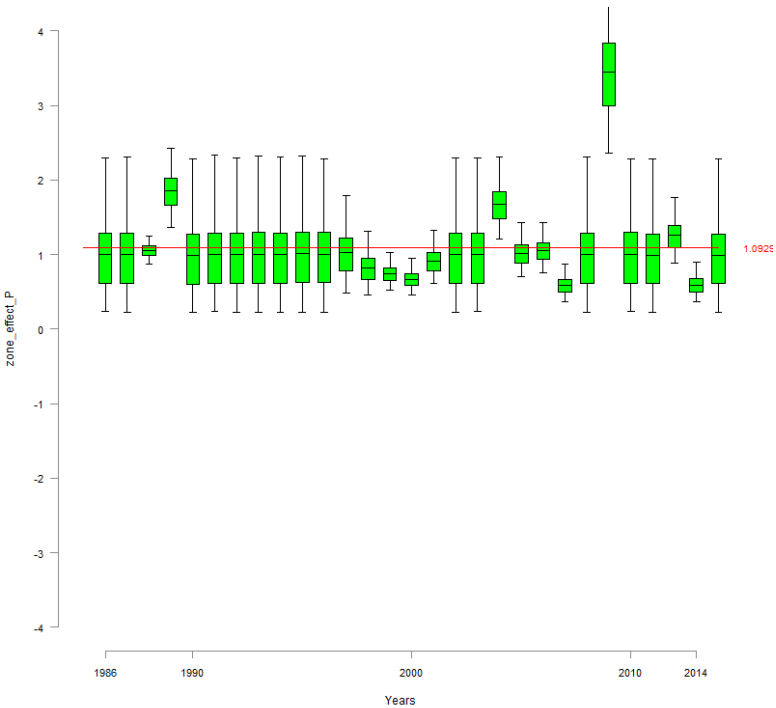


FIGURE 27 – zone_effect_P

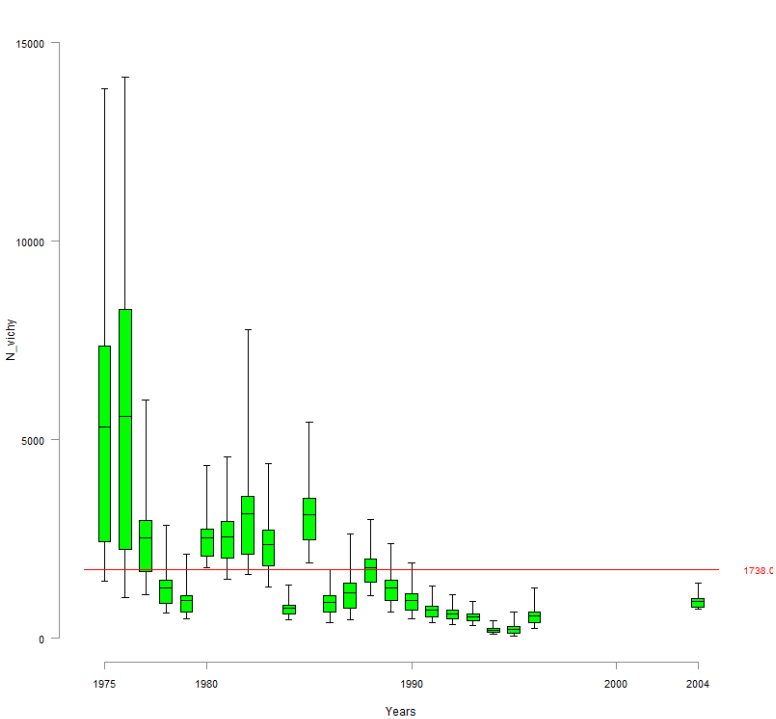


FIGURE 28 – N_vichy

28 N_Langeac

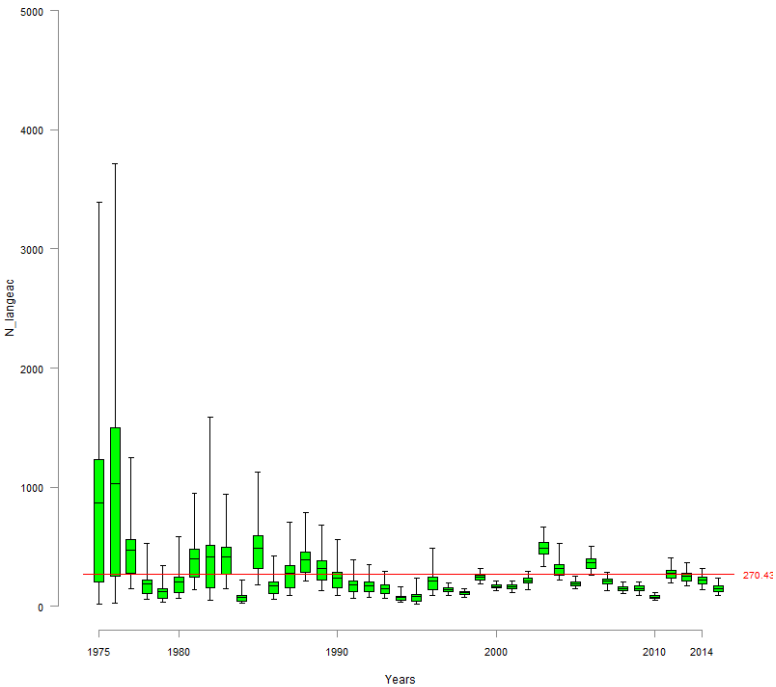


FIGURE 29 – N_langeac

29 d_wild_moy
29.1 d_wild_moy_Vichy

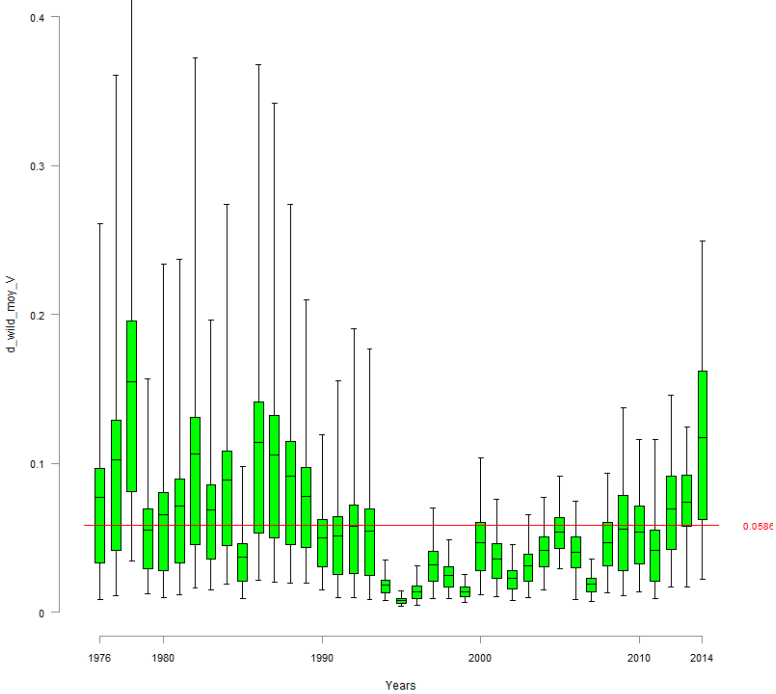


FIGURE 30 – d_wild_moy_V

29.2 d_wild_moy_Langeac

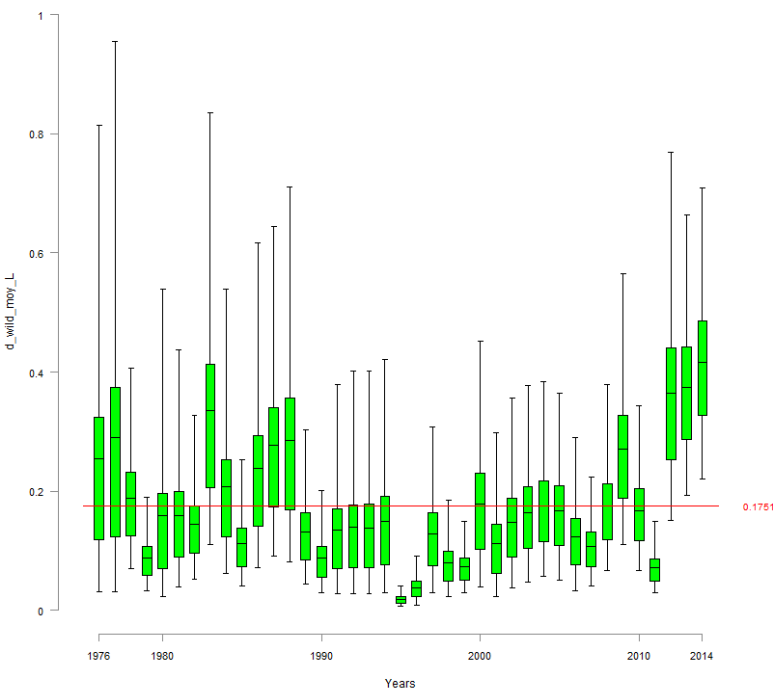


FIGURE 31 – d_wild_moy_L

29.3 d_wild_moy_Poutes

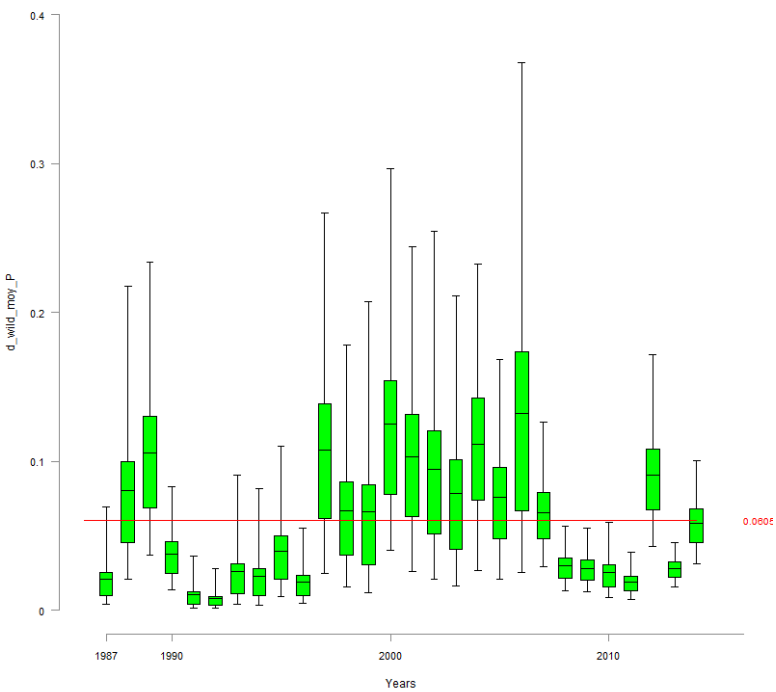


FIGURE 32 – d_wild_moy_P

30 d_juv_moy

30.1 d_juv_moy_Vichy

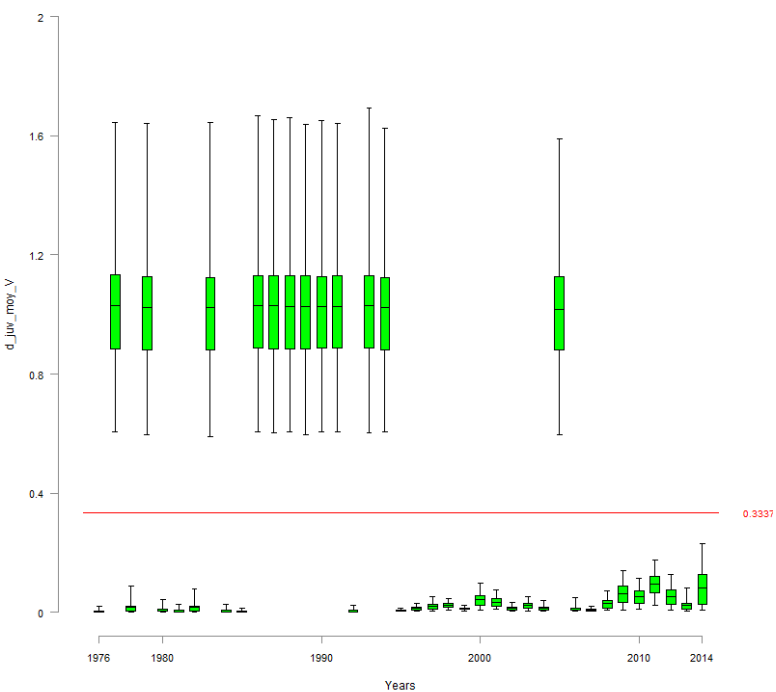


FIGURE 33 – d_juv_moy_V

30.2 d_juv_moy_Langeac

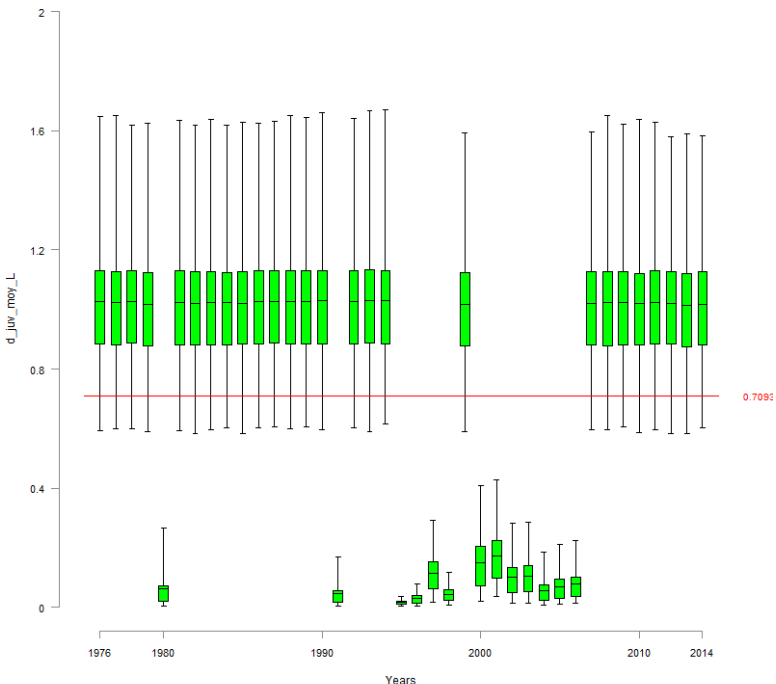


FIGURE 34 – d_juv_moy_L

30.3 d_juv_moy_Poutes

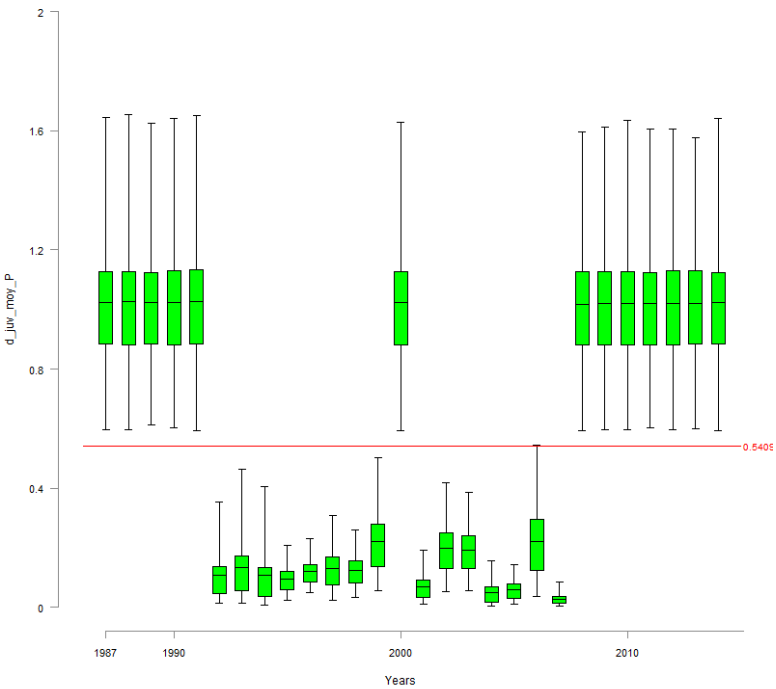


FIGURE 35 – d_juv_moy_P

31 d_egg_moy

31.1 d_egg_moy_Vichy

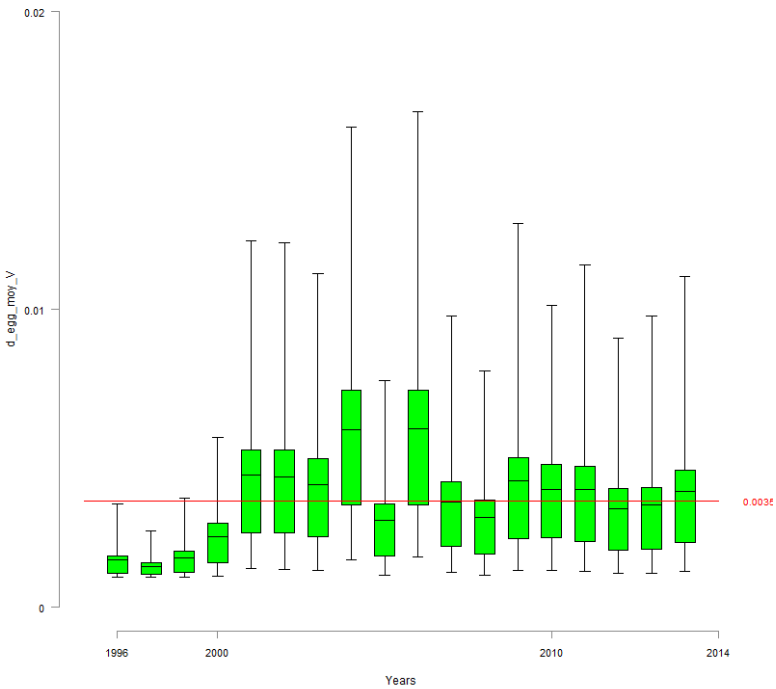


FIGURE 36 – d_egg_moy_V

31.2 d_egg_moy_Langeac

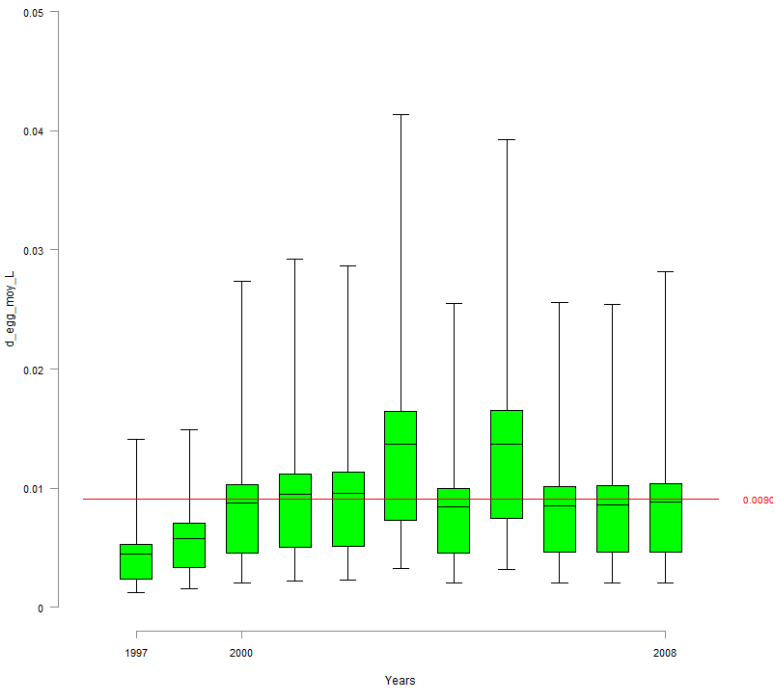


FIGURE 37 – d_egg_moy_L

32 res_wild_moy

32.1 res_wild_moy_Vichy

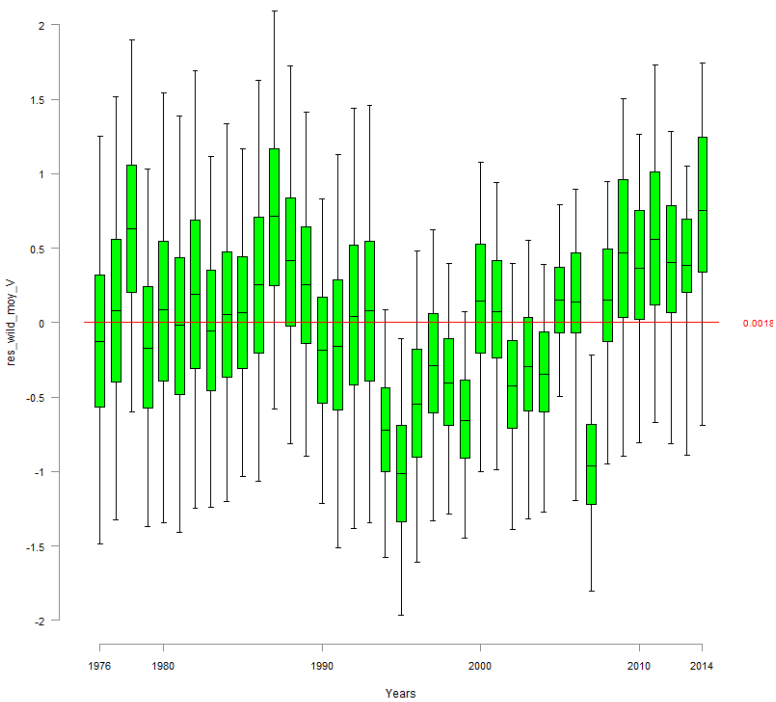


FIGURE 38 – res_wild_moy_V

32.2 res_wild_moy_Langeac

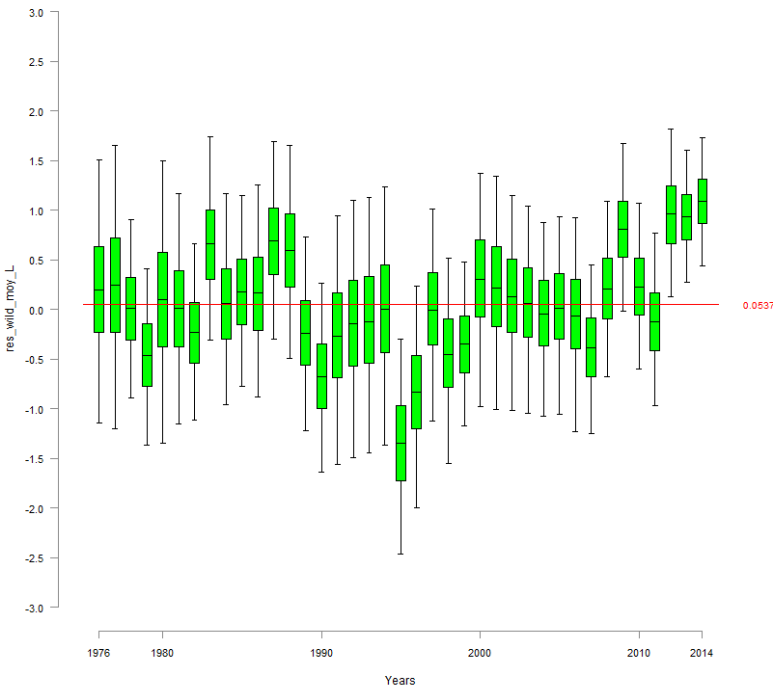


FIGURE 39 – res_wild_moy_L

32.3 res_wild_moy_Poutes

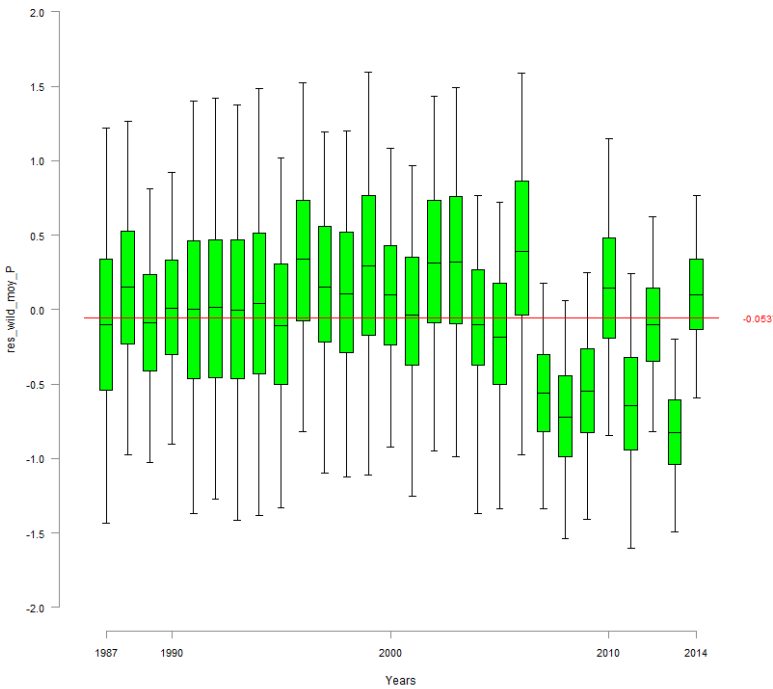


FIGURE 40 – res_wild_moy_P

33 res_juv_moy

33.1 res_juv_moy_Vichy

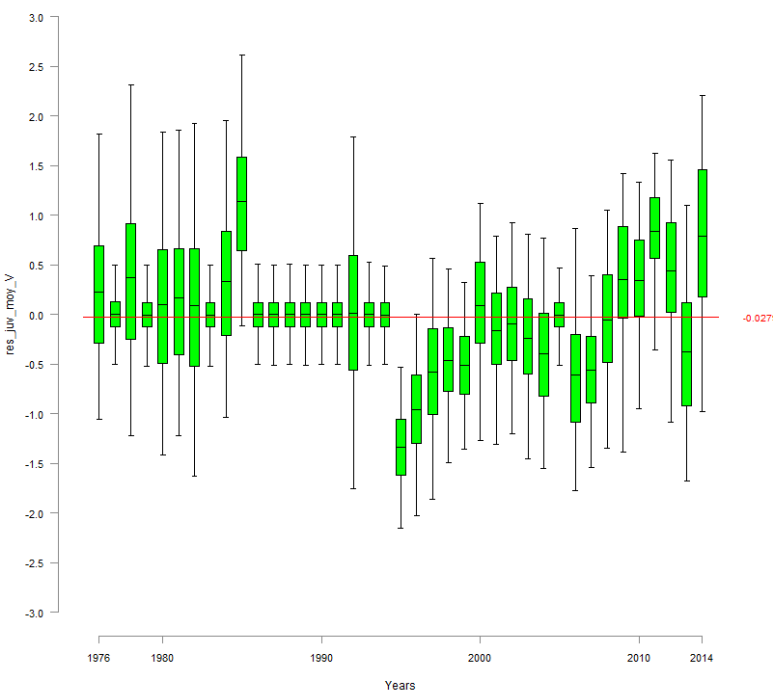


FIGURE 41 – res_juv_moy_V

33.2 res_juv_moy_Langeac

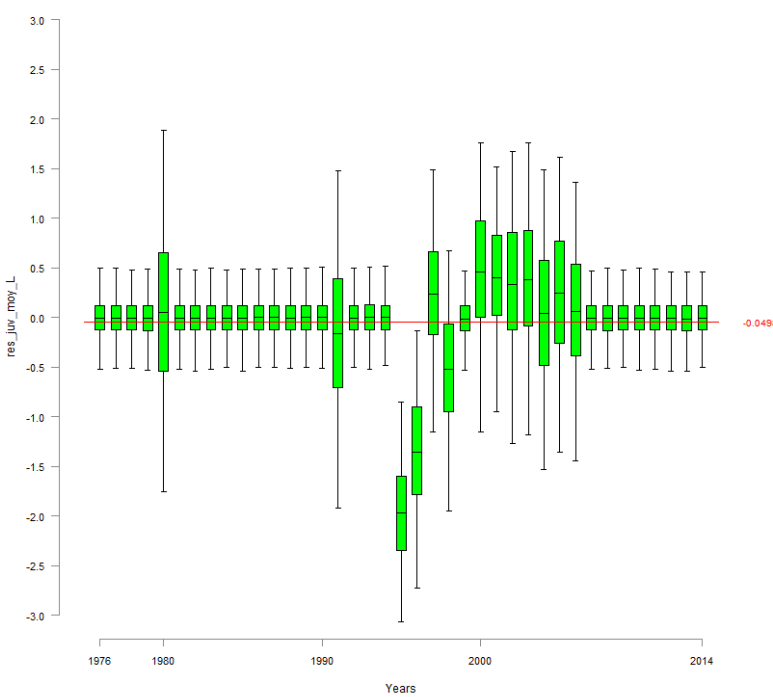


FIGURE 42 – res_juv_moy_L

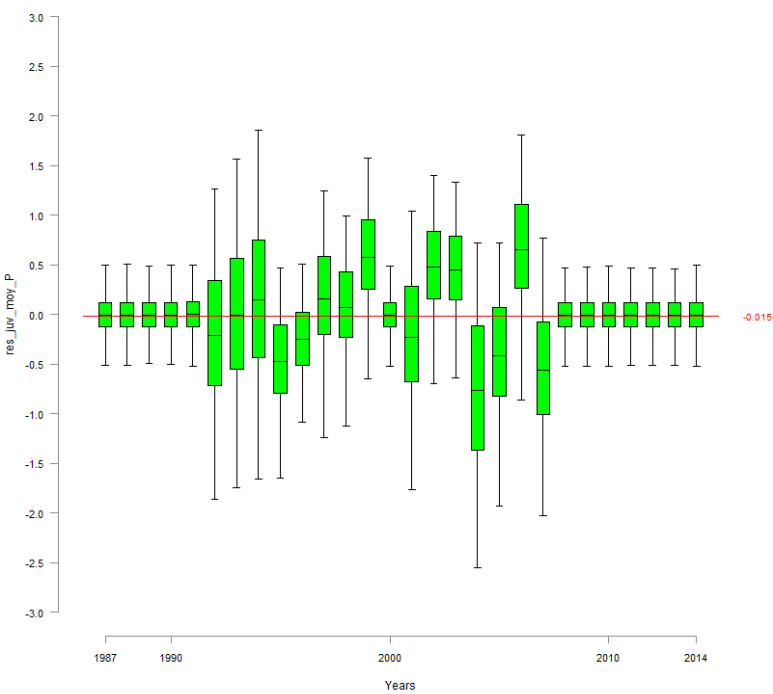


FIGURE 43 -- res_juv_moy_P

E Code du modèle 2015.01.24

```

model{

#####
# FIRST PART #
#####

#####
# 1.CALIBRATION #
#####

d_moy~dgamma(1,0.001)
beta_d~dgamma(0.001,0.001)

inv_kappa ~ dgamma(0.001,0.001)
kappa <-1/ inv_kappa

#eta ~ dgamma(0.001,0.001)

L_sigma_p~dunif(0.0001,10)
L_tau_p<-pow(L_sigma_p,-2)
L_var_p<-1/L_tau_p

L_mu_p ~dnorm(0,0.001)
logit(mu_p)<-L_mu_p

alpha_d<-d_moy * beta_d

for (g in 1:calib){

=====
# 1.1 Density part
=====
d[g]~dgamma(alpha_d,beta_d)
lambda_IA[g]<-kappa*d[g] #kappa*pow(d[g],eta)
EF_IA[g]~dpois(lambda_IA[g])
lambda_N[g]<-(d[g]*S[g])-EF_IA[g]

#Abundance follows a Poisson distribution
N_tot[g]~dpois(lambda_N[g])I(,2000)

L_p[g]~dnorm(L_mu_p,L_tau_p)
logit(p[g]) <- L_p[g]

# depletion pass part
C_1[g]~dbin(p[g],N_tot[g])
N_1[g]<-N_tot[g]-C_1[g]
C_2[g]~dbin(p[g],N_1[g])

=====
# 1.2 Posterior check
=====
rep_lambda_IA[g]<-kappa*d[g] #kappa*pow(d[g],eta)
rep_EF_IA[g]~dpois(rep_lambda_IA[g])
res_IA_EF[g]<-EF_IA[g] - rep_EF_IA[g]

```

```

# calculation of the residuals for the predicted C1,C2,C3 conditionally to
densities
rep_C_1[g] ~ dbin(p[g],N_tot[g])
rep_C_2[g] ~ dbin(p[g],N_1[g])

res_C_1[g] <- C_1[g]-rep_C_1[g]
res_C_2[g] <- C_2[g]-rep_C_2[g]
res_C1_N_tot[g] <- (C_1[g]-rep_C_1[g])/N_tot[g]
res_C_2_N_1[g] <- (C_2[g]-rep_C_2[g])/N_1[g]

}

=====
# 1.3 cut of all the parameters of the calibration
=====
L_mu_p_cut<-cut(L_mu_p)
L_tau_p_cut<-cut(L_tau_p)
kappa_cut<-cut(kappa)
eta_cut<-cut(eta)
# on suppose que le parametre d'echelle est le meme au fil des années
beta_d_cut<-cut(beta_d)

#####
# 2. REDD/SPAWNERS #
#####
=====
# 2.1 Parameters of the Redd/spawner relationship model
=====
mu_zone[1]~dgamma(1,0.001)
mu_zone[2]<-1 #~dgamma(1,0.001)

beta_zone~dgamma(0.01,0.01)

alpha_zone[1]<- mu_zone[1]*beta_zone

alpha_zone[2]<- mu_zone[2]*beta_zone

=====
# 2.2 Methodology and spatial effect
=====
#-----
# 2.2.1 Methodology effect
#-----
hel_effect[1]<-1
hel_effect[2]~dgamma(1,1)
#-----
# 2.2.2 Spatial effect
#-----
for (t in 1:T){
  zone_effect[t,1]~dgamma(alpha_zone[1],beta_zone)I(0.001,) #I(0.001,)
  #dnorm(0,0.01) #dunif(0,20) #
  zone_effect[t,2]~dgamma(alpha_zone[1],beta_zone)I(0.001,) #I(0.001,)
  #dnorm(0,0.01) #dunif(0,3.5) #

```

```

}
for (t in 12:T){
  zone_effect[t,3]~dgamma(alpha_zone[2],beta_zone)I(0.001,)
}
#-----
# 2.2.3 Verification of both effects
#-----
diff_hel_effect<-1-hel_effect[2]
p_diff_hel<-step(diff_hel_effect)

diff_zone1_2<-mu_zone[1]-mu_zone[2]
p_diff_zone1_2<-step(diff_zone1_2)

#=====
# 2.3 Area prospected
#=====
#loops for proportion of area prospected
for (t in 1:T+20){
  for (k in 1:2){
    logit(p_area[t,k])<- L_p_area[t,k]
  }
}

for (t in 12:T+20){
  logit(p_area[t,3])<- L_p_area[t,3]
}

#=====
# 2.4 Hyperparameters
#=====
sigma_Vichy <- sqrt( 1 / tau_vichy)    #~dunif(0.001,5)
tau_vichy~dgamma(0.001,0.001)          #<-pow(sigma_Vichy,-2)
L_mu_vichy~dnorm(0,0.01)

sigma_p_langeac<-sqrt(1/tau_p_langeac)    #~dchisqr(1)#I(0.001,)    #<-
sqrt(1/tau_p_langeac)    #dunif(0.001,10)
tau_p_langeac~dgamma(0.01,0.01)    #<-pow(sigma_p_langeac,-2)    #,

sigma_p_poutes<-sqrt(1/tau_p_poutes)    #~dunif(0,10)
tau_p_poutes~dgamma(0.01,0.01)    #<-pow(sigma_p_poutes,-2)

I_surv[7] <- 1
I_surv_prim[7] <- 1

level_s~dnorm(0,1)

for (t in 8:T+20){
  I_surv_prim[t] ~ dbern(0.5)
  I_surv[t] <- I_surv[t-1] * I_surv_prim[t]
}

for (t in 7:11){
  min_N_1[t]<-tot_C[t] + S_stocking[t]+2
  pool_juv[t]<-s_juv2ad* Juv_tot_system[t] + s_smolt * (0.5 *
smolts_tot[t+1] + 0.5 * smolts_tot[t] )

```

```

L_mu_Vichy_nm[t]<-log( s_juv2ad * Juv_tot_system[t] + s_smolt * (0.5 *
smolts_tot[t+1] + 0.5 * smolts_tot[t] )) + level_s * I_surv[t]
mean_V_surv[t] <- s_juv2ad * exp(level_s * I_surv[t])

N[t,1]~dlnorm(L_mu_Vichy_nm[t],tau_vichy)I(min_N_1[t],15000)
res_Vichy[t] <- log(N[t,1]) - L_mu_Vichy_nm[t]
}

#####
# 3. JUVENILE PRODUCTION #
#####
#=====
# 3.1 Beverthon & Holt parameters
#=====
# BH slope parameter
#not sure about the beta parameters ...
zt~dbeta(1,9)    #(1,2)
a<-zt *8000    #I~dunif(1,8000)    #~dgamma(0.01,0.01)I(,8000)#(0.1,)
#~dlnorm(0,0.01)    #
alpha_dd<- 1/a

a_juv ~dbeta(2,2)
alpha_dd_juv<- 1/a_juv

Rmax~dunif(0,2)    # dgamma(0.01,0.01)I(,15)    #log(Rmax)<-L_Rmax
beta_dd<- 1 / Rmax

#s_juv~dbeta(2,2) --> n'existe pas par la suite
s_egg~dbeta(2,2)#I(0.0001,)
s_juv2ad~dbeta(2,2)

#=====
# 3.2 Hyperparameters
#=====
alpha_tau <- mu_tau +1
mu_tau ~ dgamma(0.1,0.1)I(0.000001,)    #(1,0.01)I(0.001,)    #dgamma(0.01,0.01)
beta_tau ~ dgamma(0.1,0.1)I(0.001,)    #(0.01,0.01)I(0.001,)    #
dgamma(0.01,0.01)

tau_wild_moy~dgamma(alpha_tau,beta_tau)    #[3]<-tau_wild_moy[2]
tau_wild_site~dgamma(alpha_tau,beta_tau)

tau_juv_moy[1]~dgamma(0.01,0.01)
tau_juv_site[1]~dgamma(0.01,0.01)
tau_juv_moy[2]~dgamma(alpha_tau,beta_tau)
tau_juv_site[2]~dgamma(alpha_tau,beta_tau)

tau_egg_moy[1]~dgamma(0.01,0.01)I(0.01,)
tau_egg_site[1]~dgamma(0.01,0.01)I(0.01,)
tau_egg_moy[2]~dgamma(alpha_tau,beta_tau)#I(,50)
tau_egg_site[2]~dgamma(alpha_tau,beta_tau)

sigma_wild_moy <- sqrt( 1 / tau_wild_moy)
sigma_wild_site <- sqrt( 1 / tau_wild_site)

```



```

sigma\juv\moy <- sqrt( 1 / tau\juv\moy[2])
sigma\juv\site <- sqrt( 1 / tau\juv\site[2])
sigma\egg\moy <- sqrt( 1 / tau\egg\moy[2])
sigma\egg\site <- sqrt( 1 / tau\egg\site[2])

nu\_wild\_avg~dnorm(0,0.01)
nu\_wild[1] <- -nu\_wild\_avg
nu\_wild[2] <- nu\_wild\_avg
nu\_wild[3] <- nu\_wild\_avg

nu\_juv\_avg~dnorm(0,0.01)
nu\_juv[1] <- -nu\_juv\_avg
nu\_juv[2] <- nu\_juv\_avg
nu\_juv[3] <- nu\_juv\_avg

rho\_poutes~dbeta(2,2)
#=====
# 3.3 Number of juveniles 0+ returning in the Allier river for a given year
#=====
# 0+ Juvenile returning in the Allier for a given year
# and originating from the 3 areas of interest
for (t in 7:T+20){
  Juv\_tot[t,1] <- (1/3) * Juv[t-3,1] + (1/3) * Juv[t-4,1] + (1/3) * Juv[t-5,1]
  Juv\_tot[t,2] <- (1/3) * Juv[t-3,2] + (1/3) * Juv[t-4,2] + (1/3) * Juv[t-5,2]
}
for (t in 1:15){
  Juv\_tot[t,3]<-0
}
for (t in 16:16){
  Juv\_tot[t,3] <- (1/3) * Juv[t-3,3]
}
for (t in 17:17){
  Juv\_tot[t,3] <- (1/3) * Juv[t-3,3] + (1/3) * Juv[t-4,3]
}
for (t in 18:T+20){
  Juv\_tot[t,3] <- (1/3) * Juv[t-3,3] + (1/3) * Juv[t-4,3] + (1/3) * Juv[t-5,3]
}
for (t in 7:15){
  Juv\_tot\_system[t] <- Juv\_tot[t,1]+Juv\_tot[t,2]
}
for (t in 16:T+20){
  Juv\_tot\_system[t] <- Juv\_tot[t,1]+Juv\_tot[t,2] +rho\_poutes*Juv\_tot[t,3]
}
#dd\_returns~dnorm(0,0.01)-->n'existe pas par la suite

#=====
# 3.4 Probability of passing at Vichy, Langeac and Poutes
#=====
# incorporating the effect that probability of passing at Langeac and Poutes is
conditioned by the amount of juvenile produced

#Probability to reach Vichy if not catch downstream
p\_reach\_V~dbeta(2,1)
for (t in 1:T){
  C\_dwn\_reach[t] <- p\_reach\_V * C\_dwn[t]

```

```

  tot\_C[t] <-round( C\_dwn\_reach[t] + C\_up[t])
}
for (t in 1:6){
  min\_N\_1[t]<- tot\_C[t] + S\_stocking[t]+2
  N[t,1]~dlnorm(6.9,0.0453)I(min\_N\_1[t],15000)
}

# For Langeac et Poutes : filter:
# if negative : fish returning in smaller proportion than what was expected
regarding juvenile production
# if positive : fish returning in higher proportion than what was expected
regarding juvenile production
adjust\_p\_L ~ dnorm(0,0.01)
adjust\_p\_P ~ dnorm(0,0.01)
rho\_station~dbeta(2,2)

for (t in 1:T+20){
  for (i in 1:3){
    ratio\_habitat[t,i] <- S\_juv\_JP[t,i] /(
S\_juv\_JP[t,1]+S\_juv\_JP[t,2]+S\_juv\_JP[t,3])
  }
}

for (t in 1:4){
  ratio\_juv\_prod\_V[t] <-1 - ratio\_juv\_prod\_L[t]

  ratio\_juv\_prod\_L[t]~dbeta(2,2)
  ratio\_juv\_L[t]<- rho\_station * (ratio\_habitat[t,2] / (1 -
ratio\_habitat[t,3] ) ) + (1 - rho\_station) * ratio\_juv\_prod\_L[t]
  L\_ratio\_juv\_L[t] <- logit(ratio\_juv\_L[t])
  L\_mu\_p\_langeac[t]<-L\_ratio\_juv\_L[t] + adjust\_p\_L
  L\_p\_langeac[t]~dnorm(L\_mu\_p\_langeac[t],tau\_p\_langeac)
  res\_p\_langeac[t] <- L\_p\_langeac[t] - L\_mu\_p\_langeac[t]
}
for (t in 5:5){
  ratio\_juv\_prod\_V[t] <-1 - ratio\_juv\_prod\_L[t]

  ratio\_juv\_prod\_L[t] <- Juv[t-3,2] / ( Juv[t-3,1] + Juv[t-3,2] )
  ratio\_juv\_L[t]<- rho\_station * (ratio\_habitat[t,2] / (1 -
ratio\_habitat[t,3] ) ) + (1 - rho\_station) * ratio\_juv\_prod\_L[t]
  L\_ratio\_juv\_L[t] <- logit(ratio\_juv\_L[t])
  L\_mu\_p\_langeac[t]<-L\_ratio\_juv\_L[t]+ adjust\_p\_L
  L\_p\_langeac[t]~dnorm(L\_mu\_p\_langeac[t],tau\_p\_langeac)
  res\_p\_langeac[t] <- L\_p\_langeac[t] - L\_mu\_p\_langeac[t]
}
for (t in 6:6){
  ratio\_juv\_prod\_V[t] <-1 - ratio\_juv\_prod\_L[t]

  ratio\_juv\_prod\_L[t] <- (Juv[t-3,2] + Juv[t-4,2] ) / ( Juv[t-3,1] + Juv[t-
4,1] + Juv[t-3,2] +Juv[t-4,2] )
  ratio\_juv\_L[t]<- rho\_station * (ratio\_habitat[t,2] / (1 -
ratio\_habitat[t,3] ) ) + (1 - rho\_station) * ratio\_juv\_prod\_L[t]
  L\_ratio\_juv\_L[t] <- logit(ratio\_juv\_L[t])
  L\_mu\_p\_langeac[t]<-L\_ratio\_juv\_L[t]+ adjust\_p\_L
  L\_p\_langeac[t]~dnorm(L\_mu\_p\_langeac[t],tau\_p\_langeac)

```

```

    res\p\langeac[t] <- L\p\langeac[t] - L\mu\p\langeac[t]
  }
  for (t in 7:11){
    ratio\juv\prod_V[t] <-1 - ratio\juv\prod_L[t]

    ratio\juv\prod_L[t] <- Juv\tot[t,2] / ( Juv\tot[t,1] + Juv\tot[t,2] )
    ratio\juv_L[t]<- rho_station * (ratio\habitat[t,2] / (1 -
ratio\habitat[t,3] )) + (1 - rho_station) * ratio\juv\prod_L[t]
    L\ratio\juv_L[t] <- logit(ratio\juv_L[t])
    L\mu\p\langeac[t]<-L\ratio\juv_L[t]+ adjust\p\L
    L\p\langeac[t]~dnorm(L\mu\p\langeac[t],tau\p\langeac)
    res\p\langeac[t] <- L\p\langeac[t] - L\mu\p\langeac[t]
  }
  for (t in 12:15){
    ratio\juv\prod_V[t] <-1 - ratio\juv\prod_L[t]

    ratio\juv\prod_L[t] <- Juv\tot[t,2] / ( Juv\tot[t,1] + Juv\tot[t,2] )
    ratio\juv_L[t]<- rho_station * (ratio\habitat[t,2]+ratio\habitat[t,3]) +
(1 - rho_station) * ratio\juv\prod_L[t]
    L\ratio\juv_L[t] <- logit(ratio\juv_L[t])
    L\mu\p\langeac[t]<-L\ratio\juv_L[t]+ adjust\p\L
    L\p\langeac[t]~dnorm(L\mu\p\langeac[t],tau\p\langeac)
    res\p\langeac[t] <- L\p\langeac[t] - L\mu\p\langeac[t]

    ratio\juv\prod_P[t] <- 0
    ratio\juv_P[t]<- rho_station * (S\juv_JP[t,3] / (S\juv_JP[t,2] +
S\juv_JP[t,3])) + (1 - rho_station) * ratio\juv\prod_P[t]
    L\ratio\juv_P[t] <- logit(ratio\juv_P[t])
    L\mu\p\poutes[t]<-L\ratio\juv_P[t] + adjust\p\P
    L\p\poutes[t]~dnorm(L\mu\p\poutes[t],tau\p\poutes)
    res\p\poutes[t] <- L\p\poutes[t] - L\mu\p\poutes[t]
  }
  for (t in 16:T){
    ratio\juv\prod_V[t] <-1 - ratio\juv\prod_L[t]

    ratio\juv\prod_L[t] <- (Juv\tot[t,2] + Juv\tot[t,3]) / ( Juv\tot[t,1] +
Juv\tot[t,2] + Juv\tot[t,3] )
    ratio\juv_L[t]<- rho_station * (ratio\habitat[t,2]+ratio\habitat[t,3]) +
(1 - rho_station) * ratio\juv\prod_L[t]
    L\ratio\juv_L[t] <- logit(ratio\juv_L[t])
    L\mu\p\langeac[t]<-L\ratio\juv_L[t]+ adjust\p\L
    L\p\langeac[t]~dnorm(L\mu\p\langeac[t],tau\p\langeac)
    res\p\langeac[t] <- L\p\langeac[t] - L\mu\p\langeac[t]

    ratio\juv\prod_P[t] <- Juv\tot[t,3] / ( Juv\tot[t,2] + Juv\tot[t,3] )
    ratio\juv_P[t]<- rho_station * (S\juv_JP[t,3] / (S\juv_JP[t,2] +
S\juv_JP[t,3])) + (1 - rho_station) * ratio\juv\prod_P[t]
    L\ratio\juv_P[t] <- logit(ratio\juv_P[t])
    L\mu\p\poutes[t]<-L\ratio\juv_P[t]+ adjust\p\P
    L\p\poutes[t]~dnorm(L\mu\p\poutes[t],tau\p\poutes)
    res\p\poutes[t] <- L\p\poutes[t] - L\mu\p\poutes[t]
  }

#=====
# 3.5 Simulation for the 20 next years

```

```

#=====
#-----
# 3.5.1 Cut of all the parameters
#-----
rho_station\cut <- cut(rho_station)
adjust\p\L\cut <- cut(adjust\p\L)
adjust\p\P\cut <- cut(adjust\p\P)
tau\p\langeac\cut <- cut(tau\p\langeac)
tau\p\poutes\cut <- cut(tau\p\poutes)
#-----
# 3.5.2 Simulations
#-----
for (t in T+1:T+20){

    ratio\juv\prod_V[t] <-1 - ratio\juv\prod_L[t]
    ratio\juv\prod_L[t] <- (Juv\tot[t,2] + Juv\tot[t,3]) / ( Juv\tot[t,1] +
Juv\tot[t,2] + Juv\tot[t,3] )
    ratio\juv_L[t]<- rho_station\cut *
(ratio\habitat[t,2]+ratio\habitat[t,3]) + (1 - rho_station\cut) *
ratio\juv\prod_L[t]
    L\ratio\juv_L[t] <- logit(ratio\juv_L[t])
    L\mu\p\langeac[t]<-L\ratio\juv_L[t]+ adjust\p\L\cut
    L\p\langeac[t]~dnorm(L\mu\p\langeac[t],tau\p\langeac\cut)
    res\p\langeac[t] <- L\p\langeac[t] - L\mu\p\langeac[t]

    ratio\juv\prod_P[t] <- Juv\tot[t,3] / ( Juv\tot[t,2] + Juv\tot[t,3] )
    ratio\juv_P[t]<- rho_station\cut * (S\juv_JP[t,3] / (S\juv_JP[t,2] +
S\juv_JP[t,3])) + (1 - rho_station\cut) * ratio\juv\prod_P[t]
    L\ratio\juv_P[t] <- logit(ratio\juv_P[t])
    L\mu\p\poutes[t]<-L\ratio\juv_P[t]+ adjust\p\P\cut
    L\p\poutes[t]~dnorm(L\mu\p\poutes[t],tau\p\poutes\cut)
    res\p\poutes[t] <- L\p\poutes[t] - L\mu\p\poutes[t]
  }

#####
# SECONDE PART #
#####

#####
# 1. LOOP FOR YEARS (only downstream Poutès) #
#####
for (t in 1:11){
#=====
# 1.1 Redd/Spawners part
#=====
logit(p\langeac[t])<- L\p\langeac[t]
max\N\langeac[t]<- N\corrected[t] - 1 #N[t,1] - S\stocking[t] - 1
#without fish caught for breeding or rod catches
N\corrected[t] <- N[t,1] - tot\C[t] - S\stocking[t] #

N[t,2]~dbin(p\langeac[t],N\corrected[t])
#~dnorm(mu\N\L[t],tau\N\L[t])I(min\L[t],max\N\langeac[t]) #N[t,1])
##

```

```

#-----
#1.1.1 Number of potential spawners
#-----
S_ts[t,1]<- max( N[t,1] - tot_C[t] - S_stocking[t] - N[t,2] ,1)
S_ts[t,2]<- max(N[t,2],1)
ratio_S[t,1] <- S_ts[t,1] / ( S_ts[t,1] + S_ts[t,2] )
ratio_S[t,2] <- S_ts[t,2] / ( S_ts[t,1] + S_ts[t,2] )

#=====
# 1.2 Loop for zones (1= Vichy-Langeac, 2= Langeac-Poutès, 3= upstream Poutès)
#=====
for (i in 1:2){
  #-----
  # 1.2.1 Redd/Spawners part
  #-----
  #.....
  # 1.2.1.1 estimation of the spawners
  #.....
  R[t,i] ~dpois(lambda[t,i])
  lambda[t,i] <- S_ts[t,i] *zone_effect[t,i] * hel_effect[1] *p_area[t,i]

  #residus calculés pour êtres centrés sur 0 avec varaince homogene
  res_R[t,i]<-(R[t,i]-lambda[t,i])/sqrt(lambda[t,i])
  #.....
  # 1.2.1.2 Cut of all parameters
  #.....
  lambda_cut[t,i]<-cut(lambda[t,i])
  R_rep[t,i]~dpois(lambda_cut[t,i])
  #-----
  # 1.2.2 Juvenile production
  #-----
  # I_juv_moy = indicator for stocking of 0+ or not
  # I_egg_moy = indicator for stocking of eggs or not
  #d_tot_moy without taking into account area for the stocked juveniles (data
only from year 31)
  d_tot_moy[t+1,i] <- d_wild_moy[t+1,i] + I_juv_moy[t+1,i] *
d_juv_moy[t+1,i]
  Juv[t+1,i] <- d_tot_moy[t+1,i]*S_juv_JP[t+1,i]
  #.....
  # 1.2.2.1 Wild component
  #.....
  log(d_wild_moy[t+1,i]) <- L_d_wild_moy[t+1,i]
  L_d_wild_moy[t+1,i] ~ dnorm(L_mu_d_wild[t+1,i],tau_wild_moy)I(-
6.91,1.09)
  L_mu_d_wild[t+1,i] <- log((S_ts[t,i]/S_juv_JP[t,i]) / (alpha_dd +
beta_dd * (S_ts[t,i]/S_juv_JP[t,i]))) + nu_wild[i]
  res_wild_moy[t+1,i] <- L_d_wild_moy[t+1,i] - L_mu_d_wild[t+1,i]
  #.....
  # 1.2.2.2 stocked juvenile component
  #.....
  log(d_juv_moy[t+1,i]) <- L_d_juv_moy[t+1,i]
  L_d_juv_moy[t+1,i] ~ dnorm(L_mu_d_juv[t+1,i],tau_juv_moy[
I_juv_moy[t+1,i]+1])I(-6.91,1.09) #<- L_mu_d_juv[t+1,i] #

```

```

Rmax_juv_temp[t+1,i] <- ( Rmax - ((S_ts[t,i]/S_juv_JP[t,i]) /
(alpha_dd + beta_dd * (S_ts[t,i]/S_juv_JP[t,i]))) ) * exp(nu_wild[i])
Rmax_juv[t+1,i] <- max(Rmax_juv_temp[t+1,i] , 0.00001)
beta_dd_juv[t+1,i] <- 1 / Rmax_juv[t+1,i]
L_mu_d_juv[t+1,i] <- I_juv_moy[t+1,i] * log(
(stock_juv[t+1,i]/S_juv_JP[t+1,i]) / (alpha_dd_juv/exp(nu_wild[i]) +
beta_dd_juv[t+1,i] * (stock_juv[t+1,i]/S_juv_JP[t+1,i]))) #+ (1 -
I_juv_moy[t+1,i]) * 0
res_juv_moy[t+1,i] <- L_d_juv_moy[t+1,i] - L_mu_d_juv[t+1,i]
# getting out of the zone loop, one loop for each zones and the local
densitie
# to avoid using 3 dimensions matrix
}
#-----
# 1.2.3 Successive removal fisheries
#-----
# I_site_juv_V/L/P = indicator for presence/absence of stocking on the site

# loop for sites with successive removal EF (DE LURY)

#.....
# 1.2.3.1 zone 1 : Vichy Langeac

#.....
for (k in 1:J[t+1,1]){
  d_V[t+1,k]<- d_wild_V[t+1,k] + I_site_juv_V[t+1,k] * d_juv_V[t+1,k]
  log(d_wild_V[t+1,k])<-L_d_wild_V[t+1,k]
  L_d_wild_V[t+1,k] ~ dnorm( L_d_wild_moy[t+1,1] , tau_wild_site)I(-
6.91,1.09)
  log(d_juv_V[t+1,k]) <- L_d_juv_V[t+1,k]
  L_d_juv_V[t+1,k] ~ dnorm( L_d_juv_moy[t+1,1] , tau_juv_site[
I_site_juv_V[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

  lambda_N_V[t+1,k]<-d_V[t+1,k]*S_depl_V[t+1,k]
  #Abundance follows a Poisson distribution
  N_tot_V[t+1,k]~dpois(lambda_N_V[t+1,k])

  L_p_V[t+1,k]~dnorm(L_mu_p_cut,L_tau_p_cut)
  logit(p_V[t+1,k]) <-L_p_V[t+1,k]

  C_1_V[t+1,k]~dbin(p_V[t+1,k],N_tot_V[t+1,k])
  N_1_V[t+1,k]<-N_tot_V[t+1,k]-C_1_V[t+1,k]
  #not all sites have 2 pass, this vector show which sites does
  for (h in 1:pass_2_V[t+1,k]){
    C_2_V[t+1,k]~dbin(p_V[t+1,k],N_1_V[t+1,k])
    N_2_V[t+1,k]<-N_1_V[t+1,k]-C_2_V[t+1,k]
  }
}
#.....
# 1.2.3.2 zone 2 : Langeac Poutes

#.....
for (k in 1:J[t+1,2]){
  d_L[t+1,k]<- d_wild_L[t+1,k] + I_site_juv_L[t+1,k] * d_juv_L[t+1,k]
  log(d_wild_L[t+1,k])<-L_d_wild_L[t+1,k]

```

```

L_d_wild_L[t+1,k] ~ dnorm( L_d_wild_moy[t+1,2] , tau_wild_site)I(-
6.91,1.09)
log(d_juv_L[t+1,k]) <- L_d_juv_L[t+1,k]
L_d_juv_L[t+1,k] ~ dnorm( L_d_juv_moy[t+1,2] , tau_juv_site[
I_site_juv_L[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

lambda_N_L[t+1,k]<-d_L[t+1,k]*S_depl_L[t+1,k]
#Abundance follows a Poisson distribution
N_tot_L[t+1,k]~dpois(lambda_N_L[t+1,k])

L_p_L[t+1,k]~dnorm(L_mu_p_cut,L_tau_p_cut)
logit(p_L[t+1,k]) <-L_p_L[t+1,k]

C_1_L[t+1,k]~dbin(p_L[t+1,k],N_tot_L[t+1,k])
N_1_L[t+1,k]<-N_tot_L[t+1,k]-C_1_L[t+1,k]
#not all sites have 2 pass, this vector show which sites does
for (h in 1:pass_2_L[t+1,k]){
  C_2_L[t+1,k]~dbin(p_L[t+1,k],N_1_L[t+1,k])
  N_2_L[t+1,k]<-N_1_L[t+1,k]-C_2_L[t+1,k]
  #not all sites have 3 pass, this vector show which sites does
  for (m in 1:pass_3_L[t+1,k]){
    C_3_L[t+1,k]~dbin(p_L[t+1,k],N_2_L[t+1,k])
  }
}
}
}

```

```

#####
###
# 2. LOOP FOR YEARS (all zones mais pas encore de juvéniles à Poutès - seulement en
année T=16) #

```

```

#####
###

```

```

for (t in 12:22){
  #=====
  # 2.1 Redd/Spawners part
  #=====
  logit(p_langeac[t])<- L_p_langeac[t]
  logit(p_poutes[t])<- L_p_poutes[t]
  pool_juv[t]<-s_juv2ad * Juv_tot_system[t] + s_smolt * (0.5 *
smolts_tot[t+1] + 0.5 * smolts_tot[t] )
  L_mu_Vichy_nm[t]<-log(s_juv2ad * Juv_tot_system[t] + s_smolt * (0.5 *
smolts_tot[t+1] + 0.5 * smolts_tot[t] )) + level_s * I_surv[t]
  mean_V_surv[t] <- s_juv2ad * exp(level_s * I_surv[t])

```

```

min_N_1[t]<-max(N[t,3]+2,tot_C[t] +2)+S_stocking[t]
N[t,1]~dlnorm(L_mu_Vichy_nm[t],tau_vichy)I(min_N_1[t],15000)
#without fish caught for breeding or rod catches
N_corrected[t] <- N[t,1] - tot_C[t] - S_stocking[t]
res_Vichy[t] <- log(N[t,1]) - L_mu_Vichy_nm[t]

max_N_langeac[t]<- N_corrected[t] - 1      #N[t,1] - S_stocking[t]-1

```

```

min_N_P[t]<-max(min_N_L[t], N[t,3]+1) #      max(N[t,3]+1 , min_N_L[t])
N[t,2]~dbin(p_langeac[t],N_corrected[t])I(min_N_P[t],)
#~dnorm(mu_N_L[t],tau_N_L[t])I(min_N_P[t],max_N_langeac[t]) #      #

```

```

max_N_poutes[t]<-N[t,2]-1
N[t,3]~dbin(p_poutes[t],N[t,2])
#~dnorm(mu_N_P[t],tau_N_P[t])I(1,max_N_poutes[t]) ##
#-----
# 2.1.1 Number of potential spawners
#-----
mu_S_ts[t,1]<- N[t,1] - N[t,2] - S_stocking[t]
mu_S_ts[t,2]<- N[t,2]-N[t,3]
test[t]<-mu_S_ts[t,1]-S_ts[t,1]

```

```

S_ts[t,1]<- max(N[t,1] - N[t,2] - S_stocking[t] - tot_C[t] ,1)
#~dnorm(mu_S_ts[t,1],1)I(0.001,) #
S_ts[t,2]<- max( N[t,2]-N[t,3],1) #~dnorm(mu_S_ts[t,2],1) #
S_ts[t,3]<-max( N[t,3],1)
ratio_S[t,1] <- S_ts[t,1] / ( S_ts[t,1] + S_ts[t,2] + S_ts[t,3])
ratio_S[t,2] <- S_ts[t,2] / ( S_ts[t,1] + S_ts[t,2] + S_ts[t,3])
ratio_S[t,3] <- S_ts[t,3] / ( S_ts[t,1] + S_ts[t,2] + S_ts[t,3])

```

```

=====
# 2.2 Loop for zones (1= Vichy-Langeac, 2= Langeac-Poutès, 3= upstream Poutès)
=====

```

```

for (i in 1:3){
  #-----
  # 2.2.1 Redd/Spawners part
  #-----
  #.....
  # 2.2.1.1 estimation of the spawners
  #.....
  R[t,i]~dpois(lambda[t,i])
  lambda[t,i] <- S_ts[t,i] *zone_effect[t,i]* hel_effect[1] *p_area[t,i]
  res_R[t,i]<-(R[t,i]-lambda[t,i])/sqrt(lambda[t,i])
  #.....
  # 2.2.1.2 Cut of all parameters
  #.....
  lambda_cut[t,i]<-cut(lambda[t,i])
  R_rep[t,i]~dpois(lambda_cut[t,i])

```

```

  #S_counter[t,i]<-R[t,i] / (zone_effect[t,i] *p_area[t,i])
  #chisq_disc_R[t,i]<- (R[t,i]-lambda[t,i]) * (R[t,i]-lambda[t,i]) /
(lambda[t,i])
  #chisq_disc_R_rep[t,i]<- (R_rep[t,i]-lambda[t,i]) * (R_rep[t,i]-
lambda[t,i]) / (lambda[t,i])
  #-----
  # 2.2.2 Juvenile production
  #-----
  # I_juv_moy = indicator for stocking of 0+ or not
  # I_egg_moy = indicator for stocking of eggs or not
  #d_tot_moy without taking into account area for the stocked juveniles (data
only from year 31)

```

```

d_tot_moy[t+1,i] <- d_wild_moy[t+1,i] + I_juv_moy[t+1,i] *
d_juv_moy[t+1,i] + I_egg_moy[t+1,i] * d_egg_moy_surf[t+1,i]
Juv[t+1,i] <- d_tot_moy[t+1,i]*S_juv_JP[t+1,i]
d_egg_moy_surf[t+1,i] <- d_egg_moy[t+1,i]
#.....
# 2.2.2.1 Wild component
#.....
log(d_wild_moy[t+1,i]) <- L_d_wild_moy[t+1,i]
L_d_wild_moy[t+1,i] ~ dnorm(L_mu_d_wild[t+1,i],tau_wild_moy)I(-
6.91,1.09) #<- L_mu_d_wild[t+1,i] #
L_mu_d_wild[t+1,i] <- log((S_ts[t,i]/S_juv_JP[t,i]) / (alpha_dd +
beta_dd * (S_ts[t,i]/S_juv_JP[t,i]))) + nu_wild[i]
res_wild_moy[t+1,i] <- L_d_wild_moy[t+1,i] - L_mu_d_wild[t+1,i]
#.....
# 2.2.2.2 stocked juvenile component
#.....
log(d_juv_moy[t+1,i]) <- L_d_juv_moy[t+1,i]
L_d_juv_moy[t+1,i] ~ dnorm(L_mu_d_juv[t+1,i],tau_juv_moy[
I_juv_moy[t+1,i]+1])I(1.09)
# We recalculate the Rmax "available" to stocked 0+ by subtracting wild 0+
density and stocked eggs density
# to the total Rmax of the density dependence relationship
Rmax_juv_temp[t+1,i] <- ( Rmax - ((S_ts[t,i]/S_juv_JP[t,i]) /
(alpha_dd + beta_dd * (S_ts[t,i]/S_juv_JP[t,i]))) ) * exp(nu_wild[i])
Rmax_juv[t+1,i] <- max( Rmax_juv_temp[t+1,i] , 0.00001)
beta_dd_juv[t+1,i] <- 1 / Rmax_juv[t+1,i]
L_mu_d_juv[t+1,i] <- I_juv_moy[t+1,i] * log(
(stock_juv[t+1,i]/S_juv_JP[t+1,i]) / (alpha_dd_juv/exp(nu_wild[i]) +
beta_dd_juv[t+1,i]*(stock_juv[t+1,i]/S_juv_JP[t+1,i])))
res_juv_moy[t+1,i] <- L_d_juv_moy[t+1,i] - L_mu_d_juv[t+1,i]
#.....
# 2.2.2.3 stocked egg component
#.....
log(d_egg_moy[t+1,i]) <- L_d_egg_moy[t+1,i]
L_d_egg_moy[t+1,i] ~ dnorm(L_mu_d_egg[t+1,i],tau_egg_moy[
I_egg_moy[t+1,i] +1])I(-6.91,1.09) #
res_egg_moy[t+1,i] <- L_d_egg_moy[t+1,i] - L_mu_d_egg[t+1,i]

# I_egg_unit = indicator of presence of incubators or not: only zone 1 and
2 concerned
# I_egg_VL = indicator for incubators in zone 1
# I_egg_LP = indicator for incubators in zone 2
# I_list_inc = indicator for each incubators loaded or not
L_mu_d_egg[t+1,i] <- equals(i,1) *
log(
(1- I_egg_moy[t+1,1]) +
(s_egg * ((stock_egg[t+1,1] + stock_egg[t+1,2] +
stock_egg[t+1,3] + stock_egg[t+1,4]) / S_juv_JP[t+1,1] ))
)
+
equals(i,2) *
log(
(1- I_egg_moy[t+1,2]) +

```

```

(s_egg * ((stock_egg[t+1,5] +stock_egg[t+1,6]) /
S_juv_JP[t+1,2] ))
)
# getting out of the zone loop, one loop for each zones and the local
densitie
# to avoid using 3 dimensions matrix
}
#-----
# 2.2.3 Successive removal fisheries
#-----
# I_site_juv_V/L/P = indicator for presence/absence of stocking on the site

# loop for sites with successive removal EF

#.....
# 2.2.3.1 zone 1 : Vichy Langeac

#.....
for (k in 1:J[t+1,1]){
d_V[t+1,k] <- d_wild_V[t+1,k] + I_site_juv_V[t+1,k] * d_juv_V[t+1,k]
log(d_wild_V[t+1,k]) <- L_d_wild_V[t+1,k]
L_d_wild_V[t+1,k] ~ dnorm( L_d_wild_moy[t+1,1] , tau_wild_site)I(-
6.91,1.09)

log(d_juv_V[t+1,k]) <- L_d_juv_V[t+1,k]
L_d_juv_V[t+1,k] ~ dnorm( L_d_juv_moy[t+1,1] ,
tau_juv_site[I_site_juv_V[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

lambda_N_V[t+1,k] <- d_V[t+1,k]*S_depl_V[t+1,k]
#Abundance follows a Poisson distribution
N_tot_V[t+1,k] ~ dpois(lambda_N_V[t+1,k])

L_p_V[t+1,k] ~ dnorm(L_mu_p_cut, L_tau_p_cut)
logit(p_V[t+1,k]) <- L_p_V[t+1,k]

C_1_V[t+1,k] ~ dbin(p_V[t+1,k], N_tot_V[t+1,k])
N_1_V[t+1,k] <- N_tot_V[t+1,k] - C_1_V[t+1,k]
#not all sites have 2 pass, this vector show which sites does
for (h in 1:pass_2_V[t+1,k]){
C_2_V[t+1,k] ~ dbin(p_V[t+1,k], N_1_V[t+1,k])
N_2_V[t+1,k] <- N_1_V[t+1,k] - C_2_V[t+1,k]
}
}
#.....
# 2.2.3.2 zone 2 : Langeac Poutes

#.....
for (k in 1:J[t+1,2]){
d_L[t+1,k] <- d_wild_L[t+1,k] + I_site_juv_L[t+1,k] * d_juv_L[t+1,k]
log(d_wild_L[t+1,k]) <- L_d_wild_L[t+1,k]
L_d_wild_L[t+1,k] ~ dnorm( L_d_wild_moy[t+1,2] , tau_wild_site)I(-
6.91,3)

log(d_juv_L[t+1,k]) <- L_d_juv_L[t+1,k]

```

```

L_d_juv_L[t+1,k] ~ dnorm( L_d_juv_moy[t+1,2] , tau_juv_site[
I_site_juv_L[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

lambda_N_L[t+1,k]<-d_L[t+1,k]*S_depl_L[t+1,k]
#Abundance follows a Poisson distribution
N_tot_L[t+1,k]~dpois(lambda_N_L[t+1,k])

L_p_L[t+1,k]~dnorm(L_mu_p_cut,L_tau_p_cut)
logit(p_L[t+1,k]) <-L_p_L[t+1,k]

C_1_L[t+1,k]~dbin(p_L[t+1,k],N_tot_L[t+1,k])
N_1_L[t+1,k]<-N_tot_L[t+1,k]-C_1_L[t+1,k]
#not all sites have 2 pass, this vector show which sites does
for (h in 1:pass_2_L[t+1,k]){
  C_2_L[t+1,k]~dbin(p_L[t+1,k],N_1_L[t+1,k])
  N_2_L[t+1,k]<-N_1_L[t+1,k]-C_2_L[t+1,k]
  #not all sites have 2 pass, this vector show which sites does
  for (m in 1:pass_3_L[t+1,k]){
    C_3_L[t+1,k]~dbin(p_L[t+1,k],N_2_L[t+1,k])
  }
}
}
#.....
# 2.2.3.3 zone 3 : upstream Poutes
#.....
for (k in 1:J[t+1,3]){
  d_P[t+1,k]<- d_wild_P[t+1,k] + I_site_juv_P[t+1,k] * d_juv_P[t+1,k]
  log(d_wild_P[t+1,k])<-L_d_wild_P[t+1,k]
  L_d_wild_P[t+1,k] ~ dnorm( L_d_wild_moy[t+1,3] , tau_wild_site)I(-
6.91,1.09)

  log(d_juv_P[t+1,k]) <- L_d_juv_P[t+1,k]
  L_d_juv_P[t+1,k] ~ dnorm( L_d_juv_moy[t+1,3] , tau_juv_site[
I_site_juv_P[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

  lambda_N_P[t+1,k]<-d_P[t+1,k]*S_depl_P[t+1,k]
  #Abundance follows a Poisson distribution
  N_tot_P[t+1,k]~dpois(lambda_N_P[t+1,k])

  L_p_P[t+1,k]~dnorm(L_mu_p_cut,L_tau_p_cut)
  logit(p_P[t+1,k]) <-L_p_P[t+1,k]

  C_1_P[t+1,k]~dbin(p_P[t+1,k],N_tot_P[t+1,k])
  N_1_P[t+1,k]<-N_tot_P[t+1,k]-C_1_P[t+1,k]
  #not all sites have 2 pass, this vector show which sites does
  for (h in 1:pass_2_P[t+1,k]){
    C_2_P[t+1,k]~dbin(p_P[t+1,k],N_1_P[t+1,k])
    N_2_P[t+1,k]<-N_1_P[t+1,k]-C_2_P[t+1,k]
  }
}
}
#-----
# 2.2.4 5 min IA fisheries
#-----
#.....
# 2.2.4.1 zone 1 : Vichy Langeac

```

```

#.....
for (k in 1:K[t+1,1]){
  d_V[t+1,k]<- d_wild_V[t+1,k] + I_site_juv_V[t+1,k] * d_juv_V[t+1,k]
+ I_site_egg_V[t+1,k] * d_egg_V[t+1,k]
  log(d_wild_V[t+1,k])<-L_d_wild_V[t+1,k]
  L_d_wild_V[t+1,k] ~ dnorm( L_d_wild_moy[t+1,1] , tau_wild_site)I(-
6.91,3)

  log(d_juv_V[t+1,k]) <- L_d_juv_V[t+1,k]
  L_d_juv_V[t+1,k] ~ dnorm( L_d_juv_moy[t+1,1] , tau_juv_site[
I_site_juv_V[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

  log(d_egg_V[t+1,k]) <- L_d_egg_V[t+1,k]
  L_d_egg_moy_V_inc[t+1,k]<- I_site_egg_V[t+1,k] * (
L_d_egg_moy[t+1,1] + log( S_juv_JP[t+1,1]) - log(S_inc_JP[t+1,1]) )
  L_d_egg_V[t+1,k] ~ dnorm( L_d_egg_moy_V_inc[t+1,k] ,
tau_egg_site[I_site_egg_V[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

  #5minute EF part
  lambda_IA_V[t+1,k]<-kappa_cut*d_V[t+1,k]
  #kappa_cut*pow(d_V[t+1,k],eta_cut)
  EF_IA_V[t+1,k]~dpois(lambda_IA_V[t+1,k])
}
#.....
# 2.2.4.2 zone 2 : Langeac Poutes
#.....
for (k in 1:K[t+1,2]){
  d_L[t+1,k]<- d_wild_L[t+1,k] + I_site_juv_L[t+1,k] * d_juv_L[t+1,k]
+ I_site_egg_L[t+1,k] * d_egg_L[t+1,k]
  log(d_wild_L[t+1,k])<-L_d_wild_L[t+1,k]
  L_d_wild_L[t+1,k] ~ dnorm( L_d_wild_moy[t+1,2] , tau_wild_site)I(-
6.91,1.09)

  log(d_juv_L[t+1,k]) <- L_d_juv_L[t+1,k]
  L_d_juv_L[t+1,k] ~ dnorm( L_d_juv_moy[t+1,2] , tau_juv_site[
I_site_juv_L[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

  log(d_egg_L[t+1,k]) <- L_d_egg_L[t+1,k]
  L_d_egg_moy_L_inc[t+1,k]<- I_site_egg_L[t+1,k] * (
L_d_egg_moy[t+1,2] + log( S_juv_JP[t+1,2]) - log(S_inc_JP[t+1,2]) )
  L_d_egg_L[t+1,k] ~ dnorm( L_d_egg_moy_L_inc[t+1,k] ,
tau_egg_site[I_site_egg_L[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

  #5minute EF part
  lambda_IA_L[t+1,k]<-kappa_cut*d_L[t+1,k]
  #kappa_cut*pow(d_L[t+1,k],eta_cut)
  EF_IA_L[t+1,k]~dpois(lambda_IA_L[t+1,k])
}
#.....
# 2.2.4.3 zone 3 : upstream Poutes
#.....
for (k in 1:K[t+1,3]){
  d_P[t+1,k]<- d_wild_P[t+1,k] + I_site_juv_P[t+1,k] * d_juv_P[t+1,k]

```

```

log(d_wild_P[t+1,k])<-L_d_wild_P[t+1,k]
L_d_wild_P[t+1,k] ~ dnorm( L_d_wild_moy[t+1,3] , tau_wild_site)I(-
6.91,1.09)

log(d_juv_P[t+1,k]) <- L_d_juv_P[t+1,k]
L_d_juv_P[t+1,k] ~ dnorm( L_d_juv_moy[t+1,3] , tau_juv_site[
I_site_juv_P[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

#5minute EF part
lambda_IA_P[t+1,k]<-kappa_cut*d_P[t+1,k]
#kappa_cut*pow(d_P[t+1,k],eta_cut)
EF_IA_P[t+1,k]~dpois(lambda_IA_P[t+1,k])
}
}

#####
# 3. Change in redd count methodology #
#####
for (t in 23:30){
#=====
# 3.1 Redd/Spawners part
#=====
logit(p_langeac[t])<- L_p_langeac[t]
logit(p_poutes[t])<- L_p_poutes[t]
pool_juv[t]<-s_juv2ad * Juv_tot_system[t] + s_smolt * (0.5 *
smolts_tot[t+1] + 0.5 * smolts_tot[t] )
L_mu_Vichy_nm[t]<-log(s_juv2ad * Juv_tot_system[t] + s_smolt * (0.5 *
smolts_tot[t+1] + 0.5 * smolts_tot[t] )) + level_s * I_surv[t]
mean_y_surv[t] <- s_juv2ad * exp(level_s * I_surv[t])

# max is only added for the year we only have a minimum figure at vichy
temp[t]<-max(tot_C[t] + S_stocking[t]+2,min_N_V[t])

min_N_1[t]<-max(N[t,3]+2,temp[t] +2)+S_stocking[t]
N[t,1]~dnorm(L_mu_Vichy_nm[t],tau_vichy)I(min_N_1[t],15000)
#without fish caught for breeding or rod catches
N_corrected[t] <- N[t,1] - tot_C[t] - S_stocking[t]
res_Vichy[t] <- log(N[t,1]) - L_mu_Vichy_nm[t]

max_N_langeac[t]<- N_corrected[t] - 1 #N[t,1] - S_stocking[t]-1
min_L_P[t]<-max(min_L[t], N[t,3]+1) # max(N[t,3]+1 , min_L[t])
N[t,2]~dbin(p_langeac[t],N_corrected[t])I(min_L_P[t],) #
~dnorm(mu_N_L[t],tau_N_L[t])I(min_L_P[t],max_N_langeac[t]) ##

max_N_poutes[t]<-N[t,2]-1
N[t,3]~dbin(p_poutes[t],N[t,2])
#~dnorm(mu_N_P[t],tau_N_P[t])I(1,max_N_poutes[t]) ##
#-----
# 3.1.1 Number of potential spawners
#-----
mu_S_ts[t,1]<- N[t,1] - N[t,2] - S_stocking[t]
mu_S_ts[t,2]<- N[t,2]-N[t,3]
test[t]<-mu_S_ts[t,1]-S_ts[t,1]

```

```

S_ts[t,1]<- max(N[t,1] - N[t,2] - S_stocking[t] - tot_C[t] ,1)
#~dnorm(mu_S_ts[t,1],1)I(0.001,) #
S_ts[t,2]<- max( N[t,2]-N[t,3],1) #~dnorm(mu_S_ts[t,2],1) #
S_ts[t,3]<-max( N[t,3],1)

ratio_S[t,1] <- S_ts[t,1] / ( S_ts[t,1] + S_ts[t,2] + S_ts[t,3])
ratio_S[t,2] <- S_ts[t,2] / ( S_ts[t,1] + S_ts[t,2] + S_ts[t,3])
ratio_S[t,3] <- S_ts[t,3] / ( S_ts[t,1] + S_ts[t,2] + S_ts[t,3])

#=====
# 3.2 Loop for zones (1= Vichy-Langeac, 2= Langeac-Poutès, 3= upstream Poutès)
#=====
for (i in 1:3){
#-----
# 3.2.1 Redd/Spawners part
#-----
#.....
# 3.2.1.1 Estimation of the spawners
#.....
R[t,i]~dpois(lambda[t,i])
lambda[t,i] <- S_ts[t,i] *zone_effect[t,i]* hel_effect[2] *p_area[t,i]
res_R[t,i]<-(R[t,i]-lambda[t,i])/sqrt(lambda[t,i])
#.....
# 3.2.1.2 Cut of all parameters
#.....
lambda_cut[t,i]<-cut(lambda[t,i])
R_rep[t,i]~dpois(lambda_cut[t,i])

#-----
# 3.2.2 Juvenile production
#-----
# I_juv_moy = indicator for stocking of 0+ or not
# I_egg_moy = indicator for stocking of eggs or not
#d_tot_moy without taking into account area for the stocked juveniles (data
only from year 31)
d_tot_moy[t+1,i] <- d_wild_moy[t+1,i] + I_juv_moy[t+1,i] *
d_juv_moy[t+1,i] + I_egg_moy[t+1,i] * d_egg_moy_surf[t+1,i]
Juv[t+1,i] <- d_tot_moy[t+1,i]*S_juv_JP[t+1,i]
d_egg_moy_surf[t+1,i] <- d_egg_moy[t+1,i]
#.....
# 3.2.2.1 Wild component
#.....
log(d_wild_moy[t+1,i]) <- L_d_wild_moy[t+1,i]
L_d_wild_moy[t+1,i] ~ dnorm(L_mu_d_wild[t+1,i],tau_wild_moy)I(-
6.91,1.09) #<- L_mu_d_wild[t+1,i] #
L_mu_d_wild[t+1,i] <- log((S_ts[t,i]/S_juv_JP[t,i]) / (alpha_dd +
beta_dd * (S_ts[t,i]/S_juv_JP[t,i]))) + nu_wild[i]
res_wild_moy[t+1,i] <- L_d_wild_moy[t+1,i] - L_mu_d_wild[t+1,i]
#.....
# 3.2.2.2 Stocked juvenile component
#.....
log(d_juv_moy[t+1,i]) <- L_d_juv_moy[t+1,i]
L_d_juv_moy[t+1,i] ~ dnorm(L_mu_d_juv[t+1,i],tau_juv_moy[
I_juv_moy[t+1,i]+1])I(,1.09)

```

```

# We recalculate the Rmax "available" to stocked 0+ by subtracting wild 0+
density and stocked eggs density
# to the total Rmax of the density dependence relationship
Rmax_juv_temp[t+1,i] <- ( Rmax - ((S_ts[t,i]/S_juv_JP[t,i]) /
(alpha_dd + beta_dd * (S_ts[t,i]/S_juv_JP[t,i]))) ) * exp(nu_wild[i])
Rmax_juv[t+1,i] <- max(Rmax_juv_temp[t+1,i] , 0.000001)
beta_dd_juv[t+1,i] <- 1 / Rmax_juv[t+1,i]
L_mu_d_juv[t+1,i] <- I_juv_moy[t+1,i] * log(
(stock_juv[t+1,i]/S_juv_JP[t+1,i]) / (alpha_dd_juv/exp(nu_wild[i]) +
beta_dd_juv[t+1,i] * (stock_juv[t+1,i]/S_juv_JP[t+1,i])))
res_juv_moy[t+1,i] <- L_d_juv_moy[t+1,i] - L_mu_d_juv[t+1,i]
#.....
# 3.2.2.3 Stocked egg component
#.....
log(d_egg_moy[t+1,i]) <- L_d_egg_moy[t+1,i]
L_d_egg_moy[t+1,i] ~ dnorm(L_mu_d_egg[t+1,i],tau_egg_moy[
I_egg_moy[t+1,i] +1])I(-6.91,1.09) #
res_egg_moy[t+1,i] <- L_d_egg_moy[t+1,i] - L_mu_d_egg[t+1,i]

# I_egg_unit = indicator of presence of incubators or not: only zone 1 and
2 concerned
# I_egg_VL = indicator for incubators in zone 1
# I_egg_LP = indicator for incubators in zone 2
# I_list_inc = indicator for each incubators loaded or not
L_mu_d_egg[t+1,i] <- equals(i,1) *
log(
(1- I_egg_moy[t+1,1]) +
(s_egg * ((stock_egg[t+1,1] + stock_egg[t+1,2] +
stock_egg[t+1,3] + stock_egg[t+1,4]) / S_juv_JP[t+1,1] ))
)
+
equals(i,2) *
log(
(1- I_egg_moy[t+1,2]) +
(s_egg * ((stock_egg[t+1,5] +stock_egg[t+1,6]) /
S_juv_JP[t+1,2] ))
)
)
# getting out of the zone loop, one loop for each zones and the local
densitie
# to avoid using 3 dimensions matrix
}
#-----
# 3.2.3 Successive removal fisheries
#-----
# I_site_juv_V/L/P = indicator for presence/absence of stocking on the site

# loop for sites with successive removal EF

#.....
# 3.2.3.1 zone 1 : Vichy Langeac

#.....
for (k in 1:J[t+1,1]){
d_V[t+1,k] <- d_wild_V[t+1,k] + I_site_juv_V[t+1,k] * d_juv_V[t+1,k]

```

```

log(d_wild_V[t+1,k]) <- L_d_wild_V[t+1,k]
L_d_wild_V[t+1,k] ~ dnorm( L_d_wild_moy[t+1,1] , tau_wild_site)I(-
6.91,1.09)

log(d_juv_V[t+1,k]) <- L_d_juv_V[t+1,k]
L_d_juv_V[t+1,k] ~ dnorm( L_d_juv_moy[t+1,1] ,
tau_juv_site[I_site_juv_V[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

lambda_N_V[t+1,k] <- d_V[t+1,k]*S_depl_V[t+1,k]
#Abundance follows a Poisson distribution
N_tot_V[t+1,k] ~ dpois(lambda_N_V[t+1,k])

L_p_V[t+1,k] ~ dnorm(L_mu_p_cut,L_tau_p_cut)
logit(p_V[t+1,k]) <- L_p_V[t+1,k]

C_1_V[t+1,k] ~ dbin(p_V[t+1,k],N_tot_V[t+1,k])
N_1_V[t+1,k] <- N_tot_V[t+1,k] - C_1_V[t+1,k]
#not all sites have 2 pass, this vector show which sites does
for (h in 1:pass_2_V[t+1,k]){
C_2_V[t+1,k] ~ dbin(p_V[t+1,k],N_1_V[t+1,k])
N_2_V[t+1,k] <- N_1_V[t+1,k] - C_2_V[t+1,k]
}
}
#.....
# 3.2.3.2 zone 2 : Langeac Poutes

#.....
for (k in 1:J[t+1,2]){
d_L[t+1,k] <- d_wild_L[t+1,k] + I_site_juv_L[t+1,k] * d_juv_L[t+1,k]
log(d_wild_L[t+1,k]) <- L_d_wild_L[t+1,k]
L_d_wild_L[t+1,k] ~ dnorm( L_d_wild_moy[t+1,2] , tau_wild_site)I(-
6.91,3)

log(d_juv_L[t+1,k]) <- L_d_juv_L[t+1,k]
L_d_juv_L[t+1,k] ~ dnorm( L_d_juv_moy[t+1,2] , tau_juv_site[
I_site_juv_L[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

lambda_N_L[t+1,k] <- d_L[t+1,k]*S_depl_L[t+1,k]
#Abundance follows a Poisson distribution
N_tot_L[t+1,k] ~ dpois(lambda_N_L[t+1,k])

L_p_L[t+1,k] ~ dnorm(L_mu_p_cut,L_tau_p_cut)
logit(p_L[t+1,k]) <- L_p_L[t+1,k]

C_1_L[t+1,k] ~ dbin(p_L[t+1,k],N_tot_L[t+1,k])
N_1_L[t+1,k] <- N_tot_L[t+1,k] - C_1_L[t+1,k]
#not all sites have 2 pass, this vector show which sites does
for (h in 1:pass_2_L[t+1,k]){
C_2_L[t+1,k] ~ dbin(p_L[t+1,k],N_1_L[t+1,k])
N_2_L[t+1,k] <- N_1_L[t+1,k] - C_2_L[t+1,k]
#not all sites have 2 pass, this vector show which sites does
for (m in 1:pass_3_L[t+1,k]){
C_3_L[t+1,k] ~ dbin(p_L[t+1,k],N_2_L[t+1,k])
}
}
}

```



```

}
#.....
# 3.2.3.3 zone 3 : upstream Poutes
#.....
for (k in 1:J[t+1,3]){
  d_P[t+1,k]<- d_wild_P[t+1,k] + I_site_juv_P[t+1,k] * d_juv_P[t+1,k]
  log(d_wild_P[t+1,k])<-L_d_wild_P[t+1,k]
  L_d_wild_P[t+1,k] ~ dnorm( L_d_wild_moy[t+1,3] , tau_wild_site)I(-
6.91,1.09)

  log(d_juv_P[t+1,k]) <- L_d_juv_P[t+1,k]
  L_d_juv_P[t+1,k] ~ dnorm( L_d_juv_moy[t+1,3] , tau_juv_site[
I_site_juv_P[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

  lambda_N_P[t+1,k]<-d_P[t+1,k]*S_depl_P[t+1,k]
  #Abundance follows a Poisson distribution
  N_tot_P[t+1,k]~dpois(lambda_N_P[t+1,k])

  L_p_P[t+1,k]~dnorm(L_mu_p_cut,L_tau_p_cut)
  logit(p_P[t+1,k]) <-L_p_P[t+1,k]

  C_1_P[t+1,k]~dbin(p_P[t+1,k],N_tot_P[t+1,k])
  N_1_P[t+1,k]<-N_tot_P[t+1,k]-C_1_P[t+1,k]
  #not all sites have 2 pass, this vector show which sites does
  for (h in 1:pass_2_P[t+1,k]){
    C_2_P[t+1,k]~dbin(p_P[t+1,k],N_1_P[t+1,k])
    N_2_P[t+1,k]<-N_1_P[t+1,k]-C_2_P[t+1,k]
  }
}
#-----
# 3.2.4 5 min IA fisheries
#-----
#.....
# 3.2.4.1 zone 1 : Vichy Langeac
#.....
for (k in 1:K[t+1,1]){
  d_V[t+1,k]<- d_wild_V[t+1,k] + I_site_juv_V[t+1,k] * d_juv_V[t+1,k]
+ I_site_egg_V[t+1,k] * d_egg_V[t+1,k]
  log(d_wild_V[t+1,k])<-L_d_wild_V[t+1,k]
  L_d_wild_V[t+1,k] ~ dnorm( L_d_wild_moy[t+1,1] , tau_wild_site)I(-
6.91,3)

  log(d_juv_V[t+1,k]) <- L_d_juv_V[t+1,k]
  L_d_juv_V[t+1,k] ~ dnorm( L_d_juv_moy[t+1,1] , tau_juv_site[
I_site_juv_V[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

  log(d_egg_V[t+1,k]) <- L_d_egg_V[t+1,k]
  L_d_egg_moy_V_inc[t+1,k]<- I_site_egg_V[t+1,k] * (
L_d_egg_moy[t+1,1] + log( S_juv_JP[t+1,1] ) - log(S_inc_JP[t+1,1]) )
  L_d_egg_V[t+1,k] ~ dnorm( L_d_egg_moy_V_inc[t+1,k] ,
tau_egg_site[I_site_egg_V[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

  #5minute EF part
  lambda_IA_V[t+1,k]<-kappa_cut*d_V[t+1,k]
  #kappa_cut*pow(d_V[t+1,k],eta_cut)
}

```

```

EF_IA_V[t+1,k]~dpois(lambda_IA_V[t+1,k])
}
#.....
# 3.2.4.2 zone 2 : Langeac Poutes
#.....
for (k in 1:K[t+1,2]){
  d_L[t+1,k]<- d_wild_L[t+1,k] + I_site_juv_L[t+1,k] * d_juv_L[t+1,k]
+ I_site_egg_L[t+1,k] * d_egg_L[t+1,k]
  log(d_wild_L[t+1,k])<-L_d_wild_L[t+1,k]
  L_d_wild_L[t+1,k] ~ dnorm( L_d_wild_moy[t+1,2] , tau_wild_site)I(-
6.91,1.09)

  log(d_juv_L[t+1,k]) <- L_d_juv_L[t+1,k]
  L_d_juv_L[t+1,k] ~ dnorm( L_d_juv_moy[t+1,2] , tau_juv_site[
I_site_juv_L[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

  log(d_egg_L[t+1,k]) <- L_d_egg_L[t+1,k]
  L_d_egg_moy_L_inc[t+1,k]<- I_site_egg_L[t+1,k] * (
L_d_egg_moy[t+1,2] + log( S_juv_JP[t+1,2] ) - log(S_inc_JP[t+1,2]) )
  L_d_egg_L[t+1,k] ~ dnorm( L_d_egg_moy_L_inc[t+1,k] ,
tau_egg_site[I_site_egg_L[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

  #5minute EF part
  lambda_IA_L[t+1,k]<-kappa_cut*d_L[t+1,k]
  #kappa_cut*pow(d_L[t+1,k],eta_cut)
  EF_IA_L[t+1,k]~dpois(lambda_IA_L[t+1,k])
}
#.....
# 3.2.4.3 zone 3 : upstream Poutes
#.....
for (k in 1:K[t+1,3]){
  d_P[t+1,k]<- d_wild_P[t+1,k] + I_site_juv_P[t+1,k] * d_juv_P[t+1,k]
  log(d_wild_P[t+1,k])<-L_d_wild_P[t+1,k]
  L_d_wild_P[t+1,k] ~ dnorm( L_d_wild_moy[t+1,3] , tau_wild_site)I(-
6.91,1.09)

  log(d_juv_P[t+1,k]) <- L_d_juv_P[t+1,k]
  L_d_juv_P[t+1,k] ~ dnorm( L_d_juv_moy[t+1,3] , tau_juv_site[
I_site_juv_P[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

  #5minute EF part
  lambda_IA_P[t+1,k]<-kappa_cut*d_P[t+1,k]
  #kappa_cut*pow(d_P[t+1,k],eta_cut)
  EF_IA_P[t+1,k]~dpois(lambda_IA_P[t+1,k])
}
}

#####
# 4. Take into account the area used for stocked juveniles #
#####
for (t in 31:T-1){
  #=====
  # 4.1 Redd/Spawners part
}

```

```

#=====
logit(p_langeac[t])<- L_p_langeac[t]
logit(p_poutes[t])<- L_p_poutes[t]
pool_juv[t]<-s_juv2ad * Juv_tot_system[t] + s_smolt * (0.5 *
smolts_tot[t+1] + 0.5 * smolts_tot[t] )
L_mu_Vichy_nm[t]<-log(s_juv2ad * Juv_tot_system[t] + s_smolt * (0.5 *
smolts_tot[t+1] + 0.5 * smolts_tot[t] )) + level_s * I_surv[t]
mean_y_surv[t] <- s_juv2ad * exp(level_s * I_surv[t])

# max is only added for the year we only have a minimum figure at vichy
temp[t]<-max(tot_C[t] + S_stocking[t]+2,min_N_V[t])

min_N_1[t]<-max(N[t,3]+2,temp[t] +2)+S_stocking[t]
N[t,1]~dnorm(L_mu_Vichy_nm[t],tau_vichy)I(min_N_1[t],15000)
#without fish caught for breeding or rod catches
N_corrected[t] <- N[t,1] - tot_C[t] - S_stocking[t]
res_Vichy[t] <- log(N[t,1]) - L_mu_Vichy_nm[t]

max_N_langeac[t]<- N_corrected[t] - 1 #N[t,1] - S_stocking[t]-1
min_L_P[t]<-max(min_L[t], N[t,3]+1) # max(N[t,3]+1, min_L[t])
N[t,2]~dbin(p_langeac[t],N_corrected[t])I(min_L_P[t],) #
~dnorm(mu_N_L[t],tau_N_L[t])I(min_L_P[t],max_N_langeac[t]) ##

max_N_poutes[t]<-N[t,2]-1
N[t,3]~dbin(p_poutes[t],N[t,2])
#~dnorm(mu_N_P[t],tau_N_P[t])I(1,max_N_poutes[t]) ##
#-----
# 4.1.1 Number of potential spawners
#-----
mu_S_ts[t,1]<- N[t,1] - N[t,2] - S_stocking[t]
mu_S_ts[t,2]<- N[t,2]-N[t,3]
test[t]<-mu_S_ts[t,1]-S_ts[t,1]

S_ts[t,1]<- max(N[t,1] - N[t,2] - S_stocking[t] - tot_C[t] ,1)
#~dnorm(mu_S_ts[t,1],1)I(0.001,) #
S_ts[t,2]<- max( N[t,2]-N[t,3],1) #~dnorm(mu_S_ts[t,2],1) #
S_ts[t,3]<-max( N[t,3],1)

ratio_S[t,1] <- S_ts[t,1] / ( S_ts[t,1] + S_ts[t,2] + S_ts[t,3])
ratio_S[t,2] <- S_ts[t,2] / ( S_ts[t,1] + S_ts[t,2] + S_ts[t,3])
ratio_S[t,3] <- S_ts[t,3] / ( S_ts[t,1] + S_ts[t,2] + S_ts[t,3])

#=====
# 4.2 Loop for zones (1= Vichy-Langeac, 2= Langeac-Poutès, 3= upstream Poutès)
#=====
for (i in 1:3){
#-----
# 4.2.1 Redd/Spawners part
#-----
#.....
# 4.2.1.1 Estimation of the spawners
#.....
R[t,i]~dpois(lambda[t,i])
lambda[t,i] <- S_ts[t,i] *zone_effect[t,i]* hel_effect[2] *p_area[t,i]
res_R[t,i]<-(R[t,i]-lambda[t,i])/sqrt(lambda[t,i])

```

```

#.....
# 4.2.1.2 Cut of all parameters
#.....
lambda_cut[t,i]<-cut(lambda[t,i])
R_rep[t,i]~dpois(lambda_cut[t,i])

#-----
# 4.2.2 Juvenile production
#-----
# I_juv_moy = indicator for stocking of 0+ or not
# I_egg_moy = indicator for stocking of eggs or not
#d_tot_moy with taking into account area for the stocked juveniles (data
only from year 31)
d_tot_moy[t+1,i] <- d_wild_moy[t+1,i] + I_juv_moy[t+1,i] *
d_juv_moy[t+1,i]*S_juv_JP_dev[t+1,i]/S_juv_JP[t+1,i] + I_egg_moy[t+1,i] *
d_egg_moy_surff[t+1,i]
Juv[t+1,i] <- d_tot_moy[t+1,i]*S_juv_JP[t+1,i]
d_egg_moy_surff[t+1,i] <- d_egg_moy[t+1,i]
#.....
# 4.2.2.1 Wild component
#.....
log(d_wild_moy[t+1,i]) <- L_d_wild_moy[t+1,i]
L_d_wild_moy[t+1,i] ~ dnorm(L_mu_d_wild[t+1,i],tau_wild_moy)I(-
6.91,1.09) #<- L_mu_d_wild[t+1,i] #
L_mu_d_wild[t+1,i] <- log((S_ts[t,i]/S_juv_JP[t,i]) / (alpha_dd +
beta_dd * (S_ts[t,i]/S_juv_JP[t,i]))) + nu_wild[i]
res_wild_moy[t+1,i] <- L_d_wild_moy[t+1,i] - L_mu_d_wild[t+1,i]
#.....
# 4.2.2.2 Stocked juvenile component
#.....
log(d_juv_moy[t+1,i]) <- L_d_juv_moy[t+1,i]
L_d_juv_moy[t+1,i] ~ dnorm(L_mu_d_juv[t+1,i],tau_juv_moy[
I_juv_moy[t+1,i]+1])I(,1.09)

# We recalculate the Rmax "available" to stocked 0+ by subtracting wild 0+
density and stocked eggs density
# to the total Rmax of the density dependence relationship
Rmax_juv_temp[t+1,i] <- ( Rmax - ((S_ts[t,i]/S_juv_JP[t,i]) /
(alpha_dd + beta_dd * (S_ts[t,i]/S_juv_JP[t,i]))) ) * exp(nu_wild[i])
Rmax_juv[t+1,i] <- max(Rmax_juv_temp[t+1,i] ,0.000001)
beta_dd_juv[t+1,i] <- 1 / Rmax_juv[t+1,i]
L_mu_d_juv[t+1,i] <- I_juv_moy[t+1,i] * log(
(stock_juv[t+1,i]/S_juv_JP[t+1,i]) / (alpha_dd_juv/exp(nu_wild[i]) +
beta_dd_juv[t+1,i] * (stock_juv[t+1,i]/S_juv_JP[t+1,i])))
res_juv_moy[t+1,i] <- L_d_juv_moy[t+1,i] - L_mu_d_juv[t+1,i]
#.....
# 4.2.2.3 Stocked egg component
#.....
log(d_egg_moy[t+1,i]) <- L_d_egg_moy[t+1,i]
L_d_egg_moy[t+1,i]~ dnorm(L_mu_d_egg[t+1,i],tau_egg_moy[
I_egg_moy[t+1,i] +1])I(-6.91,1.09) #
res_egg_moy[t+1,i] <- L_d_egg_moy[t+1,i] - L_mu_d_egg[t+1,i]

# I_egg_unit = indicator of presence of incubators or not: only zone 1 and
2 concerned

```

```

# I_egg_VL = indicator for incubators in zone 1
# I_egg_LP = indicator for incubators in zone 2
# I_list_inc = indicator for each incubators loaded or not
L_mu_d_egg[t+1,i] <- equals(i,1) *
  log(
    (1- I_egg_moy[t+1,1]) +
    (s_egg * ((stock_egg[t+1,1] + stock_egg[t+1,2] +
stock_egg[t+1,3] + stock_egg[t+1,4]) / S_juv_JP[t+1,1] ))
  )
  +
  equals(i,2) *
  log(
    (1- I_egg_moy[t+1,2]) +
    (s_egg * ((stock_egg[t+1,5] + stock_egg[t+1,6]) /
S_juv_JP[t+1,2] ))
  )
# getting out of the zone loop, one loop for each zones and the local
densitie
# to avoid using 3 dimensions matrix
}
#-----
# 4.2.3 Successive removal fisheries
#-----
# I_site_juv_V/L/P = indicator for presence/absence of stocking on the site

# loop for sites with successive removal EF

#.....
# 4.2.3.1 zone 1 : Vichy Langeac

#.....
for (k in 1:J[t+1,1]){
  d_V[t+1,k]<- d_wild_V[t+1,k] + I_site_juv_V[t+1,k] * d_juv_V[t+1,k]
  log(d_wild_V[t+1,k])<-L_d_wild_V[t+1,k]
  L_d_wild_V[t+1,k] ~ dnorm( L_d_wild_moy[t+1,1] , tau_wild_site)I(-
6.91,1.09)

  log(d_juv_V[t+1,k]) <- L_d_juv_V[t+1,k]
  L_d_juv_V[t+1,k] ~ dnorm( L_d_juv_moy[t+1,1] ,
tau_juv_site[I_site_juv_V[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

  lambda_N_V[t+1,k]<-d_V[t+1,k]*S_depl_V[t+1,k]
  #Abundance follows a Poisson distribution
  N_tot_V[t+1,k]~dpois(lambda_N_V[t+1,k])

  L_p_V[t+1,k]~dnorm(L_mu_p_cut,L_tau_p_cut)
  logit(p_V[t+1,k]) <-L_p_V[t+1,k]

  C_1_V[t+1,k]~dbin(p_V[t+1,k],N_tot_V[t+1,k])
  N_1_V[t+1,k]<-N_tot_V[t+1,k]-C_1_V[t+1,k]
  #not all sites have 2 pass, this vector show which sites does
  for (h in 1:pass_2_V[t+1,k]){
    C_2_V[t+1,k]~dbin(p_V[t+1,k],N_1_V[t+1,k])
    N_2_V[t+1,k]<-N_1_V[t+1,k]-C_2_V[t+1,k]
  }
}

```

```

}
}
#.....
# 4.2.3.2 zone 2 : Langeac Poutes

#.....
for (k in 1:J[t+1,2]){
  d_L[t+1,k]<- d_wild_L[t+1,k] + I_site_juv_L[t+1,k] * d_juv_L[t+1,k]
  log(d_wild_L[t+1,k])<-L_d_wild_L[t+1,k]
  L_d_wild_L[t+1,k] ~ dnorm( L_d_wild_moy[t+1,2] , tau_wild_site)I(-
6.91,3)

  log(d_juv_L[t+1,k]) <- L_d_juv_L[t+1,k]
  L_d_juv_L[t+1,k] ~ dnorm( L_d_juv_moy[t+1,2] , tau_juv_site[
I_site_juv_L[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

  lambda_N_L[t+1,k]<-d_L[t+1,k]*S_depl_L[t+1,k]
  #Abundance follows a Poisson distribution
  N_tot_L[t+1,k]~dpois(lambda_N_L[t+1,k])

  L_p_L[t+1,k]~dnorm(L_mu_p_cut,L_tau_p_cut)
  logit(p_L[t+1,k]) <-L_p_L[t+1,k]

  C_1_L[t+1,k]~dbin(p_L[t+1,k],N_tot_L[t+1,k])
  N_1_L[t+1,k]<-N_tot_L[t+1,k]-C_1_L[t+1,k]
  #not all sites have 2 pass, this vector show which sites does
  for (h in 1:pass_2_L[t+1,k]){
    C_2_L[t+1,k]~dbin(p_L[t+1,k],N_1_L[t+1,k])
    N_2_L[t+1,k]<-N_1_L[t+1,k]-C_2_L[t+1,k]
    #not all sites have 2 pass, this vector show which sites does
    for (m in 1:pass_3_L[t+1,k]){
      C_3_L[t+1,k]~dbin(p_L[t+1,k],N_2_L[t+1,k])
    }
  }
}
}
#.....
# 4.2.3.3 zone 3 : upstream Poutes
#.....
for (k in 1:J[t+1,3]){
  d_P[t+1,k]<- d_wild_P[t+1,k] + I_site_juv_P[t+1,k] * d_juv_P[t+1,k]
  log(d_wild_P[t+1,k])<-L_d_wild_P[t+1,k]
  L_d_wild_P[t+1,k] ~ dnorm( L_d_wild_moy[t+1,3] , tau_wild_site)I(-
6.91,1.09)

  log(d_juv_P[t+1,k]) <- L_d_juv_P[t+1,k]
  L_d_juv_P[t+1,k] ~ dnorm( L_d_juv_moy[t+1,3] , tau_juv_site[
I_site_juv_P[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

  lambda_N_P[t+1,k]<-d_P[t+1,k]*S_depl_P[t+1,k]
  #Abundance follows a Poisson distribution
  N_tot_P[t+1,k]~dpois(lambda_N_P[t+1,k])

  L_p_P[t+1,k]~dnorm(L_mu_p_cut,L_tau_p_cut)
  logit(p_P[t+1,k]) <-L_p_P[t+1,k]

```

```

C\1_P[t+1,k]~dbin(p_P[t+1,k],N_tot_P[t+1,k])
N\1_P[t+1,k]<-N_tot_P[t+1,k]-C\1_P[t+1,k]
#not all sites have 2 pass, this vector show which sites does
for (h in 1:pass_2_P[t+1,k]){
  C\2_P[t+1,k]~dbin(p_P[t+1,k],N\1_P[t+1,k])
  N\2_P[t+1,k]<-N\1_P[t+1,k]-C\2_P[t+1,k]
}
#-----
# 4.2.4 5 min IA fisheries
#-----
#.....
# 4.2.4.1 zone 1 : Vichy Langeac
#.....
for (k in 1:K[t+1,1]){
  d_V[t+1,k]<- d_wild_V[t+1,k] + I_site_juv_V[t+1,k] * d_juv_V[t+1,k]
+ I_site_egg_V[t+1,k] * d_egg_V[t+1,k]
  log(d_wild_V[t+1,k])<-L_d_wild_V[t+1,k]
  L_d_wild_V[t+1,k] ~ dnorm( L_d_wild_moy[t+1,1] , tau_wild_site)I(-
6.91,3)

  log(d_juv_V[t+1,k]) <- L_d_juv_V[t+1,k]
  L_d_juv_V[t+1,k] ~ dnorm( L_d_juv_moy[t+1,1] , tau_juv_site[
I_site_juv_V[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

  log(d_egg_V[t+1,k]) <- L_d_egg_V[t+1,k]
  L_d_egg_moy_V_inc[t+1,k]<- I_site_egg_V[t+1,k] * (
L_d_egg_moy[t+1,1] + log( S_juv_JP[t+1,1]) - log(S_inc_JP[t+1,1]) )
  L_d_egg_V[t+1,k] ~ dnorm( L_d_egg_moy_V_inc[t+1,k] ,
tau_egg_site[I_site_egg_V[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

  #5minute EF part
  lambda_IA_V[t+1,k]<-kappa_cut*d_V[t+1,k]
  #kappa_cut*pow(d_V[t+1,k],eta_cut)
  EF_IA_V[t+1,k]~dpois(lambda_IA_V[t+1,k])
}
#.....
# 4.2.4.2 zone 2 : Langeac Poutes
#.....
for (k in 1:K[t+1,2]){
  d_L[t+1,k]<- d_wild_L[t+1,k] + I_site_juv_L[t+1,k] * d_juv_L[t+1,k]
+ I_site_egg_L[t+1,k] * d_egg_L[t+1,k]
  log(d_wild_L[t+1,k])<-L_d_wild_L[t+1,k]
  L_d_wild_L[t+1,k] ~ dnorm( L_d_wild_moy[t+1,2] , tau_wild_site)I(-
6.91,1.09)

  log(d_juv_L[t+1,k]) <- L_d_juv_L[t+1,k]
  L_d_juv_L[t+1,k] ~ dnorm( L_d_juv_moy[t+1,2] , tau_juv_site[
I_site_juv_L[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

  log(d_egg_L[t+1,k]) <- L_d_egg_L[t+1,k]
  L_d_egg_moy_L_inc[t+1,k]<- I_site_egg_L[t+1,k] * (
L_d_egg_moy[t+1,2] + log( S_juv_JP[t+1,2]) - log(S_inc_JP[t+1,2]) )

```

```

  L_d_egg_L[t+1,k] ~ dnorm( L_d_egg_moy_L_inc[t+1,k] ,
tau_egg_site[I_site_egg_L[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

  #5minute EF part
  lambda_IA_L[t+1,k]<-kappa_cut*d_L[t+1,k]
  #kappa_cut*pow(d_L[t+1,k],eta_cut)
  EF_IA_L[t+1,k]~dpois(lambda_IA_L[t+1,k])
}
#.....
# 4.2.4.3 zone 3 : upstream Poutes
#.....
for (k in 1:K[t+1,3]){
  d_P[t+1,k]<- d_wild_P[t+1,k] + I_site_juv_P[t+1,k] * d_juv_P[t+1,k]
  log(d_wild_P[t+1,k])<-L_d_wild_P[t+1,k]
  L_d_wild_P[t+1,k] ~ dnorm( L_d_wild_moy[t+1,3] , tau_wild_site)I(-
6.91,1.09)

  log(d_juv_P[t+1,k]) <- L_d_juv_P[t+1,k]
  L_d_juv_P[t+1,k] ~ dnorm( L_d_juv_moy[t+1,3] , tau_juv_site[
I_site_juv_P[t+1,k] + 1])I(-6.91,1.09)

  #5minute EF part
  lambda_IA_P[t+1,k]<-kappa_cut*d_P[t+1,k]
  #kappa_cut*pow(d_P[t+1,k],eta_cut)
  EF_IA_P[t+1,k]~dpois(lambda_IA_P[t+1,k])
}

#####
# 5. Just the last year to estimate spawners #
#####
for (t in T:T){
  #####
  # 5.1 Redd/Spawners part
  #####
  logit(p_langeac[t])<- L_p_langeac[t]
  logit(p_poutes[t])<- L_p_poutes[t]
  pool_juv[t]<-s_juv2ad* Juv_tot_system[t] + s_smolt * (0.5 *
smolts_tot[t+1] + 0.5 * smolts_tot[t] )
  L_mu_Vichy_nm[t]<-log(s_juv2ad *Juv_tot_system[t] + s_smolt * (0.5 *
smolts_tot[t+1] + 0.5 * smolts_tot[t] )) + level_s *I_surv[t]

  min_N\1[t]<-max(N[t,3]+2,tot_C[t] +2)+S_stocking[t]
  N[t,1]~dlnorm(L_mu_Vichy_nm[t],tau_vichy)I(min_N\1[t],15000)
  res_Vichy[t] <- log(N[t,1]) - L_mu_Vichy_nm[t]
  N_corrected[t]<-N[t,1]-S_stocking[t]

  max_N_langeac[t]<- N_corrected[t] -1 #N[t,1] - S_stocking[t]-1
  min_L_P[t]<-N[t,3]+1 #max(N[t,3]+2 , min_L[t])
  N[t,2]~dbin(p_langeac[t],N_corrected[t])I(min_L_P[t],)

  max_N_poutes[t]<-N[t,2]-1

```

```

N[t,3]~dbin(p\_poutes[t],N[t,2])
#~dnorm(mu\_N\_P[t],tau\_N\_P[t])I(1,max\_N\_poutes[t])
#~dnorm(mu\_N\_P[t],tau\_N\_P[t])I(1,max\_N\_poutes[t])
#-----
# 5.1.1 Number of potential spawners
#-----
S\_ts[t,1]<- max( N[t,1] - S\_stocking[t] -tot\_C[t]-N[t,2],1)
S\_ts[t,2]<- max( N[t,2]-N[t,3],1)
S\_ts[t,3]<-max( N[t,3],1)

ratio\_S[t,1] <- S\_ts[t,1] / ( S\_ts[t,1] + S\_ts[t,2] + S\_ts[t,3])
ratio\_S[t,2] <- S\_ts[t,2] / ( S\_ts[t,1] + S\_ts[t,2] + S\_ts[t,3])
ratio\_S[t,3] <- S\_ts[t,3] / ( S\_ts[t,1] + S\_ts[t,2] + S\_ts[t,3])

#=====
# 5.2 Loop for zones (1= Vichy-Langeac, 2= Langeac-Poutès, 3= upstream Poutès)
#=====
for (i in 1:3){
#-----
# 5.2.1 Redd/Spawners part
#-----
#.....
# 5.2.1.1 Estimation of the spawners
#.....
R[t,i]~dpois(lambda[t,i])
lambda[t,i] <- S\_ts[t,i] *zone\_effect[t,i] * hel\_effect[2]*p\_area[t,i]

res\_R[t,i]<-(R[t,i]-lambda[t,i])/sqrt(lambda[t,i])
#.....
# 5.2.1.2 Cut of all parameters
#.....
lambda\_cut[t,i]<-cut(lambda[t,i])
R\_rep[t,i]~dpois(lambda\_cut[t,i])

#-----
# 5.2.2 Juvenile production (wild only)
#-----
d\_tot\_moy[t+1,i] <- d\_wild\_moy[t+1,i]
Juv[t+1,i] <- d\_tot\_moy[t+1,i]*S\_juv\_JP[t+1,i]
#.....
# 5.2.2.1 Wild component
#.....
log(d\_wild\_moy[t+1,i]) <- L\_d\_wild\_moy[t+1,i]
L\_d\_wild\_moy[t+1,i] ~ dnorm(L\_mu\_d\_wild[t+1,i],tau\_wild\_moy)I(-
6.91,1.09)
L\_mu\_d\_wild[t+1,i] <- log((S\_ts[t,i]/S\_juv\_JP[t,i]) / (alpha\_dd +
beta\_dd * (S\_ts[t,i]/S\_juv\_JP[t,i]))) + nu\_wild[i]
res\_wild\_moy[t+1,i] <- L\_d\_wild\_moy[t+1,i] - L\_mu\_d\_wild[t+1,i]
}
}

### END MODEL BRACKET
}

```