



HAL
open science

Modélisation des dynamiques végétales et trajectoires des sociétés humaines en Europe pendant l'Holocène

Lucie Guichardon

► **To cite this version:**

Lucie Guichardon. Modélisation des dynamiques végétales et trajectoires des sociétés humaines en Europe pendant l'Holocène. Sciences du Vivant [q-bio]. 2019. dumas-02446071

HAL Id: dumas-02446071

<https://dumas.ccsd.cnrs.fr/dumas-02446071>

Submitted on 20 Jan 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Année universitaire : 2018 - 2019

Spécialité/Mention :

Paysage

Spécialisation/Parcours :

Gestion des Milieux Naturels

Mémoire de fin d'études

- d'Ingénieur de l'Institut Supérieur des Sciences agronomiques, agroalimentaires, horticoles et du paysage
- de Master de l'Institut Supérieur des Sciences agronomiques, agroalimentaires, horticoles et du paysage
- d'un autre établissement (étudiant arrivé en M2)

Modélisation des dynamiques végétales et trajectoires des sociétés humaines en Europe pendant l'Holocène

Par : Lucie GUICHARDON



Soutenu à Nancy, le 14 octobre 2019

Devant le jury composé de :

Président : Bruno Ferry

Autres membres du jury (Nom, Qualité)

Maître de stage : Isabelle Boulangeat

Enseignant référent : José-Maria Serra-Diaz

Les analyses et les conclusions de ce travail d'étudiant n'engagent que la responsabilité de son auteur et non celle d'AGROCAMPUS OUEST

Ce document est soumis aux conditions d'utilisation
«Patrimoine-Pas d'Utilisation Commerciale-Pas de Modification 4.0 France»
disponible en ligne <http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/deed.fr>



Modélisation des dynamiques végétales et trajectoires des sociétés humaines en Europe pendant l'Holocène.

Stage de fin d'études réalisé à l'IRSTEA (centre de Grenoble) du 1^{er} mars au 30 août 2019.



Encadrants de stage : Isabelle Boulangeat¹, Charline Giguet-Covex², Erwan Messenger³, Jérôme Poulenard⁴

Tuteur de stage : José-Maria Serra-Diaz⁵

¹ Chargée de recherche - Socio-ecological systems and biodiversity modelling. LESSEM, IRSTEA, Grenoble.

² Chargée de recherche - Archives environnementales : rétro-observation & modélisation ». EDYTEM, UMR 5204 du CNRS, Le Bourget-du-Lac.

³ Chargé de recherche - Paléobotaniste. EDYTEM, UMR 5204 du CNRS, Le Bourget-du-Lac.

⁴ Professeur des Universités - Pédologue - Archives environnementales des milieux de montagne. EDYTEM, UMR 5204 du CNRS, Le Bourget-du-Lac.

⁵ Maître de conférence - UMR Silva AgroParisTech, INRA, Université de Lorraine, Nancy.

Elève ingénieure, dominante
 d'approfondissement « Gestion des Milieux
 Naturels »

GUICHARDON Lucie Année 2018-2019

Illustration de couverture : Lac d'Ambin, massif de la Maurienne, Bramans
Crédits photographiques : Lucie Guichardon, 2018.

FICHE SIGNALÉTIQUE D'UN MÉMOIRE

rédigé dans le cadre d'études à AgroParisTech

Titre : Modélisation des dynamiques végétales et trajectoires des sociétés humaines en Europe au cours de l'Holocène.	
Auteur : Lucie GUICHARDON	Mots clés : EPD, Holocène, Modélisation, Palynologie, Statistiques bayésiennes, Trajectoires, Végétations.
Stage assistant ingénieur <input type="checkbox"/>	Date de fin de rédaction : septembre 2019
Dominante d'approfondissement <input checked="" type="checkbox"/>	
CEI <input type="checkbox"/>	
Autre <input type="checkbox"/>	
Caractéristiques : 1 volume(s) ; 113 pages ; 21 figures ; 12 annexes ; bibliographie.	
Organisme d'accueil : Institut national de Recherche en Sciences et Technologies pour l'Environnement et l'Agriculture (IRSTEA), centre de Grenoble. Nom du maître de stage : Isabelle BOULANGEAT Fonctions dans l'organisme : Chargée de recherche Nom du référent AgroParisTech : José-Maria SERRA-DIAZ	
Résumés : <p>Historiquement l'étude des paléo-environnement et des paléo-climats s'est faite à travers la palynologie, l'archéologie, l'anthracologie et l'étude des isotopes de glace. Ces études étaient souvent réalisées sur des sites localisés et indépendamment les uns des autres. La base de données européenne des pollens (EPD) permet aujourd'hui d'étudier les pollens enregistrés sur l'ensemble de l'Europe. Une nouvelle approche est également utilisée puisqu'elle consistera à modéliser les dynamiques végétales suivant un modèle probabiliste bayésien. Ainsi, l'influence du climat, des activités humaines et de l'environnement des taxons seront évalués sur l'ensemble de l'Holocène. Les données climatiques et pédologiques permettent principalement de valider des hypothèses issues de la bibliographie en termes d'écologie des taxons. En revanche la densité de population humaine est peu responsable d'extinction de taxon et permet au contraire majoritairement le maintien des populations végétales. Enfin, l'analyse des pollens confirme que l'intensification de l'agriculture, permettant l'ouverture des milieux, a majoritairement un effet favorable sur la colonisation des espèces pionnières et herbacées et un effet défavorable aux taxons arborés, alors sûrement abattus. Le manque de données n'a pas permis d'étudier les apports de l'ADN environnemental en complément des données polliniques, néanmoins cela reste une perspective prometteuse.</p> <p>Historically, paleo-environment and paleo-climate were studied through palynology, archaeology and ice-isotope study. Studies were often made on local sites and independently from each other. The European Pollen Database (EPD) allows us to study pollens recorded all over Europe. A new approach is used and consists of taxa dynamics modelling with a Bayesian statistics model. In this way, the influence of climate, human activities and taxa environment will be evaluated on the Holocene era. Climatic and soil data validate hypothesis made from bibliography researches in terms of taxa ecological preferences. However, population density is lowly responsible for taxa extinction and rather allows stands sustainability. Finally, agricultural intensification is favourable to open up of natural habitats and the colonization of pioneer and herbaceous species. But these practises have a negative effect on tree taxa. The lack of data regarding environmental DNA did not allow us to study it complementary with pollen data and this is still a rising prospect.</p>	

Modélisation des dynamiques végétales et trajectoires des sociétés humaines en Europe pendant l'Holocène.

Mémoire de fin d'études, dominante d'approfondissement « Gestion des Milieux Naturels ».

Encadrants de stage : Isabelle Boulangeat, Charline Giguet-Covex, Erwan Messenger, Jérôme Poulenard

Tuteur de stage : José-Maria Serra-Diaz

REMERCIEMENTS

Tout d'abord je tiens à remercier **Isabelle Boulangeat**, encadrante de mon stage, pour m'avoir fait confiance dans la réalisation de cette étude mais également pour son encadrement. Elle a su toujours me donner les bons conseils et m'orienter lorsque cela était nécessaire tout en me laissant une grande liberté et autonomie de travail. Je remercie également mon tuteur, **Pep Serra-Diaz**, enseignant à AgroParisTech-Nancy, pour sa bienveillance, son appui tout au long du stage que ce soit pour des conseils pratiques, administratifs ou l'accompagnement au cours du stage.

Merci à **Charline Giguët-Covex, Erwan Messenger et Jérôme Poulenard** du laboratoire EDYTEM à l'Université Savoie-Mont-Blanc, pour leur investissement qui malheureusement n'a pas permis l'étude des lacs visés initialement. Merci de m'avoir intégré au projet et d'avoir pris le temps de me faire découvrir vos recherches et votre laboratoire.

Un grand merci à **Hugues François**, chercheur à l'IRSTEA pour m'avoir accueilli dans son bureau et avoir partagé avec moi ses goûts musicaux ainsi que de m'avoir intégré à la vie des pauses café. Merci aussi aux doctorants et ingénieurs d'études, **Lucas Berard, Charles Hatier et Jonathan Cognard** pour l'animation des pauses café et du bureau en général.

Merci à **Eric Maldonado et Damien Buttiglieri**, responsables informatiques, pour l'aide lors de problèmes et blocages sur R ou Gitlab.

Un grand merci à **Delphine Jaymond, Renaud Jaunatre et Nadège Popoff** pour l'organisation et l'animation des pique-niques botaniques mais surtout la motivation de partager ces moments ensemble.

Je remercie également l'ensemble du groupe Bzzz et en particulier à **Laure Vidaud, Valérie Samper et Guillaume Evin** pour les initiations à l'apiculture, la récolte du miel et la visite des ruches.

Merci à tous les stagiaires de la cuvée 2019 pour les repas et les parties de cartes le midi. Merci en particulier à **Axelle, Rémi, Théo, Camille, Elsa, Vanneck et Elodie** pour leur gentillesse.

Enfin, je remercie **mes parents et mes sœurs** pour leur soutien et leur présence tout au long de ma scolarité et en particulier de ce stage.

RÉSUMÉ

Historiquement l'étude des paléo-environnements et des paléo-climats s'est faite à travers la palynologie, l'archéologie, l'anthracologie et l'étude des isotopes de glace. Ces études étaient souvent réalisées sur des sites localisés et indépendamment les uns des autres. La base de données européenne des pollens (EPD) permet aujourd'hui d'étudier les pollens enregistrés sur l'ensemble de l'Europe. Une nouvelle approche est également utilisée puisqu'elle consistera à modéliser les dynamiques végétales suivant un modèle probabiliste bayésien. Ainsi, l'influence du climat, des activités humaines et de l'environnement des taxons seront évalués sur l'ensemble de l'Holocène. Les données climatiques et pédologiques permettent principalement de valider des hypothèses issues de la bibliographie en termes d'écologie des taxons. En revanche la densité de population humaine est peu responsable d'extinction de taxon et permet au contraire majoritairement le maintien des populations végétales. Enfin, l'analyse des pollens confirme que l'intensification de l'agriculture, permettant l'ouverture des milieux, a majoritairement un effet favorable sur la colonisation des espèces pionnières et herbacées et un effet défavorable aux taxons arborés, alors sûrement abattus. Le manque de données n'a pas permis d'étudier les apports de l'ADN environnemental en complément des données polliniques, néanmoins cela reste une perspective prometteuse.

Mots clés : EPD, Holocène, Modélisation, Palynologie, Statistiques bayésiennes, Trajectoires, Végétation

ABSTRACT

Historically, paleo-environment and paleo-climate were studied through palynology, archaeology and ice-isotope study. Studies were often made on local sites and independently from each other. The European Pollen Database (EPD) allows us to study pollens recorded all over Europe. A new approach is used and consists of taxa dynamics modelling with a Bayesian statistics model. In this way, the influence of climate, human activities and taxa environment will be evaluated on the Holocene era. Climatic and soil data validate hypothesis made from bibliography researches in terms of taxa preferences. However, population density is lowly responsible for taxa extinction and rather allows stands/settlements conservation/sustainability/maintenance. Finally, agricultural intensification is favourable to open up of natural habitats and the colonization of pioneer and herbaceous species. But these practises have a negative effect on tree taxa. The lack of data regarding environmental DNA did not allow us to study it complementary with pollen data and this is still a rising prospect.

Keywords: EPD, Holocene, Modelling, Palynology, Bayesian statistics, Trajectories, Vegetation

TABLE DES MATIERES

FICHE SIGNALÉTIQUE D'UN MEMOIRE.....	4
REMERCIEMENTS	6
RÉSUMÉ.....	7
ABSTRACT	7
ENGAGEMENT DE NON-PLAGIAT	8
TABLE DES ILLUSTRATIONS.....	11
TABLE DES ANNEXES.....	12
LISTE DES ACRONYMES.....	13
GLOSSAIRE	14
TABLE DES CONTACTS.....	15
AVANT-PROPOS.....	16
1. INTRODUCTION.....	17
1.1. Contexte de l'étude.....	17
1.1.1. Présentation du projet Trajectories	17
1.1.2. Etude des lacs européens	17
1.1.2.1. Etat des lieux des réseaux et observatoires des lacs en Europe.....	17
1.1.2.2. Etudes des paléo-environnements en Europe	20
1.2. Intérêt et objectifs de l'étude	21
1.3. Hypothèses de travail et problématique.....	21
1.3.1. Définition d'un socio-écosystème	21
1.3.2. Problématique.....	23
2. MATERIELS ET METHODES	23
2.1. Cadre spatio-temporel	23
2.1.1. Les sites d'études.....	23
2.1.1.1. En Europe	23
2.1.1.2. Le lac de la Thuile, un lac alpin du massif des Bauges	24
2.1.2. Période d'étude : l'Holocène	25
2.2. Obtention des données et travail préliminaire	25
2.2.1. Les données polliniques extraites de l'EPD	25
2.2.2. Protocole de vérification des données pollen	27
2.2.3. Les données ADN : origine, extraction et précautions	28
2.3. Sélection des données : taxons et co-variables.....	29
2.3.1. Choix des taxons cibles	29
2.3.2. Choix des co-variables et choix des bases de données utilisées	30

2.4.	Description du modèle.....	32
2.4.1.	Basé sur théorie des métapopulations.....	32
2.4.2.	Statistiques bayésiennes (théorie mathématique)	33
3.	RESULTATS	34
3.1.	Apport de l'ADN environnemental	35
3.2.	Comparaison des fonctions d'extinction et de colonisation	35
3.3.	Influence des facteurs physiques	36
3.4.	Impact des activités humaines	37
4.	DISCUSSION & PERSPECTIVES	37
4.1.	ADN et pollens, des données complémentaires	37
4.2.	Significativité et interprétation des résultats	38
4.3.	Influence des paramètres physiques	39
4.4.	Influence des activités humaines	41
	CONCLUSION	44
	BIBLIOGRAPHIE	45
	SITOGRAFIE	56
	ANNEXES	59

TABLE DES ILLUSTRATIONS

Figure 1 : Schéma conceptuel du socio-écosystème. Guichardon, 2019 (d'après US Long Term Ecological Research Network (US LTER), 2007 ; Lescouret et al., 2015 ; Millennium Ecosystem Assessment, 2005 ; De Chauvelin, 2017).....	22
Figure 2 : Répartition spatiale des sites européens étudiés. Guichardon, 2019. Sources : EPD, Open Street Maps, (Équipe de développement de QGIS, 2016).....	24
Figure 3 : Frise de l'Holocène. Guichardon, 2019 (d'après Dansgaard et al., 1969 ; Schönwiese, 1995 ; Debret, 2008 ; Berger et al., 2019).	25
Figure 4 : Origine des données de l'ESDAC. Guichardon, 2019 (d'après Panagos et al., 2012).	31
Figure 5 : a- Répartition des sites en fonction de la proportion en sable du sol, b- Répartition des sites en fonction de l'altitude.....	32
Figure 6 : Distribution des probabilités à posteriori, exemple de Fagus. Guichardon, 2019 (RStudioTeam, 2016)	34
Figure 7 : Type de transition par période pour le taxon Fagus.....	35
Figure 8 : Comparaison des données pollens et ADN enregistrées sur le lac de La Thuile pour le taxon Plantago.....	38
Figure 9 : Synthèse de l'influence possible des variables sur les paramètres colonisation et extinction au cours de 500 ans.	39
Figure 10 : Flux de pollen dans un contexte d'agriculture intense. Guichardon, 2019.....	41
Tableau 1 : Etat des lieux des réseaux de surveillance et d'étude des lacs en France et en Europe.....	18
Tableau 2 : Exemple d'observation de la table de transition pollen Abies	26
Tableau 3 : Table de correspondance des codes période aux dates cal. BP.	26
Tableau 4 : Correspondance des transitions aux Présence/Absence de pollens	27
Tableau 5 : Extrait de la table de transition finale d'Abies	27
Tableau 6 : Origine et périodes des données démographiques utilisé dans HYDE pour la France.....	30
Tableau 7 : Exemple de table obtenu pour le taxon Fagus grâce au modèle.....	33
Tableau 8 : Table de transition ADN pour le taxon Fagus.....	35
Tableau 9 : Présentation des résultats compilés à partir des violins plots.	36
Tableau 10 : Synthèse des résultats concernant l'impact du climat et de la pédologie.....	40
Tableau 11 : Synthèse des résultats concernant l'impact de l'Homme.	42

TABLE DES ANNEXES

ANNEXE A : Scripts R, manipulations préliminaires.....	60
ANNEXE B: Scripts R, analyse des données pollens.....	70
ANNEXE C : Scripts R, analyse des données ADN.	77
ANNEXE D : Fonctions communes à l'analyse pollen et ADN.	82
ANNEXE E : Scripts R, modèle bayésien : initialisation et ajustement.	84
ANNEXE F : Extrait de la table « species » de l'EPD pour les huit taxons étudiés.	88
ANNEXE G : Tables des probabilités issues du modèle bayésien.	90
ANNEXE H : Graphiques des probabilités postérieures pour chaque taxons.	93
ANNEXE I : Tables des types de transitions ADN pour chaque taxons.	97
ANNEXE J : Type de transition ADN par périodes et par taxons.	98
ANNEXE K : Hypothèses relatives à chaque espèces et taxons.....	101
ANNEXE L : Comparaison des données ADN et pollen pour chaque taxon.	110

LISTE DES ACRONYMES

AD	Anno Domini
ADN	Acide Désoxyribonucléique
ADNe	Acide Désoxyribonucléique environnemental
AEE	Agence Européenne pour l'Environnement
BC	Before Christ
BP	Before Present
CCR	Centre Commun de Recherche
CEN	Conservatoire d'Espaces Naturels
CNRS	Centre National de la Recherche Scientifique
COST	European Cooperation in Science and Technology
DGENV	Direction Générale de l'Environnement
EDYTEM	Environnement Dynamique Territoire Montagne
EPD	European Pollen Database
ESDAC	European Soil Database Center
EuLakes	European LAKes under Environmental Stressors
GLEON	Global Lake Ecological Observatory Network
HYDE	History Database of the Global Environment
ICS	International Commission on Stratigraphy
IdEx	Initiative d'Excellence
IRSTEA	Institut National de Recherche en Sciences et Technologies pour l'Environnement et l'Agriculture
LESSEM	Laboratoire Ecosystèmes et Sociétés en Montagne
NETLAKE	Networking Lake Observatories
OLA	Observatoire des Lacs Alpains
POIA	Programme Opérationnel Interrégional du massif des Alpes
SES	Socio-écosystèmes
SMU	Soil Mapping Units
SOERE	Systèmes d'Observation et d'Expérimentation au long terme pour la Recherche en Environnement
STU	Soil Typological Units
UGA	Université Grenoble Alpes
USMB	Université Savoie Mont-Blanc
UV	Ultraviolet

GLOSSAIRE

Anthracologie : Discipline de l'archéo-botanique consistant à analyser les charbons de bois et ainsi déterminer les essences d'arbres dont ils proviennent. Il peut aussi bien s'agir de charbon retrouvés sur des sites archéologiques ou présent au sein de couches naturelles du sol.

Taphonomie : Science de l'étude de l'enfouissement (décomposition, pourriture) aboutissant à des formations fossiles et des mécanismes de fossilisation.

TABLE DES CONTACTS

Isabelle BOULANGEAT	Chargé de recherche « Socio-écosystème et modélisation de la biodiversité »	LESSEM – IRSTEA, centre de Grenoble	isabelle.boulangeat@irstea.fr 04.76.76.27.35
José-Maria SERRA-DIAZ	Maître de conférences	UMR Silva – AgroParisTech, centre de Nancy	pep.serradiaz@agroparistech.fr 03.83.39.68.81
Charline GIGUET-COVEX	Chargé de recherche CNRS « Archives environnementales : rétro-observation & modélisation »	EDYTEM, UMR 5024 CNRS – Université Savoie- Mont-Blanc	charline.giguet-covex@univ-smb.fr
Erwan MESSAGER	Chargé de recherche CNRS « Archives environnementales », Paléobotaniste	EDYTEM, UMR 5024 CNRS – Université Savoie- Mont-Blanc	erwan.messenger@univ-smb.fr 04.79.75.94.57
Jérôme POULENARD	Professeur des Universités, Pédologue « Archives environnementales des milieux de montagne »	EDYTEM, UMR 5024 CNRS – Université Savoie- Mont-Blanc	jerome.poulenard@univ-smb.fr 04.79.75.88.62

AVANT-PROPOS

Le stage s'est déroulé au sein de l'Institut national de Recherche en Sciences et Technologies pour l'Environnement et l'Agriculture (IRSTEA) au centre de Grenoble. L'IRSTEA est un institut national créé en 1981 sous le nom de Cemagref, sous tutelle des ministères en charge de l'agriculture et de la recherche (IRSTEA, 2019b). Les thématiques de recherches sont nombreuses : eau et qualité environnementale, risques, aménagement du territoire, développement durable grâce aux écotecnologies, *etc.* Afin d'être bien implanté sur le territoire français, neufs centres spécialisés sont répartis sur toute la France. Le stage s'est déroulé au sein de celui de Grenoble, tourné davantage vers la connaissance et la gestion des écosystèmes, des territoires et des risques naturels en montagne.

Le centre de Grenoble comprend deux unités : Erosion Torentielle, Neige et Avalanche (ETNA) et le Laboratoire EcoSystème Société En Montagne (LESSEM). Le stage a été effectué à l'unité LESSEM, unité mêlant sciences humaines, écologie et modélisation. Au sein de cette unité sont développées des recherches sur les dynamiques des socio-écosystèmes en montagne à travers une approche multidisciplinaire : écologie (écologie fonctionnelle, des communautés, de la restauration), modélisation spatiale et sciences humaines et sociales (sociologie, agronomie, aménagement, économie). Les projets de recherches se veulent interdisciplinaires, favorisant l'échange de connaissances et les apports méthodologiques inhérents aux diverses disciplines (IRSTEA, 2019a)

Le stage a également été mené en collaboration avec l'unité de recherche mixte « Environnement Dynamique Territoire Montagne » (EDYTEM) de l'Université Savoie Mont-Blanc (USMB) et du Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS). Cette unité, créée en 2003, associe des chercheurs en géosciences (géologie, hydrogéologie, géomorphologie) et en sciences humaines et sociales (géographie). Ceux-ci cherchent à répondre aux enjeux environnementaux et socio-économique actuels dans les territoires de montagne (EDYTEM, 2016).

1. INTRODUCTION

L'étude des paléo-environnements est souvent permise grâce à l'archéologie, l'étude des débris végétaux et des vestiges de sociétés humaines conservés en conditions anoxiques ou fossilisés. Les vestiges humains, animaux ou végétaux étant souvent dispersés et incomplets, il est alors difficile d'étudier à large échelle, les dynamiques végétales et de les confronter aux dynamiques humaines souvent, elles aussi, mal connues. L'étude des pollens, permet néanmoins une obtention de données rapide et importante quant aux végétaux présents sur un site mais implique une zone de recherche localisée, nécessaire à la bonne conservation des grains de pollen.

1.1. Contexte de l'étude

1.1.1. Présentation du projet Trajectories

Le stage s'inscrit au sein du projet **Trajectories** soutenu par l'Initiative d'Excellence (IdEx) de l'Université Grenoble Alpes (UGA) (Université Grenoble Alpes, 2018). L'objectif de ce projet est de scénariser les trajectoires des socio-écosystèmes (SES) et de déterminer les enjeux de développement des territoires montagnards à travers une approche pluridisciplinaire (écologie, économie et sociologie notamment). Il se déroule sur trois vallées pilotes : la vallée de l'Arve, la vallée de la Maurienne et le pays de la Meije (vallée de la Romanche-vallée de la Guisane). À terme, ce dernier doit permettre de reconstruire les évolutions sociales, économiques et environnementales avant 1850 et proposer des scénarios futurs à partir de ces reconstitutions.

Le projet s'organise autour de différents axes de travail, à savoir : les socio-écosystèmes, les scénarios climatiques à l'échelle alpine, la biodiversité, l'agriculture en montagne ou encore l'industrialisation des régions de montagne. À terme, un diagnostic territorial permettra d'identifier les activités humaines structurantes et la façon dont elles interagissent avec le milieu. Enfin, les scénarios reconstitués seront soumis aux décideurs locaux afin de co-construire les territoires du futur (Université Grenoble Alpes, 2019). Dans ce contexte, le travail réalisé au cours du stage permet **de caractériser les dynamiques végétales et l'influence des activités humaines et du climat sur celles-ci à l'échelle de l'Europe et sur un lac alpin.**

1.1.2. Etude des lacs européens



1.1.2.1. *Etat des lieux des réseaux et observatoires des lacs en Europe*




Dans le contexte de changement climatique, les milieux lacustres sont particulièrement surveillés. Pour ce faire des réseaux de surveillance des lacs européens et en particulier alpins sont à l'origine de base de données chimique et biologique importantes (Tableau 1). Les données sur les lacs sont nombreuses mais relèvent souvent de protocoles différents ce qui les rend difficilement comparables. Le massif alpin étant plus influencé et plus vulnérable par les changements globaux, ce territoire est particulièrement étudié notamment à travers le programme « Grand Lacs Alpins » ou EuLAKES (European LAKes under Environmental Stressors) (CREA Mont-Blanc, 2018).

Les observatoires permettent la plupart du temps la réalisation de **suivis scientifiques**, souvent en lien avec le changement climatique, basés sur des mesures physiques ou chimiques. Les **sédiments**, quant à eux, ne sont pas systématiquement étudiés, demandant plus de matériel et de temps. À l'échelle européenne, un programme d'étude des lacs a été mis en place de 2012 à 2016 et a permis notamment la réalisation de mesures de températures, de décomposition de la matière organique et l'évaluation des

microplastiques. Des **programmes de gestion** sont aussi initiés afin d'évaluer la vulnérabilité de ces milieux face aux évolutions climatiques et socio-économiques, puis de proposer des méthodes de gestion adaptées aux contextes socio-économiques souvent touristique.

Tableau 1 : Etat des lieux des réseaux de surveillance et d'étude des lacs en France et en Europe

	Emprise spatio-temporelle	Lacs concernés	Mesures réalisées	Financement	Sources
Global Lake Ecological Observatory Network (GLEON)					
	Mondiale : Etats-Unis et Europe	Lacs de plaine et de montagne	Températures Vitesse du vent Oxygène dissous Radiations photosynthétiques actives	US National Science Foundation	(GLEON, s.d. ; 2013 ; Weathers et al., 2013)
Networking Lake Observatories in Europe (NETLAKE)					
	Européenne : 29/76 lacs suisses Programme d'une durée de 4 ans (2012-2016)	Lacs de plaine et de montagne	Températures a minima Taux de décomposition de la matière organique Echantillonnage des lacs afin d'évaluer la présence des micro-plastiques	European Cooperation in Science and Technology (COST)	(COST Association, 2017)
European Lakes Under Environmental Stressors (EULAKES)					
	Europe centrale : 4 lacs concernés Lac de Garde, IT Lac Balaton, HU Lac de Neusiedl, AT Lac de Charzykowskie, PL Programme de 2007-2013	Lacs de plaines	Etude des macrophytes par télédétection Application de scénarios climatiques (jusqu'à 2100) pour évaluer la vulnérabilité des lacs aux paramètres suivants : température, précipitations, vent et les impacts sur l'hydrologie	Co-financé par le Fond Européen de Développement Régional (ERDF)	(Istituto per il Rilevamento Elettromagnetico dell'Ambiente (IREA), 2013 ; European Union, 2014)

			Propositions de gestion adaptée à l'écologie et au contexte socio-économique.		
« Grands Lacs Alps » Programme Opérationnel Interrégional du massif des Alpes (POIA)					
	Alpes françaises, 5 lacs concernés : Léman Annecy Bourget Serre-Ponçon Sainte-Croix-du-Verdon Programme de 2016 à 2019	Lacs de montagnes	Suivis d'espèces et de milieux benthiques Sauvegarde de la faune patrimoniale Préservation adaptée à l'enjeu touristique	Etat français Fond Européen de Développement Régional (FEDER) Régions Auvergne Rhône-Alpes et Provence-Alpes-Côte d'Azur ; Agence de l'Eau Rhône-Méditerranée-Corse.	(Faure, 2016)
Systèmes d'Observation et d'Expérimentation au long terme pour la Recherche en Environnement (SOERE) Observatoire des Lacs Alps (OLA)					
	Alpes du Nord : en particulier les lacs du Bourget, d'Annecy et Léman	Lacs de plaine et de montagne	Prélèvements réalisés (température, O2 dissous) tous les quinze jours sur les trois lacs principaux Protocole allégé réalisé sur les autres lacs du dispositif		(Montuelle et al., 2018 ; Domaizon, 2016)
Réseau Lacs Sentinelles					
	Alpes françaises	22 lacs de montagne	Transparence de l'eau, réalisation d'un profil de sondes (pH, température, conductivité et oxygène dissous) Relevé des températures issues des thermistors placés au fond des lacs à minima	Fond Européen de Développement Régional (FEDER) Parcs Nationaux des Ecrins, de la Vanoise et du Mercantour Etat français	(Réseau lacs sentinelles, s.d. ; 2016 ; Parc National des Ecrins, 2016)

Les études et mesures de suivi des lacs en Europe permettent le recensement d'informations actuelles, contribuant à la création de **modèles futurs** ou l'établissement d'une **image actuelle des conditions biotiques et abiotiques** ainsi que des facteurs dégradants. Cependant, peu d'informations

sont obtenues concernant les évolutions passées de ces milieux, études nécessitant la collaboration avec d'autres sciences telles que la palynologie.

1.1.2.2. *Etudes des paléo-environnements en Europe*

Historiquement, les paléo-environnements (dynamiques végétales et activités humaines) sont souvent étudiés uniquement grâce à la palynologie, l'anthracologie et l'archéologie (De Beaulieu et al., 1993 ; David, 1997 ; Argant, Argant, 2000 ; Argant et al., 2009). L'étude des paléoclimats a quant à elle surtout été étudiée à travers l'analyse des isotopes d'oxygène piégés dans les glaces (CNRS, 2018).

La dénomination palynologie a été décrite la première fois par les botanistes H.A. Hyde et D.A. Williams en 1944 (Bruno, Olenorf, 1997). Il s'agit initialement de l'étude des spores et des pollens et s'étend par la suite à l'analyse des autres éléments fossilisés tels que les cryptospores ou les algues. Ce domaine d'étude permet une reconstitution des paléo-végétations, d'évaluer l'impact des activités humaines sur le développement des végétaux (déforestation, plantation de plantes commensales, graminées *etc.*) et des dynamiques végétales jusqu'à la limite Permo-Trias soit environ -250 millions d'années (Tewari et al., 2015). Les pollens et les spores que l'on retrouve dans les sédiments, sont soit issus de végétaux locaux et transportés par les eaux, l'air ou les animaux soit des pollens et de spores régionaux déposés par des pluies polliniques (Janssen, 1973). Cette technique a l'inconvénient de ne permettre que l'analyse des êtres vivants végétaux et l'étude des populations animale passe quant à elle par l'analyse des ossements, la taphonomie et l'étude des fossiles potentiellement présents (Bintz, Griggo, 2011).

A l'échelle de l'Europe de nombreuses études palynologiques des milieux lacustres ont été réalisées, permettant l'étude de milieux et climats variés tels que le pourtour méditerranéen (Fyfe et al., 2009) ou les pays scandinaves (Woodbridge et al., 2019). L'étude des pollens lacustres est également très répandue dans les Alpes car c'est un milieu présentant l'avantage de bien conserver les pollens (Richard, 1997 ; De Beaulieu et al., 2006). Le but principal des études palynologiques est souvent la reconstitution des paléoclimats (David, 1995 ; Court-Picon et al., 2005 ; Von Scheffer et al., 2019) mais de nombreux autres paramètres peuvent être étudiés à travers les pollens. Par exemple, des études engagées au lac de la Thuile (Bauges) portaient déjà sur l'analyse des pollens en lien avec le climat (mesures des isotopes d'oxygènes) (Magny et al., 2003 ; Argant et al., 2009) mais aussi les phénomènes d'érosion (Giguet-Covex et al., 2015 ; Bajard et al., 2017 ; 2016 ; Sabatier et al., 2013) et l'influence de l'occupation humaine (Béreiziat, 2010).

Les études palynologiques sont souvent réalisées sur des sites très **localisés** (Fyfe et al., 2009). Ce constat pousse à partir des années 1985 à réfléchir à la mise en commun des données disponibles sur le sujet. L'EDP est alors créée en 1989 pour répondre aux besoins de la communauté scientifiques. L'importance d'une telle base de données a rapidement été démontrée du fait de l'augmentation des données mondiales mais également de l'intérêt croissant d'utiliser des **modèles de végétations** pour étudier les dynamiques végétales et leurs liens au climat, à la pédologie ou à la présence de l'Homme (Miller et al., 2008 ; Sitch et al., 2008).

Les méthodes utilisées en palynologie présentent certaines limites notamment en termes de reconnaissances des espèces. En effet, il est bien souvent difficile de déterminer plus que le genre. Néanmoins les quantités de pollen sont aujourd'hui complémentaires aux autres méthodes. Depuis les années 1990, de nouvelles méthodes telles que les biomarqueurs, l'analyse de **l'ADN environnemental** ou encore les marqueurs fossiles non polliniques permettent d'être plus précis (Jacob et al., 2008 ; Doyen, 2012 ; Giguet-Covex et al., 2014 ; Doyen, Etienne, 2017). Ces nouvelles méthodes permettent

notamment d'améliorer les connaissances concernant les troupeaux domestiques (espèces et taille) et de d'être plus précis quant aux espèces végétales (possibilité de les déterminer parfois jusqu'à l'espèce). Combiner des données pollens et ADN lors de l'étude des dynamiques végétales semble pertinent car ces données apportent des renseignements à deux échelles imbriquées. En effet, les analyses ADN renseignent plus précisément sur le paysage local tandis que les pollens apportent une densité du taxon à l'échelle régionale (Giguet-Covex et al., 2015).

1.2. Intérêt et objectifs de l'étude

L'objectif de ce travail est de comprendre l'évolution des dynamiques végétales d'espèces clés au cours de l'Holocène, à travers les **interactions Homme-environnement** et notamment l'évolution des **pratiques agro-pastorales** mais aussi les données environnementales telles que le **climat** (températures, précipitations). La reconstitution des trajectoires des SES, permet d'améliorer les connaissances non seulement sur l'état actuel de certains milieux et ainsi d'expliquer leur vulnérabilité (risque d'érosion fort par exemple) mais également sur les déterminants à la fois climatique, démographique et sociaux (agriculture, pastoralisme) qui engendrent des **évolutions sur le long terme** des communautés végétales pour aboutir au SES actuel et prédire leurs évolutions.

1.3. Hypothèses de travail et problématique

1.3.1. Définition d'un socio-écosystème

Un constat déjà ancien montre que les sciences se sont divisées, d'une part, les **sciences humaines** visant à étudier l'Homme et les sociétés et d'autre part, l'écologie ou les **sciences du vivant** qui se sont attachées, elles, à étudier les écosystèmes dits « naturels ». La définition des socio-écosystèmes n'a pas vocation à créer une nouvelle discipline scientifique mais plutôt à reconnecter deux pôles de recherches finalement liés (Lagadeuc, Chenorkian, 2009). En effet, les sociétés humaines et les écosystèmes dits naturels (constitué du biotope et de la biocénose ainsi que de leurs interactions) apparaissent comme **indissociables**. Ils agissent sur les mêmes territoires et ont des dynamiques temporelles proches (Figure 1). En effet, on note des caractéristiques propres à la composante humaine et à la composante géophysique du SES mais aussi des interactions inaliénables entre ces deux composantes au sein de ce que l'on nomme le **paysage**. Ces deux composantes bien que régies par une organisation propre, sont plus ou moins fortement soumises aux mêmes facteurs extérieurs tels que le climat ou les facteurs politiques et économiques. En effet, le climat influence plus fortement la composante écologique, car au fil du temps l'Homme a cherché à s'affranchir le plus possible de l'influence du climat. Cependant, la composante sociale est quant à elle plus fortement influencée par le facteur politique qui régit l'organisation de la société et de nombreuses actions au sein de celle-ci mais elle influence aussi, dans une moindre mesure, la composante écosystémique au travers de politiques et conventions environnementales.

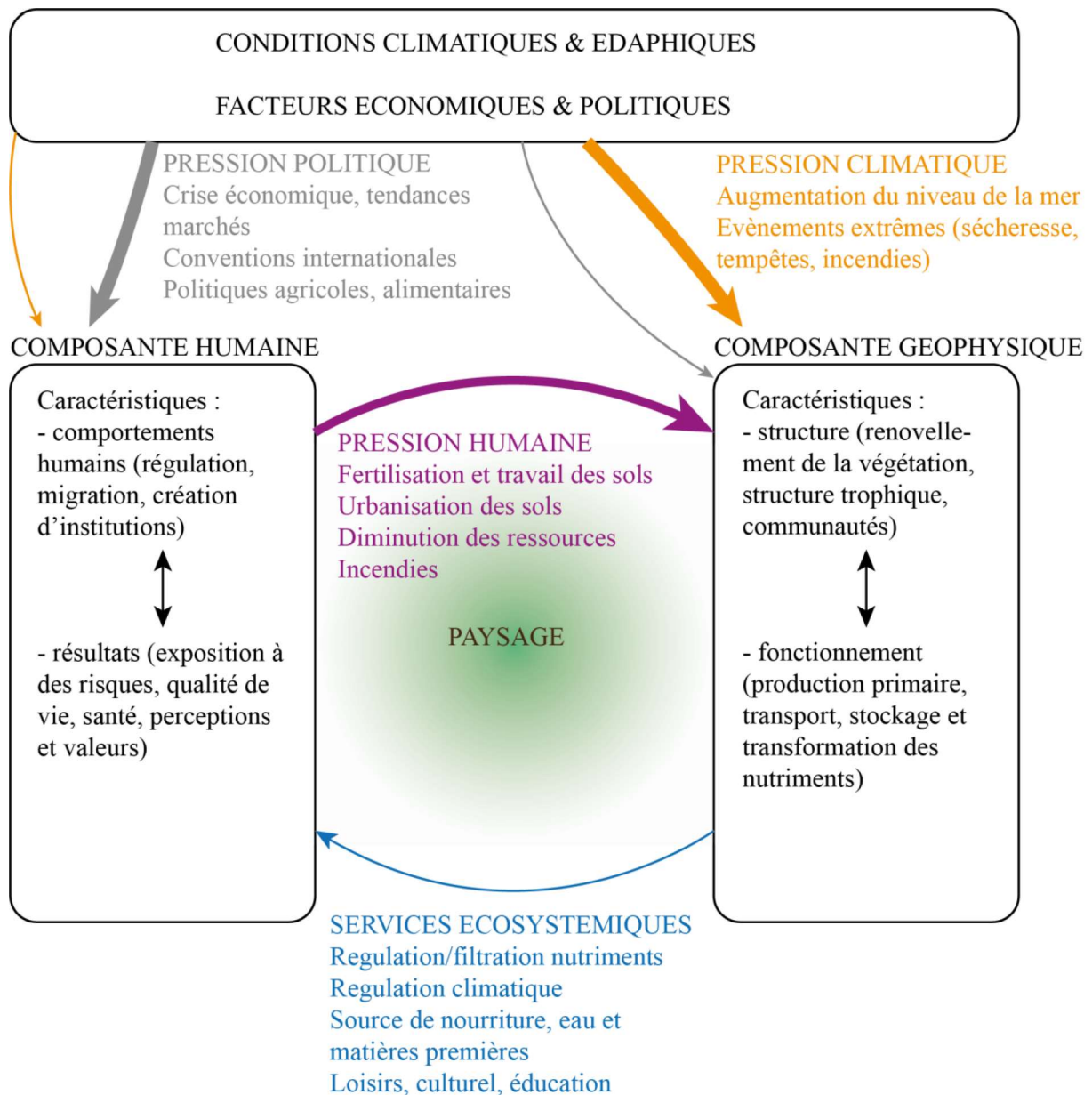


Figure 1 : Schéma conceptuel du socio-écosystème. Guichardon, 2019 (d'après US Long Term Ecological Research Network (US LTER), 2007 ; Lescourret et al., 2015 ; Millennium Ecosystem Assessment, 2005 ; De Chauvelin, 2017).

Le terme socio-écosystème apparaît dans les années 1970 et était à l'origine utilisé dans le domaine médical (De Chauvelin, 2017). Les SES correspondent à des systèmes couplant les sociétés et la nature (Liu et al., 2007), ce qui revient finalement à redéfinir les écosystèmes en considérant l'ensemble de la biocénose et en intégrant l'Homme comme une composante active du système. On pourrait également envisager de penser les SES tels que des réseaux à différentes échelles des deux composantes : environnement et société (Isabelle Boulangeat et Nicolas Buclet, communications personnelles, 13 mai 2019 et 22 mai 2019). Néanmoins, le concept de SES a de nombreuses définitions et les réflexions à ce sujet sont sans cesse alimentées par une communauté de chercheurs multidisciplinaire (notamment au sein de groupes de travail tel que ceux du projet Trajectories) (Trajectories, 2018 ; 2019). Pour la suite du travail, nous définirons alors un socio-écosystème comme étant un **système global** intégrant la **biocénose**, les **sociétés humaines** et l'ensemble de leurs **interactions**.

1.3.2. Problématique

La présence de la vie sur Terre est datée de -3,5 à -3,8 milliard d'années, l'Homme quant à lui apparaît à partir de -4 millions d'années. Les connaissances scientifiques actuelles nous permettent de savoir qu'il y a eu, au cours de l'évolution des êtres vivants, des variations climatiques et géologiques importantes. Nous savons également que de tous temps l'Homme impacte plus ou moins profondément son milieu. La plupart des enregistrements palynologiques complets obtenus lors de forages couvrent uniquement les périodes de l'Holocène et la fin du Pléistocène marqué par la dernière glaciation (soit jusqu'à environ 21 000 ans). Des données plus anciennes existent mais elles sont souvent discontinues et incomplètes, contraignant ainsi l'étude à l'Holocène. Il s'agit alors ici d'évaluer **quel(s) impact(s) ont les activités humaines (pastoralisme, agriculture) et le climat sur les dynamiques végétales (colonisation ou extinction) en Europe au cours de l'Holocène ?**

Afin de répondre à cette problématique nous utiliserons **huit espèces cibles** et les données pollens de l'EPD. Par manque de données compilées à ce jour, notre volonté d'associer les données ADN aux données polliniques et de mettre en regard les dynamiques végétales à l'échelle de l'Europe et des Alpes n'aboutira pas, la zone d'étude considérée sera donc l'Europe. Après une présentation de la méthode employée, les résultats de la modélisation et des réflexions autour de l'apport des données ADN seront abordées. Enfin, la discussion de ces résultats permettra de proposer des éléments de réponse et approchera les limites de la méthode.

2. MATERIELS ET METHODES

Pour mener à bien l'étude des socio-écosystèmes au cours de l'Holocène, le travail s'est déroulé en deux phases. Dans un premier temps, les données polliniques sont extraites de la base de données puis mises en forme afin de permettre leur analyse sous R (R Development Core Team, 2005) principalement. Enfin les analyses issues des logiciels et des modèles sont mises en lien avec des données pédologiques, climatiques et sociales. L'ensemble des scripts utilisés pour la mise en forme et l'analyse des données ainsi que le modèle sont disponibles à l'adresse suivante : <https://gitlab.com/lguichar/paleoveg> ainsi qu'en ANNEXE A, ANNEXE B, ANNEXE C, ANNEXE D et ANNEXE E.

2.1. Cadre spatio-temporel

2.1.1. Les sites d'études

À l'échelle de l'Europe, seuls les pollens sont étudiés pour les sites extraits de l'EPD tandis que le lac de La Thuile sera lui étudié à travers les données polliniques et ADN réalisées par EDYTEM.

2.1.1.1. En Europe

L'étude est menée à l'échelle de l'Europe et à partir de l'EPD. Cette dernière compte au total **1559 sites** répartis sur l'ouest de l'Eurasie. Après une première sélection (voir § 2.2. Obtention des données et travail préliminaire) nous n'étudions que **785 sites** (Figure 2), dont le plus au nord est celui de Trollvatnet en Norvège et le plus au sud, celui de Tenaghi Philippon en Grèce.

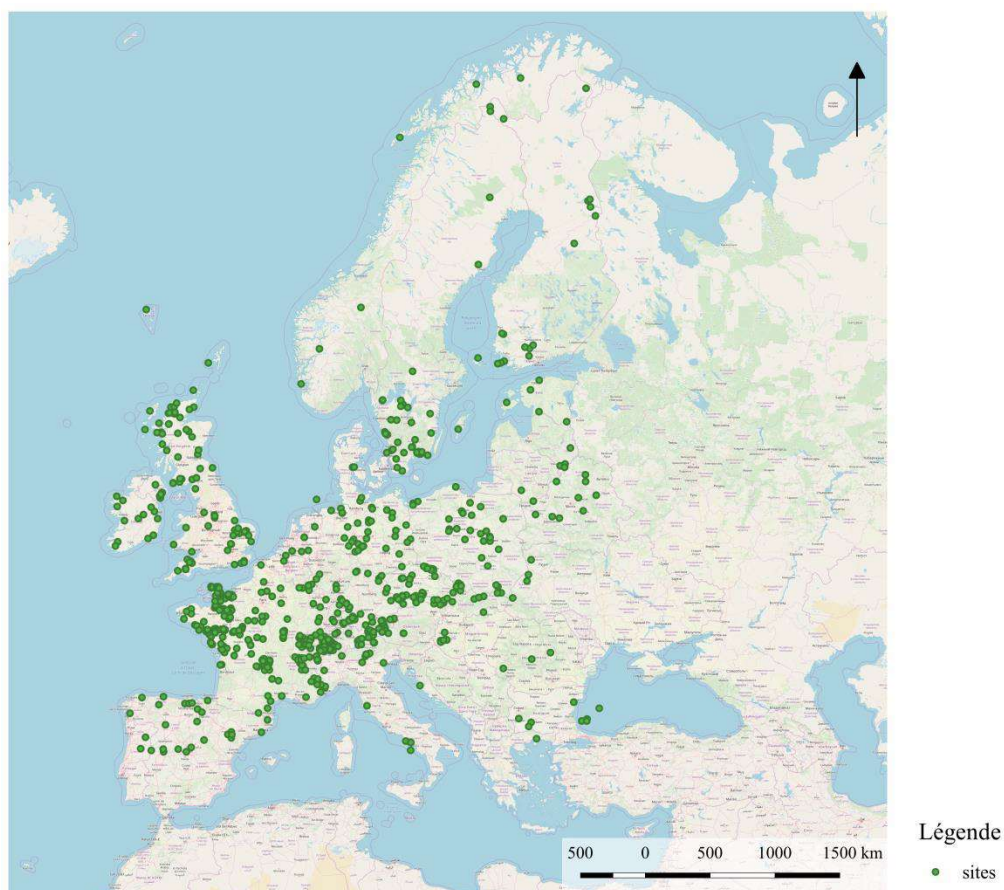


Figure 2 : Répartition spatiale des sites européens étudiés. Guichardon, 2019. Sources : EPD, Open Street Maps, (Équipe de développement de QGIS, 2016).

La densité de site est plus importante à l’ouest de l’Europe (plus de sites en Angleterre, France) qu’en Ukraine ou pays de l’est. Malgré une sélection des sites en termes de superficie, une hétérogénéité en terme de gradients altitudinal, latitudinal et longitudinal permet d’avoir un échantillon de sites diversifiés sur l’ensemble du territoire. Pour confronter l’apport des pollens et de l’ADN en termes de dynamique végétales, un lac supplémentaire est étudié : le lac de **La Thuile**.

2.1.1.2. Le lac de la Thuile, un lac alpin du massif des Bauges

L’étude des sites de montagne voire de haute montagne implique des conditions particulières notamment en termes de climat. Ce sont également des zones où l’on trouve plus d’espaces protégées et/ou réglementées avec une biodiversité importante et une agriculture souvent tournée vers le pastoralisme. Ces espaces jouissent également d’une économie en lien avec le milieu puisque les sports d’hiver, la randonnée, l’escalade et autres sport de nature sont bien souvent une part importante de l’économie locale.

Le choix du lac préalpin de La Thuile est un choix technique car les données permettent d’avoir à la fois des données ADN et des comptages de pollens sur ce lac. Celui-ci est localisé dans le **massif subalpin des Bauges** et a la particularité de se situer à basse altitude tout en étant isolé de la plaine de Montmélian par un rebord des Bauges abrupte. Les roches de son bassin versant sont principalement carbonatées et les dépôts glaciaires rencontrés sur le site sont très souvent locaux et en mélange avec des matériaux allochtones (Bajard, 2016).

2.1.2. Période d'étude : l'Holocène

L'Holocène est une période historique qui s'étend de **-12 000 ans à aujourd'hui** (Figure 3). Cette période se caractérise par une évolution notable des modes de vie et de l'organisation sociale humaine et une forte augmentation démographique. Au niveau géologique, elle se divise en trois étages : le Greenlandian, le Northgrippian et le Meghalayan (Head, Gibbard, 2015 ; ICS, 2018). Au niveau climatique, elle est marquée par la fin de la glaciation du Würm et un réchauffement progressif des températures (Julien, 2017), entraînant des variations climatiques mais également au niveau de la répartition des espèces animales et végétales.

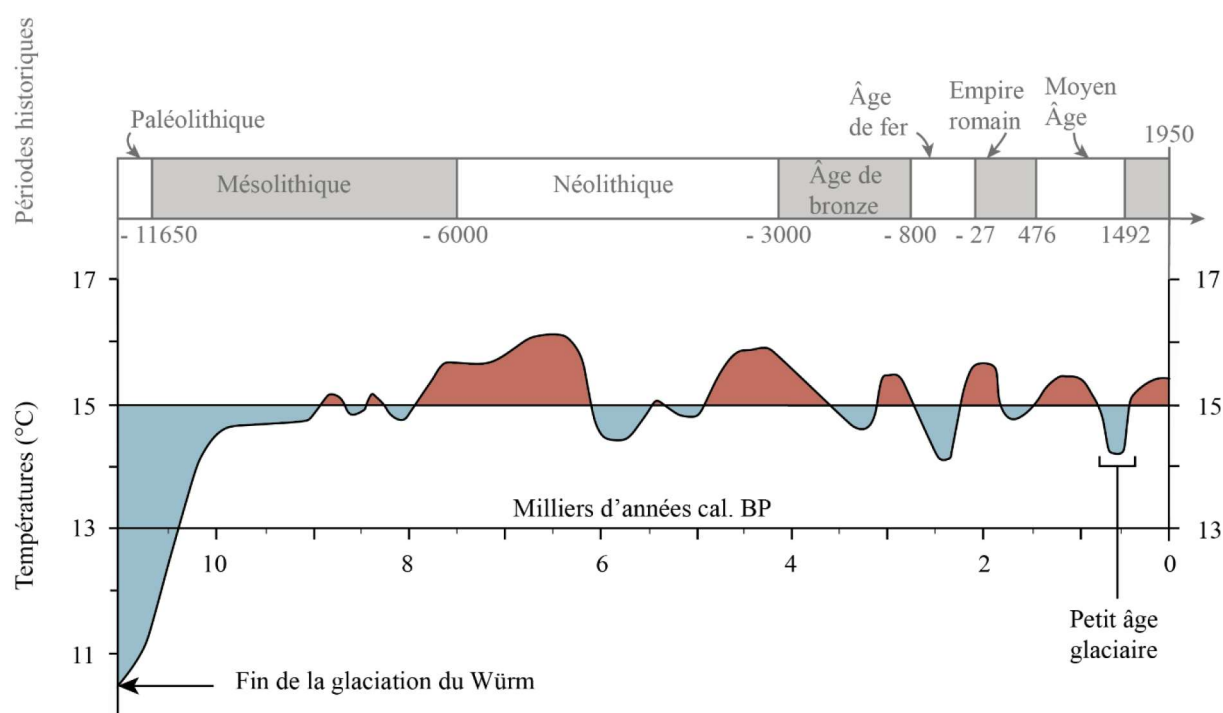


Figure 3 : Frise de l'Holocène. Guichardon, 2019 (d'après Dansgaard et al., 1969 ; Schönwiese, 1995 ; Debret, 2008 ; Berger et al., 2019).

L'Holocène est pour certains auteurs suivi de l'Anthropocène mais la transition entre ces deux périodes n'a pas la même origine pour tous : début du 18^{ème} ou 1950. Il s'agirait d'une nouvelle période géologique pour laquelle l'impact de l'Homme sur les processus terrestres se fait fortement ressentir. Pour l'ICS (International Commission on Stratigraphy), l'Anthropocène n'a pas encore été validé bien que sa reconnaissance en tant qu'unité stratigraphique ait été voté favorablement (Waters et al., 2019).

L'étude des paléo-végétations et de leurs dynamiques se déroule donc sur l'ensemble de l'Holocène et **785 lacs européens** sélectionnés à partir de l'EPD ainsi qu'un lac alpin.

2.2. Obtention des données et travail préliminaire

2.2.1. Les données polliniques extraites de l'EPD

Les données de l'EPD, créée en 1989 (Jacobson, Berglund, 1989) proviennent de campagnes scientifiques européennes ou nationales suivant les sites. Les données pollens sont des comptages (Institut Méditerranéen de Biodiversité et d'Ecologie (IMBE), 2016) et non des pourcentages de pollens total comptés sur le site (tourbières ou lacs). Près de **1 108 scientifiques** ont étudiés les pollens et ont

fournis les données de l'EPD, il est alors possible que la réalisation des analyses ait différé d'une étude à l'autre. Il serait intéressant d'entreprendre de vérifier les données et leur exactitude dans le futur (Laeq, 2013).

Le travail préliminaire consiste à sélectionner les sites d'étude. En effet, les sites ne remplissant pas les critères de **superficie** et **d'altitude** sont retirés du jeu de données. Tout d'abord, la superficie totale du site devait être comprise entre 5 et 100 ha : les sites trop petits ou trop grands pouvant contenir des quantités de pollens peu révélatrices du paysage environnant (Theuerkauf, Couwenberg, 2017). D'autre part, la différence entre l'altitude observée et celle extraite du MNT (Modèle Numérique de Terrain) à une résolution de 90m doit être limitée à 100m (Mauri et al., 2017). En effet, cette opération permet de repérer et de supprimer d'éventuelles erreurs de localisation des sites si la différence d'altitude est trop élevée. Les **sites présent au sein d'une même cellule** (50km × 50km) sont **groupés** afin de permettre une meilleure estimation des dynamiques de ces cellules et de limiter la pseudo-réplication due à une auto-corrélation spatiale. Cette première phase a permis d'aboutir à la table de transition suivante (Tableau 2) :

Tableau 2 : Exemple d'observation de la table de transition pollen Abies

Avec *cells* correspond à la cellule raster de 50km par 50km, *t1* (resp. *t2*) à période 1 (resp. 2) de la transition (voir code période Tableau 3), *somme.t1* (resp. *somme.t2*) la somme des pollens comptés au cours de la période 1 (resp. 2), *tr* correspond à la transition constaté pour le taxon étudié (voir Tableau 4).

Cells	t1	t2	Somme.t1	Somme.t2	Tr
19016	2	3	0	0	AA
19016	3	4	0	1	AP
19016	4	5	1	0	PA
19016	5	6	0	0	AA
20834

Il a été choisi d'étudier la dynamique végétale de **12 000 à 500 ans** calibrés Before Present (cal. BP, calibré signifie que le présent est défini à l'année 1950) or nous souhaitons étudier les dynamiques passées et avant 500 ans cal. BP les échantillons sont considérés comme des échantillons modernes (Prentice et al., 1996). De plus, les dynamiques seront étudiées tous les **500 ± 200 ans** cal. BP afin de maximiser le nombre d'échantillons avec des pollens. Un code a été attribué à chaque tranche temporelle (Tableau 3) comme suit :

Tableau 3 : Table de correspondance des codes période aux dates cal. BP.

Code période	Période (cal. BP)
1	300 - 700
2	800 - 1200
3	1300 - 1700
4	1800 - 2200
5	2300 - 2700
6	2800 - 3200
7	3300 - 3700
8	3800 - 4200
9	4300 - 4700
10	4800 - 5200
11	5300 - 5700
12	5800 - 6200

13	6300 - 6700
14	6800 - 7200
15	7300 - 7700
16	7800 - 8200
17	8300 - 8700
18	8800 - 9200
19	9300 - 9700
20	9800 - 10200
21	10300 - 10700
22	10800 - 11200
23	11300 - 11700
24	11800 - 12200

Tableau 4 : Correspondance des transitions aux Présence/Absence de pollens

	Absence de pollen du taxon à t1	Présence de pollen du taxon à t1
Absence de pollen du taxon à t2	Absence-Absence = AA	Présence-Absence = PA Extinction
Présence de pollen du taxon à t2	Absence-Présence = AP Colonisation	Présence-Présence = PP

Les dynamiques végétales étudiées ici sont la **colonisation** ou l'**extinction** d'un site par un taxon. Celles-ci sont définies comme étant la transition entre l'absence (*resp.* la présence) du taxon à un temps t1 à la présence (*resp.* l'absence) de ce même taxon à un temps t2 pour la colonisation (*resp.* l'extinction).

Ainsi l'observation en exemple (Tableau 2) représente pour la cellule numéro 19016 une absence de l'espèce considérée (ici *Abies*) entre la période 1000± 200 ans cal. BP à 1500± 200 ans cal. BP, une colonisation d'*Abies* entre 1500± 200 ans cal. BP et 2000± 200 ans cal. BP et une extinction entre 2000± 200 ans cal. BP et 2500± 200 ans cal. BP.

Enfin, pour chaque cellule, les valeurs des variables sont extraites et ajoutées pour constituer la **table de transition finale**, jeu de donnée de base du modèle (Tableau 5).

Tableau 5 : Extrait de la table de transition finale d'*Abies*

Avec **temp.t2**, température moyenne pour la période t2, **prec.t2**, précipitations moyenne à la période t2, **prop.dif** différence de proportion de pollen de céréales entre t1 et t2, **popd.t2**, la densité de population à t2, **elev**, l'altitude et **sand** le pourcentage de sable dans le sol.

Cells	t1	t2	count.sum.t1	count.sum.t2	tr	temp.t2	prec.t2	prop.dif	popd.t2	elev	sand
19016	3	2	0	0	AA	3.85	517.63	-0.0264	0.651	22.3	87

Les données alors obtenue sont vérifiées selon une suite d'étapes précises afin d'en assurer l'exactitude.

2.2.2. Protocole de vérification des données pollens

La vérification des données obtenues s'est effectuée en deux étapes. Tout d'abord, cela consiste à rechercher les **valeurs extrêmes** ou qui semblent aberrantes. Pour cela, sont vérifiés les points suivants :

- Nombre d'observations dans la table de transitions finale. *Est-il identique aux précédentes tables réalisées pour cette espèce ?*
- Application de la fonction Summary() aux variables température, précipitations et densité de population à t2 (temp.t2, prec.t2, popd.t2), différence de proportion de pollen (propdif), sol (sand) et altitude (elev). *Quelle est la répartition des données ? La moyenne est-elle de zéro et l'écart-type de 1 (variable centrée-réduite) ?*
- Réalisation d'un pairs plot avec l'histogramme de la répartition des valeurs de chaque variable. *Peut-on identifier des valeurs extrêmes ? Y-a-t-il des variables trop corrélées ?*

Cette phase permet alors d'identifier des dysfonctionnements ou des problèmes au sein du jeu de données. La seconde phase consiste alors à essayer de remonter à la **source** de l'incohérence identifiée. Pour cela, l'histogramme des valeurs de la variable est réalisé et l'on cherche à identifier *quel(s) site(s) sont en cause ? Quelle(s) période(s) ?*

Les mêmes opérations sont réalisées pour la mise en forme des données ADN, dont l'origine et la préparation sont spécifiques.

2.2.3. Les données ADN : origine, extraction et précautions

L'obtention des données ADN se fait en deux temps. Tout d'abord, un travail de **terrain** est réalisé afin d'extraire les carottes sédimentaires nécessaires à l'obtention des pollens et de l'ADN. Pour le lac de La Thuile, une carotte **de 18m de long** a été extraite au point le plus profond du lac (environ 8 m) en avril 2010 (coordonnées : N45° 31.813', E6° 03.394' et en WGS84 : lat = 45.5302167, long = 6.056566666666667). Le carottage a été réalisé en utilisant une plateforme Uwitec et un équipement de carottage. La séquence de sédiment (THU10, ISGSN : IEFRA00BB – le code ISGN renvoie à une base de données internationale : www.geosamples.org) est composé de deux carottes qui se recoupent, THU10-01 et THU10-02, constituées respectivement de sept et neuf sections. La seconde carotte a été extraite avec un déplacement de 1m en profondeur afin de s'assurer d'obtenir une séquence chronologique continue. La suite de l'extraction des données ADN se déroule en laboratoire.

Au **laboratoire** d'EDYTEM, les carottes sont **photographiées** avec une résolution très importante et des **lames minces** sont réalisées à base de résine. Concernant l'analyse pollinique, au total **68 échantillons** de 1cm³ ont été prélevés tout le long de la séquence entre 0.3 et 6.3m à des intervalles de 2 à 10 cm, dépendant du taux de sédimentation. Les échantillons ont été préparés selon la méthode classique d'acétylation et à l'acide fluorhydrique (Fægri et al., 1989). La somme de pollen était au minimum de 500 grains, sans tenir compte des plantes aquatiques et des fougères. La chronologie de la carotte de sédiments issue du lac de La Thuile a été établie grâce à **15 mesures au carbon14** de macrorestes présents dans les sédiments (bois, feuilles, écorce *etc.*) ainsi que des mesures de radionucléides à courte durée de vie et paléomagnétisme. Les mesures 14C ont été réalisées grâce à un spectromètre de masse par accélérateur (SMA) au Poznan Radiocarbon Laboratory (Pologne) et au Laboratoire de Mesure 14C (LMC14) ARTEMIS au CEA (Commission d'Energie Atomique) de Saclay. Les datations 14C sont ensuite converties en un calendrier grâce à une courbe de calibration IntCal13 (Reimer et al., 2013) et le modèle d'âge a été généré grâce au logiciel R et au package 'Clam' version 2.2 (Blaauw, 2010).

La méthode de l'**ADN metabarcoding** est utilisée pour extraire les fragments d'ADN. La première étude utilisant cette méthode date de 1990 (Giovannoni et al., 1990). Cette méthode consiste à utiliser uniquement l'ADN extracellulaire, afin d'éviter une trop forte représentation/surévaluation des espèces déterminées grâce aux macrorestes par rapport aux espèces présentes (Giguet-Covex et al., 2015). La méthode du metabarcoding utilise des codes-barres de l'ADN qui permettent de discriminer

les taxons. Cela nécessite d'être méticuleux pour éviter au maximum la migration de l'ADN plus en profondeur le long du tube lors du carottage, de l'eau peut également migrer le long des tubes de carottage ; dans les deux cas cela peut entraîner le mélange d'ADN récent avec les couches plus profondes. La surface de la carotte est également enlevée car elle a été en contact avec l'air et donc potentiellement soumise à des contaminations.

2.3. Sélection des données : taxons et co-variables.

Les données utilisées sont majoritairement limitées par leur **disponibilité** et leur **précision**. En effet, les taxons identifiés grâce aux pollens sont souvent limités au genre végétal et les types de paléo-données sont quant à elles contraintes par la période temporelle choisie pour l'étude.

2.3.1. Choix des taxons cibles

Les taxons choisis reposent dans un premier temps sur les taxons disponibles dans l'EPD et présent à la fois dans l'EPD et les données ADN afin de permettre la comparaison des deux méthodes par la suite. Ils sont caractéristiques de biotopes variés et indicateurs de différents milieux. D'une part, sont choisis des taxons **arborés** (conifères et feuillus), mais aussi des taxons au comportement plutôt pionnier, des taxons **herbacés** indicateurs de milieux ouverts et enfin des taxons **rudéraux** indicateurs d'une activité humaine (Jorda, Rosique, 1994 ; Harlé, 2009 d'après Jacamon, Girardet, 2011 ; Giguët-Covex et al., 2015).

Au total huit taxons sont étudiés sur l'ensemble des sites européens et le site de La Thuile.

Les dynamiques des taxons **forestiers** seront étudiées à travers les taxons *Ulmus*, *Fagus*, *Abies* et *Juniperus*. *Ulmus* et *Fagus* permettent l'étude des dynamiques de taxons feuillus de climat tempéré. De plus, *Ulmus* est un taxon post-pionnier. *Abies* quant à lui permettra l'étude des dynamiques d'un taxon forestier résineux de **climat plutôt froid** (Rameau et al., 1989). Le taxon *Juniperus* permettra l'étude d'un arbuste pionnier (Gauthier, 2004) de milieu sec et aride. Ces taxons permettront de mettre en évidence l'influence du paramètre climatique mais aussi de l'action de l'Homme (déforestation notamment).

Les taxons suivants : *Tilia*, *Plantago* et *Rumex* sont des taxons rudéraux, c'est-à-dire qu'ils sont inféodés aux zones d'occupation humaines, ils permettront surtout de définir l'**impact de l'Homme** sur les milieux. *Tilia* a été sélectionné car il s'agit d'un taxon arboré inféodé à l'Homme depuis de nombreuses années (Bridonneau, 2012 ; Arbre & Paysage 32, [sans date]), ce taxon devrait permettre au moins à partir du moyen âge (1474 à 458 cal. BP correspondant aux périodes 1,2 et 3) de relier une présence humaine à sa dynamique. Les informations que l'on peut retirer de ces deux taxons sont variables : *Rumex* est un taxon plutôt **indicateur de pastoralisme** car nitrophile, il met en évidence notamment les zones de reposoir où stationne les bêtes, ce taxon peut également traduire la présence de culture et notamment de céréales d'hiver (Behre, 1981). *Plantago* quant à lui indique des usages des sols distincts (Iversen, 1949 ; Fægri et al., 1989). *Plantago lanceolata*, est une espèce indicatrice d'un bon équilibre en eau et en matière organique ainsi que d'une bonne activité microbienne aérobie, c'est une plante que l'on retrouve dans les bonnes prairies de pâturage (Richard, Gery, 1993). A l'inverse *Plantago major* et *Plantago media* sont des espèces indicatrices d'un compactage du sol et piétinement des prairies par le bétail et d'un sol au pH élevé provoquant le blocage du phosphore et du potassium ou d'un travail du sol. Les pollens disponibles dans l'EPD sont à la fois des pollens de *Plantago lanceolata* et *Plantago media*.

Enfin, le taxon *Artemisia* est une espèce herbacée ayant besoin de beaucoup de lumière et sont donc **indicatrices de milieux ouverts**. La majorité des espèces de ce taxon se rencontrent sous des climats plutôt chauds et des sols rocheux peu végétalisés (moraines, éboulis). Ce taxon permettra de mettre en évidence les phases d'ouvertures des milieux liés à l'Homme (déforestation, cultures, pastoralisme) ou à des événements climatiques par exemple.

Les données de l'EPD renseignent au minimum sur le genre des espèces végétales (ANNEXE F), par exemple pour le taxon *Abies*, il existe des données pour « *Abies* », « *Abies alba* » ou encore « *Abies undifferentiated* ». Pour faciliter l'analyse, les différentes catégories inscrites dans l'EPD sont groupées sous le même taxon.

2.3.2. Choix des co-variables et choix des bases de données utilisées

Afin de mettre en lien les données pollens avec l'environnement du site et la période correspondante, nous avons choisi d'étudier six variables complémentaires : le climat (température et précipitations), la densité de population, la proportion de taxon céréalière sur le site considéré, le type de sol et l'altitude. Les données sont issues de différentes bases de paléo-données présentées ci-après :

Les données de **densité de population** proviennent de la base de données **HYDE** (History Database of the Global Environment). Cette dernière a été développée par des chercheurs néerlandais (Klein Goldewijk, 2001) et regroupe de nombreuses informations historiques notamment de population et d'utilisation des sols au XX^{ème} siècle. Nous utilisons aujourd'hui les données de la version trois de la base (Klein Goldewijk, Van Drecht, 2006). Cette dernière présente, en effet, certains avantages. Elle est libre d'accès et la résolution est plus grande, on passe d'une résolution de 30 degrés min à 5 degrés min (50 km) et couvre toute la période de l'Holocène (à savoir -12 000 environ à nos jours) (Klein Goldewijk et al., 2010). Il y a aussi plus de données à l'échelle régionale (Klein Goldewijk, 2005) pour la population à la fois rurale et urbaine.

La densité de population estimée par HYDE se base sur des données historiques de **recensement** de la population et des estimations déjà réalisées à partir de nombreuses variables telles la distance à un point d'eau, le climat ou encore la pente (topographie). Par exemple, pour la France les données sont issues des sources suivantes (Tableau 6) :

Tableau 6 : Origine et périodes des données démographiques utilisées dans HYDE pour la France.

Origine des données	Périodes
Populstat	Depuis 1801 Anno Domini (AD)
Maddison, 2001	Depuis 0 AD
(McEvedy, Jones, 1978)	Estimation tous les 400ans depuis 7000 Before Christ (BC)
(Russell, 1972)	Depuis 400 AD
Cippola, 1994	Depuis 1000 AD
(De Vries, 2013)	Depuis 1500 AD

Enfin, les données ne sont disponibles uniquement tous les 1000 ans, nous avons donc réalisé une interpolation des données tous les 500 ans suivant un modèle linéaire et une moyenne est calculée pour la valeur manquante.

ESDAC (European Soil Database Center) : La base de données des sols européens est d'abord mise en place afin de répondre à la demande de données internationales au sein de l'Union Européenne. La Direction Générale de l'Environnement (DGENV) de la Commission Européenne, le Centre

Commun de Recherches (CCR) et Eurostat (le service statistique de la Commission Européenne), ensembles avec l'Agence Européenne pour l'Environnement (AEE) ont développés le concept de « Environmental Data centres » (Panagos et al., 2012) dont fait partie l'ESDAC. L'origine des données de la base est multiple (Figure 4), les données sont variées (cartes, rapports scientifiques, bibliothèque de vecteur ou raster *etc.*) et sont disponibles à différentes échelles (européenne, nationale, régionale).

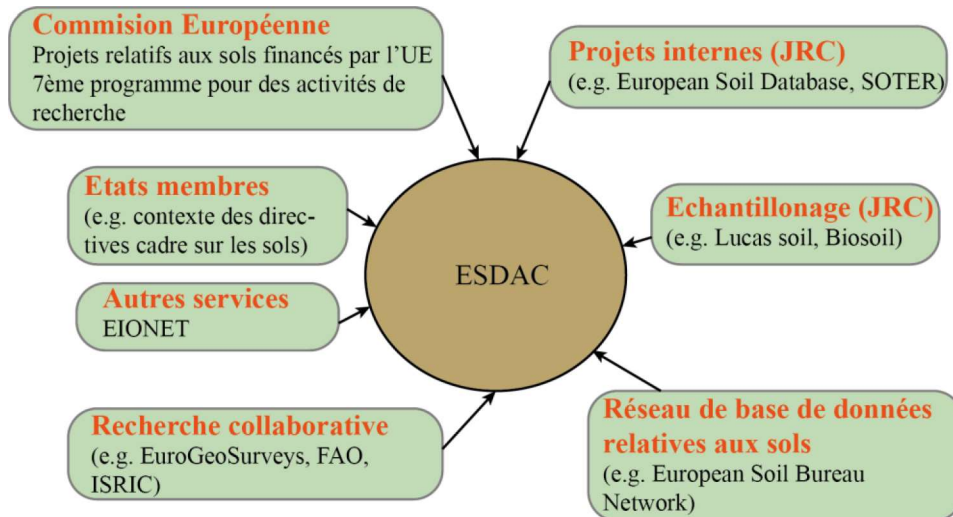


Figure 4 : Origine des données de l'ESDAC. Guichardon, 2019 (d'après Panagos et al., 2012).

Les sols sont regroupés en **unités typologiques** (STU = Soil Typological Units) mais à l'échelle de l'Europe (1 : 1.000.000), elles sont difficilement représentables et sont alors regroupés en unités de cartographie (SMU = Soil Mapping Units), cela produit alors des associations pédologiques. Toute l'Europe est couverte et une communauté européenne de pédologie et d'utilisateurs de la base se met en place autour de ce projet néanmoins il manque encore des efforts d'harmonisation et de précision des données à réaliser afin de répondre à tous les besoins des utilisateurs (Panagos, 2008).

Les données utilisées sont des données de propriétés des sols (pourcentage de sable (Panagos et al., 2012) à destination de la modélisation principalement. Ces données sont dérivées des cartes de STU et sont à la résolution de 1km × 1km (Hiederer, 2013a ; 2013b)

KISSMig (Nobis, Normand, 2014): Le **climat passé** est simulé grâce à un modèle général des circulations basé sur le Hadley center climate model (= HAD3 (Singarayer, Valdes, 2010) , associant un modèle atmosphérique, un modèle océanique et un modèle des glaces marines. Ce modèle permet alors de produire des cartes des températures et des précipitations passées à une résolution de 15km × 15 km (Espíndola et al., 2012 ; Maiorano et al., 2013). Les données paléoclimatiques utilisées sont les **températures moyennes annuelles** et les **précipitations moyennes annuelles** du package R KISSMig (Nobis, Normand, 2014) à la résolution de 10km × 10 km. Ces données sont disponibles tous les 1000 ans jusqu'au dernier maximum glaciaire à savoir 21 000 cal. BP et pour l'ensemble de l'Europe (WSL, 2017).

Ainsi, les sites sélectionnés présentent, pour plus d'un tiers, entre 40 et 50% de sable dans la composition du sol et deux tiers des sites se situent entre 0 et 500m d'altitude (Figure 5a et 5b).

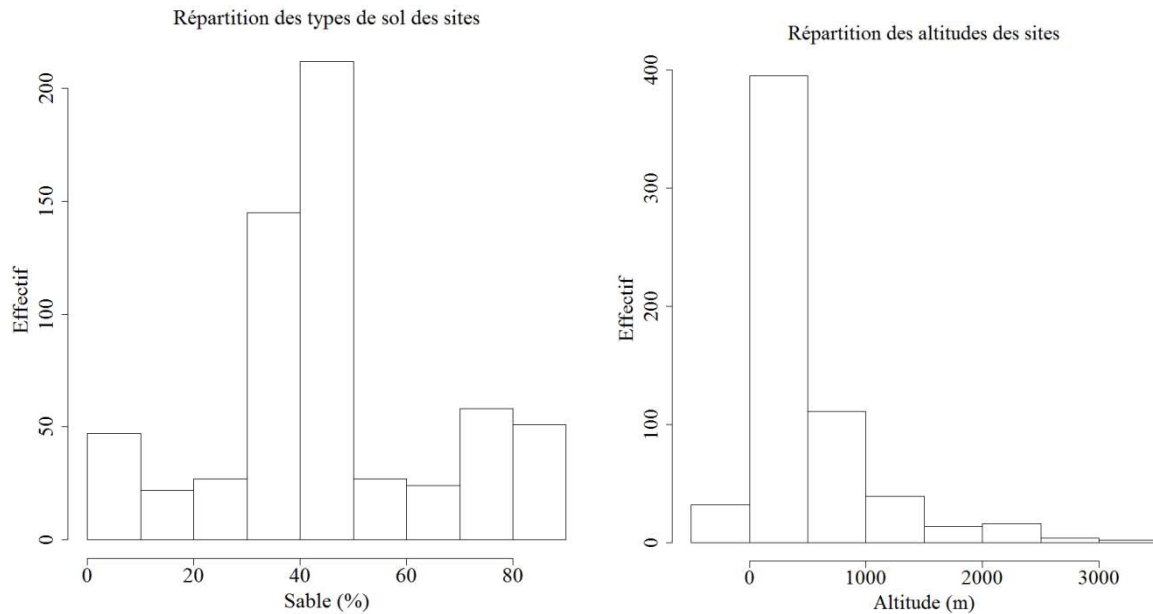


Figure 5 : a- Répartition des sites en fonction de la proportion en sable dans le sol, b- Répartition des sites en fonction de l'altitude.

L'influence des différentes variables sur les dynamiques végétales des huit taxons sélectionnés est ensuite évaluée grâce à un modèle probabiliste.

2.4. Description du modèle

2.4.1. Basé sur la théorie des métapopulations

Une nouvelle méthode d'analyse de la distribution des espèces particulièrement appropriée aux données temporelles est utilisée (Talluto et al., 2017). Le modèle est basé sur la **théorie des métapopulations** de Levins (Levins, 1969). Il définit une métapopulation (Levins, 1970) comme étant une “ *population constituée d'un ensemble de sous-populations, chacune d'entre elles ayant une espérance de vie limitée et étant soumise à une balance stochastique entre extinctions et recolonisations* ”. Les patchs sont alors occupés (*resp.* inoccupés) ce qui correspond à une présence (*resp.* absence) du taxon considéré. Les sous-populations aussi appelés patch peuvent interagir par des échanges génétiques par dispersion, les **métapopulations** se forment souvent après une fragmentation de l'habitat et la persistance d'une métapopulation est permise par l'équilibre entre colonisation et extinction.

Une variable « temps » discrète est utilisée (tous les 500 ans +/- 200 ans) ainsi la dynamique d'occupation des patchs de la métapopulation peut être conceptualisée par une chaîne de Markov avec un vecteur P_t , $P_{t,0}$ correspondant à un patch inoccupé et $P_{t,1}$ à un patch occupé à un temps t et une matrice de transition S tel que $P_{t+1} = P_t S$

$$S = \begin{bmatrix} 1-N*aC & N*aC \\ aE & 1-aE \end{bmatrix}$$

avec aC , fonction de colonisation et aE fonction d'extinction et N fraction du territoire étudié où le taxon est présent. Ici N vaut 1 car seuls les sites où le taxon est présent sont sélectionnés.

Les probabilités de colonisation et d'extinction sont estimées comme étant des fonctions des variables environnementales comme suit :

$$aC \sim \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \beta_3 X_3 \text{ avec } \beta_i \text{ les différentes variables utilisées et } X_i \text{ la matrice de données}$$

$$aE \sim \alpha_0 + \alpha_1 X_1 + \alpha_2 X_2 + \alpha_3 X_3 \text{ avec } \alpha_i \text{ les paramètres et } X_i \text{ la matrice de données.}$$

Cette méthode, basée sur la théorie des métapopulations permet d'estimer les fonctions de colonisation (**probabilité d'occupation** qui est lié à la surface de l'habitat et à son isolement et aussi à la taille de la population) et **d'extinction** locale des espèces en fonction de plusieurs variables et de la densité régionale. Plusieurs variables seront prises en compte afin d'intégrer les particularités des différents sites (par exemple : climat régional, type de sol) et de tester différentes hypothèses sur les usages des sociétés humaines (ex. agriculture, pastoralisme).

Concernant les données de densité de population et de proportions de pollens agricoles, la répartition des données étant à forte asymétrie positive, conférant alors trop de poids aux extrêmes, la fonction logarithme est appliquée à ces données afin de mieux répartir le poids des données des variables. Il s'agit alors d'approcher l'influence de chaque variable sur les fonctions de colonisation et d'extinction pour chaque taxon.

2.4.2. Statistiques bayésiennes (théorie mathématique)

La seconde phase de l'analyse consiste à déterminer **l'influence de chaque variable sur les fonctions de colonisation et d'extinction**. Pour cela, le package LaplacesDemon (Statisticat, 2018) est utilisé. Ce package permet d'estimer un modèle bayésien pour lequel les probabilités sont spécifiées. Un algorithme numérique, ici RDMH (Random Dive Metropolis-Hastings), est utilisé afin de rechercher par itérations à connaître la répartition des valeurs du logarithme de la probabilité a posteriori ($\log[P(\theta|y)]$), probabilité proportionnelle à $\log[P(y|\theta)]$ et $\log[P(\theta)]$.

$$\log[P(\theta|y)] \sim \log[P(y|\theta)] + \log[P(\theta)]$$

Avec θ , un ensemble de paramètres (ici les différentes variables), y les données, \sim signifie «proportionnel à», $P[(\theta|y)]$ est la densité conjointe a posteriori, $P[(y|\theta)]$ est la probabilité et $P[(\theta)]$ est l'ensemble des densités a priori.

Les probabilités d'extinction et de colonisation de chaque espèce en fonction de chaque variable (climat, altitude, densité etc.) sont calculées et l'on obtient pour chaque taxon (ANNEXE G et ANNEXE H) une table des probabilités (Tableau 7) ainsi qu'un graphique de représentation des probabilités a posteriori (Figure 6).

Tableau 7 : Exemple de table obtenu pour le taxon *Fagus* grâce au modèle

Avec **mean**, la probabilité moyenne de colonisation ou d'extinction en fonction de la variable n , **SD**, Standard Deviation, **MCSE**, Monte Carlo Standard Error, **ESS**, Effective Sample Size, cette taille doit être de 100 minimum pour être satisfaisante, **LB**, Lower Bound et **UB**, Upper Bound, sont les limites de l'intervalle de confiance à 95%, c'est-à-dire que 95% des valeurs des probabilités se trouvent entre UB et LB, centrées sur la médiane et **Median**, la probabilité médiane (Hall et al., 2018).

```
Fagus > Fit.mcmc$Summary2
```

	Mean	SD	MCSE	ESS	LB	Median	UB
aE[1]	-0.23885924	0.13771936	0.004332865	1000	-0.50108999	-0.24405947	0.02431379
aE[2]	-0.32740731	0.15977683	0.004856263	1000	-0.64648383	-0.32871952	-0.02903303
aE[3]	-1.00686664	0.19071193	0.006388702	1000	-1.38173937	-1.00210146	-0.64430547
aE[4]	-0.29865718	0.16775288	0.005144793	1000	-0.63546631	-0.30414240	0.03428157
aE[5]	0.08100439	0.09870019	0.003101558	1000	-0.11215979	0.07640667	0.27207507
aE[6]	-0.14276466	0.16031826	0.004954608	1000	-0.45045943	-0.14147704	0.16526121
aE[7]	-1.23630559	0.14233849	0.004703773	1000	-1.52283133	-1.23479891	-0.96752447
aC[1]	0.07829573	0.09798951	0.003119914	1000	-0.10356936	0.07929156	0.27286495
aC[2]	0.01205359	0.12598529	0.003927920	1000	-0.23949158	0.01693564	0.26633586
aC[3]	1.14928008	0.22594013	0.007585281	1000	0.70642916	1.15096103	1.61051203

aC[4]	-0.04449817	0.22506791	0.007058878	1000	-0.49336631	-0.03189994	0.36865509
aC[5]	0.25632098	0.09122739	0.002886241	1000	0.09461874	0.25667450	0.42899362
aC[6]	0.28274561	0.12324721	0.003687160	1000	0.03346939	0.28204598	0.51820831
aC[7]	-1.59310881	0.10546533	0.003447049	1000	-1.80454182	-1.59258852	-1.39654809
Deviance	1504.11758620	5.45881745	0.172465287	1000	1495.37435594	1503.45532516	1517.38903573
logLik	-784.70814973	2.75120870	0.086743547	1000	-791.36189645	-784.38169786	-780.31375355

..

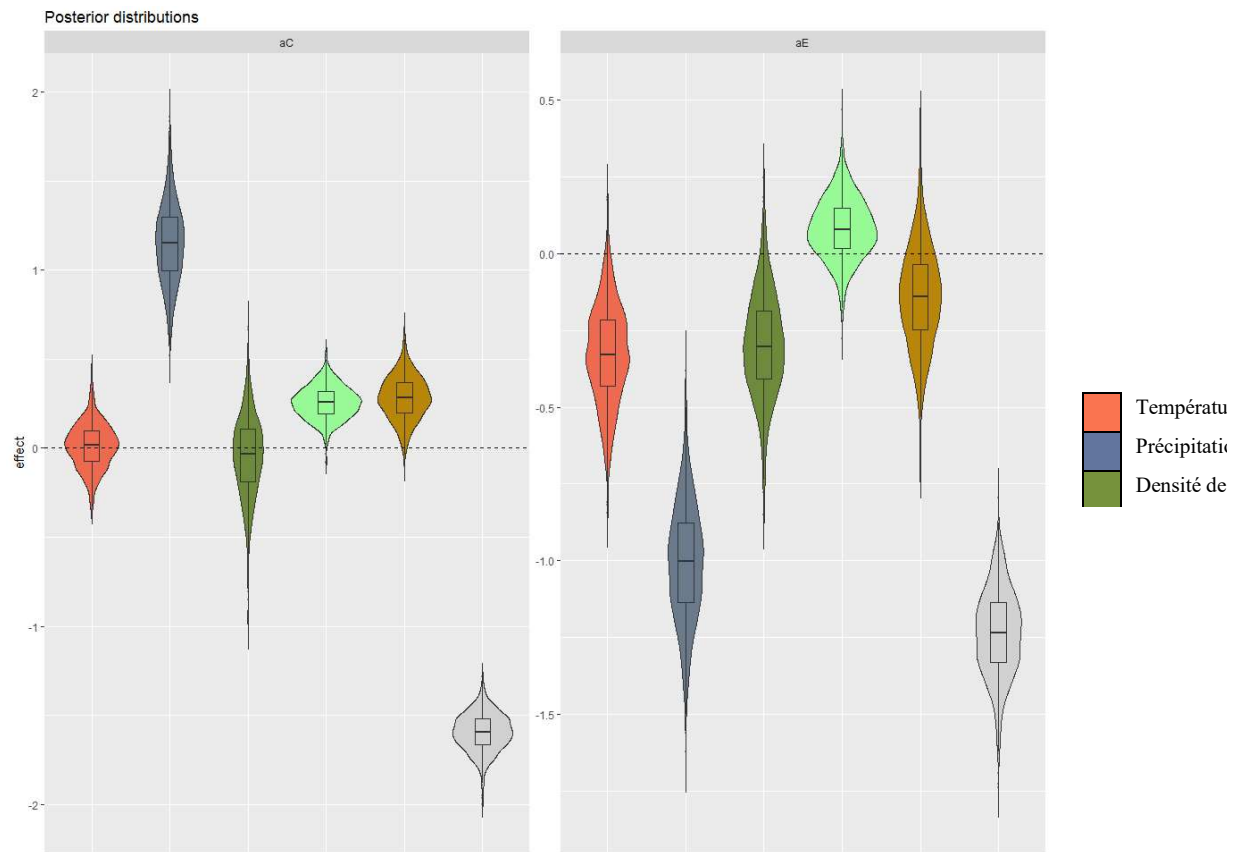


Figure 6 : Distribution des probabilités à postériori, exemple de *Fagus*. Guichardon, 2019 (RStudioTeam, 2016)

Les probabilités a posteriori sont étudiées ici, c'est-à-dire, la probabilité que l'extinction (*resp.* la colonisation) ait lieu sachant les valeurs que prennent toutes les variables. Cette probabilité est proche de la probabilité a priori, définie comme la probabilité de l'extinction (*resp.* la colonisation) sans prendre en compte les valeurs des variables. La probabilité a posteriori peut alors être pensée comme un ajustement de la probabilité a priori : **Probabilité a posteriori = Probabilité a priori + Probabilité des variables.**

L'application du modèle statistique aux différentes paléo-données permet la production de résultats tant pour les données ADN et polliniques qui seront détaillées ci-après.

3. RESULTATS

Les séries chronologiques issues de l'extraction d'ADN dans les sédiments lacustres renseignent sur les présences ou absences d'espèces dans une localité précise alors que les données de pollen permettent d'estimer la densité régionale. C'est pourquoi, les deux méthodes seront détaillées ci-après puis confrontées par la suite.

3.1. Apport de l'ADN environnemental

Les données ADN du lac de La Thuile ont pu être extraites de **séquences sédimentaires** (Laboratoire EDYTEM, voir § 2.2.3.). Néanmoins, les données recueillies ne sont pas suffisantes pour être traitées suivant la même méthode et en complément des données pollens.

En effet, le nombre de transitions par taxon s'élève seulement au nombre de 12 (Tableau 8), ce qui n'est pas suffisant pour permettre l'analyse via le modèle présenté précédemment (voir § 2.4.).

Tableau 8 : Table de transition ADN pour le taxon *Fagus*

<i>Fagus</i>	A (t ₁)	P (t ₁)
A (t ₂)	6	2
P (t ₂)	2	2

Les données ADN enregistrées sur le lac de La Thuile (Tableau 8, Figure 7) sont un aperçu du potentiel que représente l'ADN environnemental pour l'étude des dynamiques végétales. L'ensemble des données rassemblées à ce jour, sont disponibles en annexes (ANNEXE I et ANNEXE J). En effet, ces dernières ne sont pas suffisantes pour fournir de solides résultats et ne couvrent **qu'un lac** du massif alpin et de l'Europe. La compilation des données issues de plusieurs lacs pourraient permettre une **analyse quantitative originale**, par la méthode présentée précédemment.

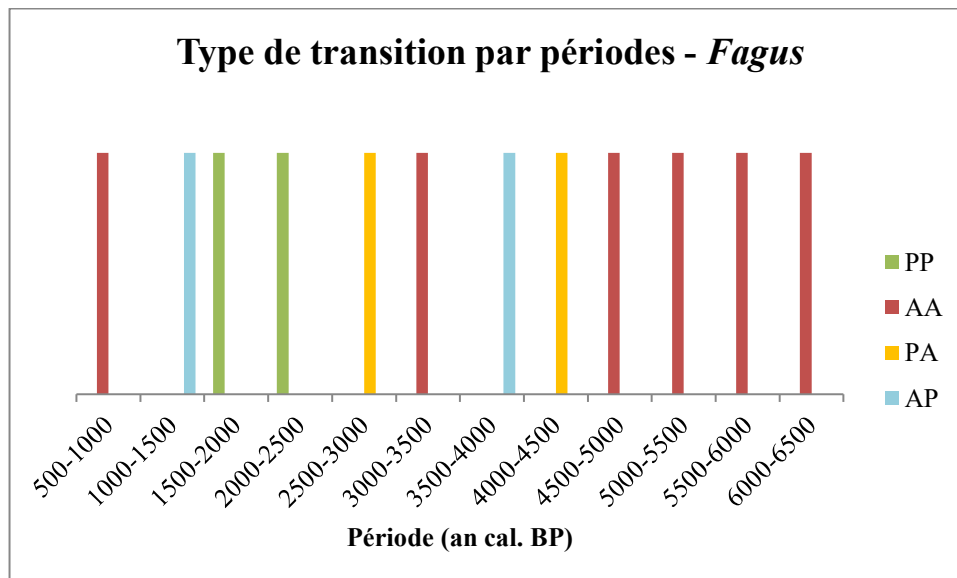


Figure 7 : Type de transition par période pour le taxon *Fagus*.

Par la suite, les résultats présentés, concernent les données pollens issues de l'EPD qui pourraient être comparées avec les données ADN présentées ci-dessus.

3.2. Comparaison des fonctions d'extinction et de colonisation

Les résultats issus des données pollens ont engendrés différents cas de figures. Que ce soit pour la colonisation ou l'extinction des taxons, l'analyse des violins plots produit pour chaque taxon, conduit à trois possibilités :

- le résultat **n'est pas significatif** c'est-à-dire que la probabilité obtenue ne permet pas de conclure quant à une influence positive ou négative de la variable sur la fonction de colonisation ou d'extinction dans ce cas le résultat est noté « × » dans le tableau de synthèse (Tableau 9)
- le résultat est **significatif** et au moins 95% des probabilités postérieures sont positives (*resp.* négatives) la variable a alors un effet positif (*resp.* négatif) sur les fonctions d'extinction ou de colonisation du taxon et le résultat est noté « + » (*resp.* « - ») dans le tableau de synthèse (Tableau 9).

Tableau 9 : Présentation des résultats compilés à partir des violins plots.

Avec les processus **C** = colonisation, **E** =Extinction.

Taxon	Facteurs humains				Facteurs physiques					
	Densité de population		Intensité de l'agriculture		Température		Précipitations		Teneur en sable	
Modalité	C	E	C	E	C	E	C	E	C	E
<i>Fagus</i>	×	-	+	+	×	-	+	-	+	-
<i>Abies</i>	+	×	×	+	-	-	+	-	+	+
<i>Juniperus</i>	×	-	×	+	+	×	+	+	×	×
<i>Tilia</i>	×	+	+	-	-	×	+	+	+	-
<i>Ulmus</i>	×	+	+	-	+	-	+	×	×	×
<i>Plantago</i>	+	-	-	×	-	-	+	-	+	+
<i>Rumex</i>	×	-	+	+	×	×	×	-	×	×
<i>Artemisia</i>	+	+	+	×	-	×	+	×	+	-

On note des résultats différents pour chaque variable, cela confirme que les **facteurs humains et physiques ont une importance différente dans les dynamiques végétales des taxons**. Nous avons également des résultats distincts par taxon, ce qui indique bien que les exigences des espèces végétales sont variables d'un taxon à un autre. Enfin les deux processus, extinction et colonisation, ne répondent pas aux mêmes facteurs pour un taxon donné, ce qui confirme que les **mécanismes liés à ces deux processus différents** et qu'il est pertinent de les dissocier pour l'analyse.

3.3. Influence des facteurs physiques

L'analyse des variables « température », « précipitations » et « teneur en sable » (Tableau 9) permet en majorité de valider des hypothèses issues de la bibliographie en termes de préférence climatique et pédologique, en effet, le modèle **concorde** souvent avec les informations **issues des recherches bibliographiques** (ANNEXE K). Pour certains taxons des informations sont absentes car non significatives notamment en termes de type de sol ou pour le taxon *Juniperus*. Néanmoins la méthode a permis l'obtention de résultats significatifs pour la majorité des taxons et des processus (extinction ou colonisation).

Seuls *Juniperus* et *Ulmus* sont favorisés par les températures de même que la colonisation d'un milieu par les taxons est favorisée par les précipitations sauf pour *Rumex*, dont seule l'extinction est limitée sans pour autant que la colonisation soit favorisée. Un sol sableux favorise la colonisation de la majorité des taxons sauf *Juniperus*, *Ulmus* et *Rumex* dont les résultats ne sont pas significatifs.

La variable « température » a un effet identique (ici négatif) sur les dynamiques de colonisation et d'extinction d'*Abies* et *Plantago*. De même que les variables « précipitations » et « sable » ont

respectivement un effet positif à la fois sur les dynamiques d'extinction et de colonisation de *Juniperus* et *Tilia* et *Abies* et *Plantago*.

3.4. Impact des activités humaines

L'analyse des variables « densité de population » et « intensité de l'agriculture » (Tableau 9) permet de mettre en avant le rôle de l'Homme sur les dynamiques végétales. Pour certains taxons des informations sont absentes car non significatives notamment pour le taxon *Rumex* pour lequel seule la densité de population a un effet significatif sur l'extinction. Néanmoins la méthode a permis l'obtention de **résultats significatifs pour la majorité des autres taxons et des processus** (extinction ou colonisation).

Contrairement à ce que l'on pourrait penser, l'action de l'Homme à travers la densité de population ou l'intensification de l'agriculture est rarement un facteur d'extinction des taxons sauf pour *Ulmus* et *Tilia* même si beaucoup de résultats restent non significatifs notamment pour la densité de population.

La variable « densité de population » a un effet identique (ici positif) sur les dynamiques de colonisation et d'extinction d'*Artemisia*. De même que la variable « intensité de l'agriculture » a un effet positif à la fois sur les dynamiques d'extinction et de colonisation de *Fagus* et *Rumex*.

Les résultats entre les processus de colonisation et d'extinction sont significativement différents. Il est également possible de distinguer les influences du climat et de l'Homme sur les dynamiques. Malgré tout, certains résultats nécessitent une attention toute particulière, afin de clarifier notamment leur signification.

4. DISCUSSION & PERSPECTIVES

4.1. ADN et pollens, des données complémentaires

Il est possible de comparer l'apport des données ADN et polliniques sur un **même site** car pour le lac de La Thuile, EDYTEM a fourni les deux types de données. Néanmoins afin de pouvoir comparer les données, **des taxons de niveau différent** ont du être associés. Pour les taxons *Abies*, *Rumex*, *Plantago*, *Tilia*, les dénominations sont identiques entre les données ADN et pollens. Tout comme *Asteraceae*, néanmoins, il est important de noter que seules des espèces du genre *Artemisia* (appartenant à la famille des *Asteraceae*) sont présentes dans l'EPD c'est pourquoi le taxon *Artemisia* a été choisi pour l'étude des pollens issus de l'EPD. Pour les autres, les données ADN mentionnent *Fagaceae*, *Ulmaceae* et *Cupressaceae* tandis que les pollens sont comptés pour *Fagus*, *Ulmus* et *Juniperus*, les données ADN prennent donc en compte plus d'espèces que les données pollens (ANNEXE L).

En comparant les données ADN et pollens d'un même site (Figure 8), on constate certaines divergences entre les données mais d'une manière générale la **tendance est identique**. Notamment à plusieurs reprises (3500 BP, 600 BP et 9000 BP) des pollens sont enregistrés tandis qu'aucun réplica positif d'ADN n'est compté. Une **absence** d'ADN ou de pollen ne **signifie pas que l'espèce a disparu**, cela peut aussi indiquer une plus faible quantité ou un éloignement au site d'enregistrement. Cela montre **l'intérêt de croiser plusieurs sources de données** (pollinique, historique, sédimentaire...) lorsque cela est possible (Bajard, 2016).

A l'inverse une présence d'ADN ne signifie pas toujours une présence de l'espèce. En effet, l'ADN a pu être transporté par les eaux, d'autres animaux, l'érosion *etc.* (O.F, 2018). Il se conserve et se dégrade plus ou moins longtemps en fonction du milieu dans lequel il est stocké. Les conditions de températures chaudes ne sont pas nécessairement une barrière à la conservation de l'ADN (Hofreiter et al., 2003 ; Da Fonseca et al., 2015 ; Mascher et al., 2016) A la mort de l'organisme plusieurs processus cellulaires entraînent la dégradation de l'ADN. Certains milieux sont plus propices à la conservation de l'ADN tels que les milieux froids, arides ou anoxiques mais les processus exogènes des cellules ne pourront même dans ces cas-là pas être évités.

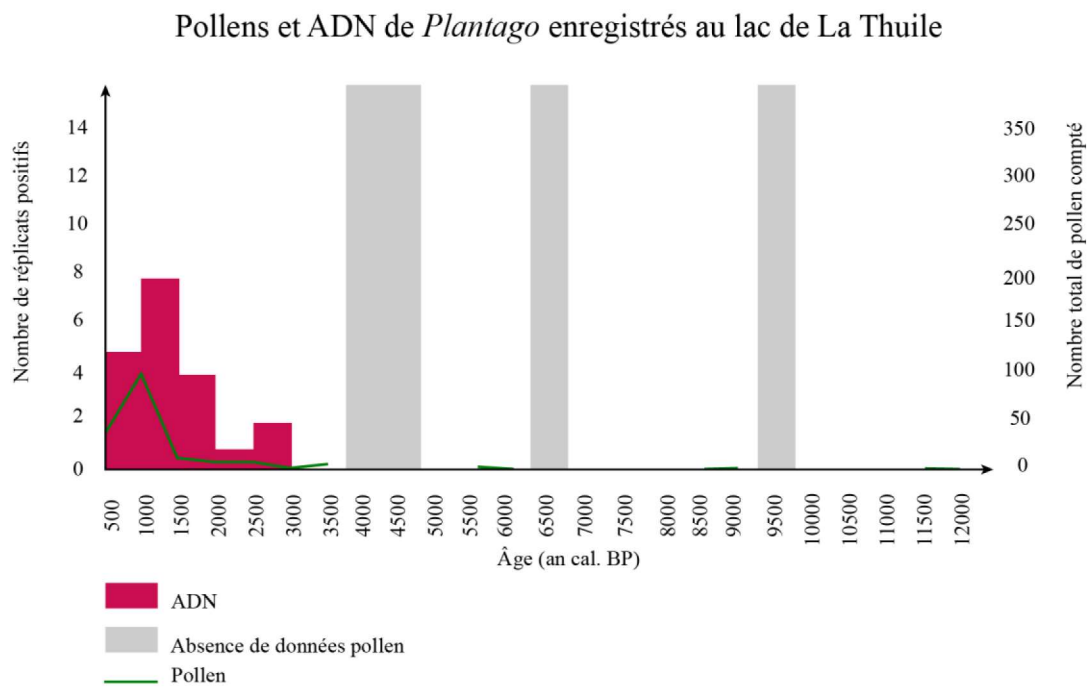


Figure 8 : Comparaison des données pollens et ADN enregistrées sur le lac de La Thuile pour le taxon *Plantago*.

L'identification de l'ADN environnemental se fait principalement via l'ADN mitochondriale, l'ADN se transmet principalement par la mère. Il est alors impossible de détecter les individus hybrides au sein d'une même espèce. De plus, l'ADN ne permet pas de distinguer les individus de la même espèce, ni le sexe, l'âge ou la taille (SPYGEN, 2019).

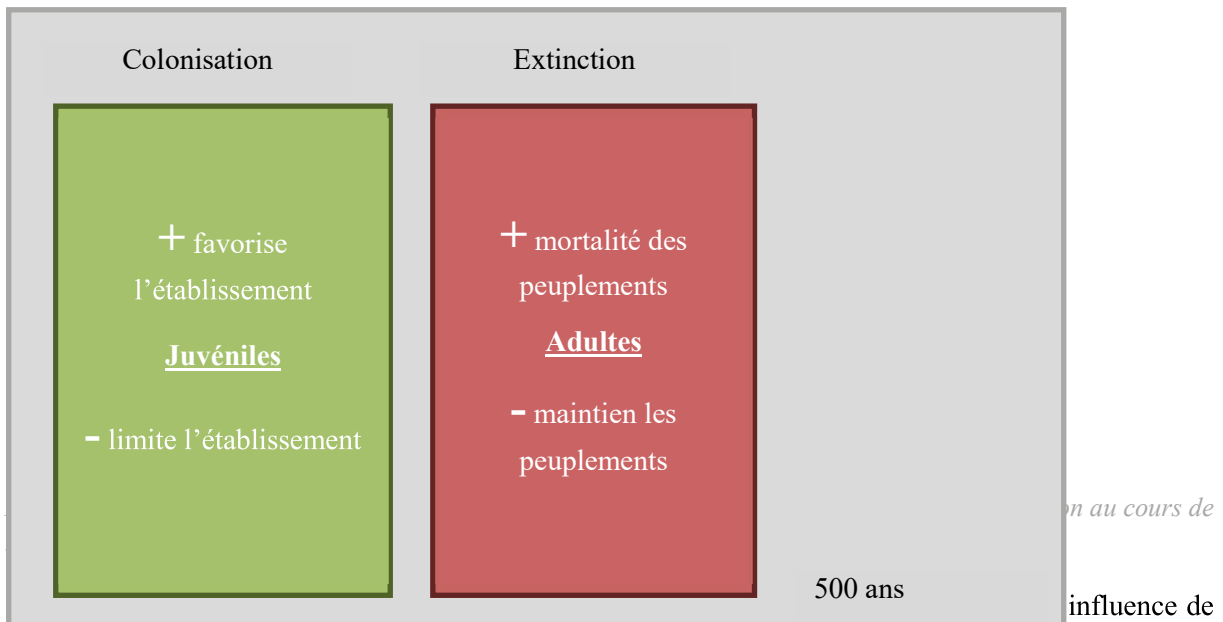
Les sources d'incertitudes lors de l'étude des paléo-végétations sont **nombreuses**. Il se pourrait qu'il y ait un retard à l'enregistrement des pollens et ADN et leur date de dépôt « réelle », retard qui peut être de plusieurs centaines d'années, induisant alors une incertitude sur la datation réalisée. Les données historiques d'une résolution spatiale et temporelle suffisantes sont rares et parfois les sources uniques empêchent le croisement avec d'autres données. Les différences de définition ou de classification des espèces sont aussi source d'erreurs (PBL, 2010). Ces sources **d'erreurs intrinsèques** aux données ADN sont inévitables, mais combiner les données ADN et pollen permettrait de consolider le modèle grâce à une **diversification des sources de données**.

4.2. Significativité et interprétation des résultats

La significativité des résultats est évaluée visuellement grâce aux violin plots produits à l'issue de l'analyse par le modèle et peut être vérifiée en cas de doute sur les tables de données (Tableau 7).

De nouveau trois cas de figures sont à envisager par taxon et par variable :

- Le cas « +/× » ou « -/× ». Dans ces cas-là, la colonisation ou l'extinction est **favorisé ou défavorisé par la variable** mais il n'y a pas d'information significative concernant l'autre paramètre. L'impact est significatif sur un seul des deux processus.
- Le cas « +/- ». Si une variable influence en sens inverse la colonisation et l'extinction, cela signifie que la dynamique est **influencée de manière cohérente** par cette variable. Par exemple pour la variable température et le taxon *Ulmus* (Tableau 9), la température a une influence positive sur la colonisation des jeunes individus tandis qu'elle permet aussi le maintien des individus plus âgés (influence négative sur la colonisation), ce qui va dans le même sens et conduit donc globalement à une influence positive de la température sur la colonisation d'*Ulmus*.
- Le cas « ++ » ou « -- ». Dans ces cas-là, la variable a un **effet neutre** sur la dynamique végétale globale (Figure 9) puisqu'elle influence d'une même manière la colonisation mais aussi l'extinction.



manière positive ou négative les deux processus de dynamique. Ainsi un résultat « ++ » par exemple la densité de population pour *Artemisia* signifie que la densité de population favorise l'établissement de juvéniles puisqu'elle favorise la colonisation mais aussi qu'elle favorise la mortalité d'individus de ce même taxon. Nous pouvons supposer interpréter une **influence positive** sur les deux processus comme **un facteur d'instabilité** qui favorise les transitions, et une **influence négative** comme **un facteur de stabilité**, puisque cela limite les transitions, quelles qu'elles soient.

4.3. Influence des paramètres physiques

Hypothèses principales :

- *Abies*, *Tilia* et *Artemisia* sont des taxons de climat plutôt **frais et humide**, ils devraient alors être favorisés par de fortes précipitations et des températures peu élevées.
- A l'inverse *Juniperus* est un taxon de **climat sec et chaud** qui se développe bien sur des **sols sableux** voire rocheux.
- Les autres taxons *Fagus*, *Ulmus*, *Plantago* et *Rumex* sont plutôt des taxons de milieux tempérés.

Les hypothèses énoncées ci-dessus sont discutables dans la mesure où il s'agit d'hypothèses globales sur l'ensemble du taxon considéré. En effet, l'analyse pollinique seule ne permet pas d'identifier précisément les différentes espèces souvent regroupées sous le même nom de taxon. Cela pose problème lorsque les espèces même au sein d'un même genre n'ont pas les mêmes exigences écologiques et répondent alors différemment aux différentes variables. De plus, on ne peut affirmer que chaque espèce de pollens est en proportion égale lorsqu'on les regroupe sous le même nom de taxon. Ainsi l'hypothèse principale pour le taxon *Abies* est qu'il s'agit d'un taxon de climat plutôt froid et humide. Or si l'on s'appuie sur les caractéristiques de chaque espèces, *Abies marocanna*, par exemple, résiste certes au froid (ANNEXE K) mais sa zone de répartition géographique **actuelle** est l'Afrique du Nord et cette espèce est favorisé par les températures plutôt chaudes. Le modèle permet de dire que ce taxon est favorisé par un climat humide et des températures plutôt chaudes, ce qui n'est pas le cas de toutes les espèces.

Afin de limiter ce biais et dans la mesure de données « espèces » plus nombreuses, il serait envisageable de classer les espèces par associations d'espèces présentant des caractéristiques proches en terme d'écologie. En effet, des groupes tels que feuillus, conifères ou plantes herbacées par exemple, semblent peu pertinent au regard des exigences écologiques des végétaux. Un groupe tel que « conifères » peut regrouper des espèces de milieux froids (*Pinus uncinata*) comme des espèces méditerranéennes très résistantes à la sécheresse (*Pinus pinaster*). Il apparaît alors plus pertinent de regrouper les espèces au sein de groupes fonctionnels. Des méthodes telles que l'ACP pourraient alors permettre de définir en fonctions de nombreux paramètres écologiques (optimum de température, précipitations, lumière, type de sol, teneur en azote du sol *etc.*) des groupes de végétaux présentant des caractéristiques plus proches.

Tableau 10 : Synthèse des résultats concernant l'impact du climat et de la pédologie.

Taxon	Hypothèse(s) climat/pédologie	Résultat modèle
<i>Fagus</i>	A besoin d'une forte humidité atmosphérique, craint le gel Sur sol drainant	Favorisé par les précipitations et maintenu par un climat chaud Favorisé sur sols sableux
<i>Abies</i>	Taxon de climat plutôt froid et plutôt humide	Favorisé par un climat humide
<i>Juniperus</i>	Taxon de climat chaud (résiste à la sécheresse) et pousse sur sols secs Sur sols rocheux voire sableux	Favorisé par un climat chaud
<i>Tilia</i>	Se trouve dans des milieux ombragés et frais Sur sol acide à neutre majoritairement sur limons	Limité par un climat chaud Favorisé sur sols sableux
<i>Ulmus</i>	Sur sol limono-argileux Climat collinéen se développe peu en altitude	En climat chaud et humide
<i>Plantago</i>	Sur sol neutre à basique	Climat humide
<i>Rumex</i>	Sur sols frais/humide	Maintenu par les précipitations
<i>Artemisia</i>	Majoritairement sur sols sableux Climat variable selon les espèces de chaud à frais et humide	Favorisé par les précipitations et limité par un climat chaud Favorisé sur sols sableux

Globalement les résultats (Tableau 10) sont en accord avec les hypothèses émises pour chaque taxon. Certains résultats sont manquants du fait de leur non-significativité tandis que d'autres n'étaient pas prévus par les hypothèses.

4.4. Influence des activités humaines

Hypothèses principales :

- On suppose qu'une forte densité de population est liée à une plus forte activité humaine en générale (chasse, agriculture/élevage/pastoralisme, construction, transplantation de végétaux, déboisement *etc.*) et donc une plus forte pression sur les végétaux et les milieux.
- Les taxons forestiers sont plus susceptibles de régresser en présence d'une forte densité de population humaine du fait de l'exploitation par l'Homme du bois et de l'espace disponible (construction, agriculture, pastoralisme *etc.*).
- A l'inverse les taxons herbacés, rudéraux et pionniers héliophiles tels *Rumex* ou *Ulmus*, sont favorisés par l'ouverture des milieux réalisé par l'Homme.

Les résultats obtenus suggèrent que **l'Homme a impacté les milieux** et influencé les dynamiques végétales mais a peu **favorisé l'extinction** de taxons.

- **Taxons herbacés** : La colonisation d'*Artemisia*, *Rumex* et *Plantago* est favorisée par une forte densité de population ou l'intensification de l'agriculture et sûrement par l'ouverture des milieux par l'Homme. Néanmoins, *Rumex* étant inféodé aux pâturages et prairies plutôt qu'aux cultures, cela pourrait expliquer qu'il ne soit pas favorisé par l'agriculture. On note que la dynamique de *Rumex* est cohérente, la **colonisation est limitée par l'intensification de l'agriculture et l'extinction également**. Cela peut provenir du fait que les lacs en général et en particulier les lacs de montagne constituent un centre important pour l'activité de pastoralisme (favorisant fortement *Rumex*) du fait de la présence d'eau et peuvent ne pas refléter le paysage agricole régional local (Smith, Blake, 2014), paysage local potentiellement majoritairement en culture contrairement aux abords directs du lac (Figure 10). Quant à *Plantago*, l'intensification de l'agriculture a aussi un effet négatif sur la colonisation de ce taxon, non compatible avec les pratiques agricoles et retirés des cultures.



- Flux de pollen de *Plantago*
- Flux de pollen de céréales
- Zone de pâturage

Figure 10 : Flux de pollen dans un contexte d'agriculture intense. Guichardon, 2019.

- **Taxons pionniers** : l'Homme permet d'une part **l'ouverture des milieux** mais il entretient également ce déboisement qui permet de maintenir des populations déjà présentes telles *Rumex* et *Fagus*. En effet, *Fagus* est un taxon forestier plus héliophile que *Quercus* par exemple et lorsque l'Homme prélève le bois des chênes (plus utilisé que celui de *Fagus*), ce dernier a alors plus de lumière pour croître. *Ulmus* et *Tilia* sont défavorisés par la densité de population de part leurs utilisations mais néanmoins favorisé par l'intensité de l'agriculture (espèces post pionnières qui n'ont pas besoin d'autant de lumière que les pionnières et qui profitent des milieux ouverts pour se développer). De plus, l'extinction de ces taxons peut être liée aux variables environnementales (climat, densité de population, sol *etc.*) mais aussi à la taille de l'habitat et de la population. En effet, si cette dernière est trop petite, l'effet de la stochasticité peut conduire à l'extinction de l'espèce (manque d'individus pour la reproduction par exemple). Le modèle de Levins est peu réaliste car ne prenant pas en compte l'espace. Il pourrait néanmoins être amélioré en utilisant un contexte spatial réel (Hanski, 1998). Tout comme *Ulmus* et *Tilia*, *Juniperus* est également une espèce pionnière, mais dont l'extinction est favorisée par la densité de population humaine (déboisement, coupes pour la mise en place de cultures, habitations...) car peu attractif que ce soit pour l'alimentation ou le bois.
- **Taxons forestiers** : Le taxon *Abies* est favorisé par la densité de population et défavorisé par l'intensité de l'agriculture, on peut alors penser que les autres activités liées à l'Homme auraient plutôt un impact positif sur ce taxon (plantations, usages *etc.*) et dans une moindre mesure **l'agriculture** aurait un **impact négatif sur la colonisation** nécessitant le déboisement. Le même phénomène s'observe concernant l'intensité de l'agriculture pour le taxon *Fagus*. En effet, celui-ci est favorisé par l'agriculture du fait de l'apport lumineux accru des milieux ouverts mais également gênant pour cette pratique car lui-même produisant de l'ombre aux cultures.

Tableau 11 : Synthèse des résultats concernant l'impact de l'Homme.

Taxon	Hypothèse(s)	Résultat modèle
<i>Fagus</i>	Très bon combustible (plantation/coupes), fourrage depuis la préhistoire	Maintenu par la densité de population Dynamique déstabilisée par l'agriculture (favorise la colonisation et l'extinction)
<i>Abies</i>	Peu utilisé par l'Homme (un peu en fourrage, pâte à papier -récent)	Favorisé par l'Homme et défavorisé par l'agriculture (déforestation pour les cultures)
<i>Juniperus</i>	Post pionnier profite des milieux ouverts, peu utilisé par l'Homme	Dynamique déstabilisée par l'Homme (densité de population), ouverture des milieux favorise colonisation mais extinction également favorisé sûrement car peu intéressant (ni bois, ni alimentaire)
<i>Tilia</i>	Post pionnier profite des milieux ouverts Planté depuis le moyen âge pour ces vertus médicinales	Défavorisé par la densité de population et favorisé par l'intensification de l'agriculture
<i>Ulmus</i>	Taxon post pionnier Utilisé en fourrage/arbre têtard et souvent planté, tolère rudéralisation de son habitat	Défavorisé par la densité de population et favorisé par l'intensification de l'agriculture
<i>Plantago</i>	Indicateur de pastoralisme (prairies, zones de compactage du sol) mais se retrouve	Favorisé par la densité de population et limité par l'intensité de l'agriculture

	aussi dans des cultures, des friches et indique un travail du sol	
<i>Rumex</i>	Indicateur de prairies fauchées, pâturées ou lieux incultes, coupes forestières (Miras, 2009)	Maintenu par les densités de population Déstabilisé par l'agriculture (favorise la colonisation et l'extinction)
<i>Artemisia</i>	Se retrouve en milieux ouverts mais aussi menacé par l'artificialisation des sols	Favorisé par l'intensification de l'agriculture La densité de population déstabilise la dynamique : ouverture de milieux mais aussi destruction de ceux favorables à ce taxon

CONCLUSION

La place de l'Homme parmi les espèces animale terrestre pose aujourd'hui de plus en plus question. Longtemps considéré comme un être supérieur, il apparaît aujourd'hui que nombre de nos actions passées et actuelles **impactent fortement la biodiversité** terrestre. Les végétaux sont capables de s'adapter et de se développer parfois avec peu de sol, en espace urbain artificialisés ou dans des conditions de températures extrêmes (*Saxifraga oppositifolia* en milieu alpin ou *Ammophila arenaria* en milieu sableux). Toutefois, l'impact humain sur les peuplements végétaux est réel mais ce n'est pas le seul facteur. En effet, on sait que les évolutions géologique et climatique sont aussi responsables de phénomènes important (par exemple la **crise crétacé tertiaire**, causant une des plus fortes extinctions de masse).

Il s'agit alors d'évaluer **quel(s) impact(s) ont les activités humaines (pastoralisme, agriculture) et le climat sur les dynamiques végétales (colonisation ou extinction) en Europe au cours de l'Holocène ?**

Tout d'abord, les données **ADN**, trop peu nombreuses **n'ont pas permis d'être utilisées dans la modélisation**. Malgré tout, un plus grand nombre de données pourraient permettre de compléter l'analyse et de **fournir des résultats plus précis**, comparables à ceux obtenus pour les pollens.

Concernant l'analyse des **données polliniques**, les résultats ne sont pas toujours significatifs. Néanmoins, on note des **résultats distincts en fonction des variables et des taxons** mais aussi **en fonction des processus** de dynamique (à savoir colonisation et extinction). Si les résultats sont significatifs, deux possibilités sont à envisager soit la variable a un effet positif sur l'une ou l'autre des modalités soit un effet négatif.

Les **variables environnementales**, à savoir : températures, précipitations et teneur en sable des sols, **ont majoritairement confirmés les hypothèses** émises précédemment pour chaque taxon. Dans certains cas, les résultats ne semblaient pas correspondre à l'hypothèse générale formulée pour le taxon mais plutôt à des caractéristiques d'une espèce en particulier. Ceci pouvant s'expliquer par le fait, que les nombreuses espèces regroupées sous un taxon ont des caractéristiques écologiques diverses et parfois opposées.

Les **activités humaines** quant à elles n'ont pas mis en évidence une extinction plus accrue en présence de l'Homme. Ce dernier impacte, en effet, les dynamiques végétales puisque nous avons obtenus des résultats significatifs pour de nombreux taxons sauf *Rumex* mais **l'impact n'est pas forcément négatif et n'entraîne pas l'extinction** de tous les taxons. De plus, les activités humaines ont une action de **limitation des dynamiques** plutôt que de favorisation. En effet, la densité de population et l'intensification de l'agriculture ne favorisent la colonisation que de deux taxons alors qu'elles limitent les dynamiques de presque tous les autres.

Compte tenu des biais inerrant à l'utilisation des pollens pour l'étude des paléoclimats et de l'essor de l'utilisation de méthodes telles que l'ADNe, l'étude des dynamiques végétales pourrait être poursuivie et complétée par la **complémentarité des approches polliniques et ADNe**, permettant d'enregistrer une **image du paysage** végétal à la fois **locale et régional** mais aussi d'obtenir des renseignements complémentaires sur la faune et notamment la composition des troupeaux.

BIBLIOGRAPHIE

ARGANT, Jacqueline et ARGANT, Alain, 2000. Mise en évidence de l'occupation ancienne d'un site d'altitude : analyse pollinique du lac du Lauzon (Drôme). In : TILLET, Thierry (éd.), *Les paléolpins: hommage à Pierre Bintz*. 1 janvier 2000. Vol. Hors-Série, n° 31, p. 61-71.

ARGANT, Jacqueline, BÉGEOT, Carole et MARROCCHI, Yves, 2009. L'environnement végétal au Tardiglaciaire à partir de l'étude pollinique de trois lacs : La Thuile, Saint-Jean-de-Chevelu et Moras. In : PION, Gilbert (éd.), *La fin du Paléolithique supérieur dans les Alpes du nord et le Jura méridional : approches culturelles et environnementales : projet collectif de recherche* [en ligne]. Paris : Société préhistorique française. Mémoires de la société préhistorique française, 50. p. 23-40. [Consulté le 12 juillet 2019]. ISBN 978-2-913745-38-5. Disponible à l'adresse : <https://halshs.archives-ouvertes.fr/halshs-00409004>.

BAJARD, Manon, 2016. *Trajectoires d'évolution des sols et des agroécosystèmes de montagne de l'Holocène à l'Anthropocène*. Grenoble : Université Grenoble Alpes.

BAJARD, Manon, POULENARD, Jérôme, SABATIER, Pierre, ETIENNE, David, FICETOLA, Francesco, CHEN, Wentao, GIELLY, Ludovic, TABERLET, Pierre, DEVELLE, Anne-Lise, REY, Pierre-Jérôme, MOULIN, Bernard, DE BEAULIEU, Jacques-Louis et ARNAUD, Fabien, 2017. Long-term changes in alpine pedogenetic processes: Effect of millennial agro-pastoralism activities (French-Italian Alps). In : *Geoderma*. novembre 2017. Vol. 306, p. 217-236. DOI 10.1016/j.geoderma.2017.07.005.

BAJARD, Manon, SABATIER, Pierre, DAVID, Fernand, DEVELLE, Anne-Lise, REYSS, Jean-Louis, FANGET, Bernard, MALET, Emmanuel, ARNAUD, Daniel, AUGUSTIN, Laurent, CROUZET, Christian, POULENARD, Jérôme et ARNAUD, Fabien, 2016. Erosion record in Lake La Thuile sediments (Prealps, France): Evidence of montane landscape dynamics throughout the Holocene. In : *The Holocene*. mars 2016. Vol. 26, n° 3, p. 350-364. DOI 10.1177/0959683615609750.

BAUMER, Michel, 1977. Le sapin du Maroc. In : ECOLE NATIONALE SUPERIEURE DU GENIE RURAL, DES EAUX ET DES FORETS (éd.), *Revue Forestière Française*. 1977. Vol. 5, n° 29, p. 343-354. DOI 10.4267/2042/21153.

BAZHINA, Elena V, 2014. Siberian fir (*Abies sibirica* Ledeb.) pollen viability at the V.N. Sukachev institute of forest arboretum. In : KRIGAS, Nikos, MALOUPA, Eleni, TSOKTOURIDIS, Giorgos, COOK, Catherine-Margaret et MYLONA, Photini (éd.), *European Botanic Gardens in a Changing World: Insights into EUROGARD VI* [en ligne]. Thessaloniki : Balkan Botanic Garden of Kroussia and Botanic Gardens Conservation International. 2014. p. 63-74. [Consulté le 15 juillet 2019]. Disponible à l'adresse : http://www.botanicgardens.eu/eurogard/eurogard6/bazhina_abies.pdf.

BEHRE, Karl-Ernst, 1981. The interpretation of anthropogenic indicators in pollen diagrams. In : *Pollen et spores*. 1981. Vol. 23, n° 2, p. 225-245.

BÉREIZIAT, Gérald, 2010. Dynamique de peuplement à la fin du paléolithique supérieur dans le Jura méridional. In : *Actes de la première rencontre d'archéologie de Briord*. 2010. p. 18.

BERGER, Jean-François, SHENNAN, Stephen, WOODBRIDGE, Jessie, PALMISANO, Alessio, MAZIER, Florence, NUNINGER, Laure, GUILLON, Sebastien, DOYEN, Elise, BEGEOT, Carole, ANDRIEU-PONEL, Valérie, AZUARA, Julien, BEVAN, Andrew, FYFE, Ralph et ROBERTS,

C Neil, 2019. Holocene land cover and population dynamics in Southern France. In : *The Holocene*. mai 2019. Vol. 29, n° 5, p. 776-798. DOI 10.1177/0959683619826698.

BINTZ, Pierre et GRIGGO, Christophe, 2011. Climats et premiers peuplements des Alpes du Nord françaises : des derniers chasseurs aux premiers paysans (15 000 à 5 000 ans av. JC.). In : *Revue de primatologie* [en ligne]. 17 mai 2011. n° 3. [Consulté le 27 mars 2019]. DOI 10.4000/primatologie.789. Disponible à l'adresse : <http://journals.openedition.org/primatologie/789>.

BLAAUW, Maarten, 2010. Methods and code for 'classical' age-modelling of radiocarbon sequences. In : *Quaternary Geochronology*. octobre 2010. Vol. 5, n° 5, p. 512-518. DOI 10.1016/j.quageo.2010.01.002.

BRIDONNEAU, Estelle, 2012. *Sur le chant du tilleul, le tilleul à petites feuilles*. Paris. Ecole des plantes.

BRUNO, Leonard C. et OLENDORF, Donna, 1997. *Science & technology firsts*. Detroit : Gale Research. ISBN 978-0-7876-0256-7. T15 .B684 1997

CALFLORA, 2019. The Calflora Database. In : *From coast to summit* [en ligne]. 2019. [Consulté le 15 juillet 2019]. Disponible à l'adresse : <https://www.calflora.org/>.

CASPAR, Jean-Paul, FÉRAY, Philippe et MARTIAL, Emmanuelle, 2005. Identification et reconstitution des traces de teillage des fibres végétales au Néolithique. In : *Bulletin de la Société préhistorique française*. 2005. Vol. 102, n° 4, p. 867-880. DOI 10.3406/bspf.2005.13188.

COST ASSOCIATION, 2017. *COST Action, Final Achievement Report* [en ligne]. S.I. [Consulté le 19 mars 2019]. ES1201: Networking Lake Observatories in Europe (NETLAKE) (30/10/2012 to 29/10/2016). Disponible à l'adresse : <https://bit.ly/2Z5B0hi>.

COURT-PICON, Mona, BUTTLER, Alexandre et DE BEAULIEU, Jacques-Louis, 2005. Modern pollen–vegetation relationships in the Champsaur valley (French Alps) and their potential in the interpretation of fossil pollen records of past cultural landscapes. In : *Review of Palaeobotany and Palynology*. juin 2005. Vol. 135, n° 1-2, p. 13-39. DOI 10.1016/j.revpalbo.2005.02.003.

DA FONSECA, Rute R., SMITH, Bruce D., WALES, Nathan, CAPPELLINI, Enrico, SKOGLUND, Pontus, FUMAGALLI, Matteo, SAMANIEGO, José Alfredo, CARØE, Christian, ÁVILA-ARCOS, María C., HUFNAGEL, David E., KORNELIUSSEN, Thorfinn Sand, VIEIRA, Filipe Garrett, JAKOBSSON, Mattias, ARRIAZA, Bernardo, WILLERSLEV, Eske, NIELSEN, Rasmus, HUFFORD, Matthew B., ALBRECHTSEN, Anders, ROSS-IBARRA, Jeffrey et GILBERT, M. Thomas P., 2015. The origin and evolution of maize in the Southwestern United States. In : *Nature Plants*. janvier 2015. Vol. 1, n° 1, p. 14003. DOI 10.1038/nplants.2014.3.

DANSGAARD, Willi, JOHNSEN, Sigfus J., MØLLER, Janus et LANGWAY, Chester C., 1969. One Thousand Centuries of Climatic Record from Camp Century on the Greenland Ice Sheet. In : *Science*. 17 octobre 1969. Vol. 166, n° 3903, p. 377-380. DOI 10.1126/science.166.3903.377.

DAVID, Fernand, 1995. Vegetation dynamics in the northern French Alps. In : *Historical Biology*. mars 1995. Vol. 9, n° 4, p. 269-295. DOI 10.1080/10292389509380504.

DAVID, Fernand, 1997. Holocene tree limit history in the northern French Alps stomata and pollen evidence. In : *Review of Palaeobotany and Palynology*. septembre 1997. Vol. 97, n° 3-4, p. 227-237. DOI 10.1016/S0034-6667(97)00006-7.

DE BEAULIEU, Jacques-Louis, ANDRIEU-PONEL, Valérie, CHEDDADI, Rachid, GUITER, Frédéric, RAVAZZI, Cesare, REILLE, Maurice et ROSSI, Sabina, 2006. Apport des longues séquences lacustres à la connaissance des variations des climats et des paysages pléistocènes. In : *Comptes Rendus Palevol*. janvier 2006. Vol. 5, n° 1-2, p. 65-72. DOI 10.1016/j.crpv.2005.11.016.

DE BEAULIEU, Jacques-Louis, KOSTENZER, Johannes et REICH, K., 1993. Dynamique forestière holocène dans la haute vallée de l'Arve (Haute-Savoie) et migrations de *Abies* et *Picea* dans les Alpes occidentales. In : *Dissertationes Botanicae*. Festschrift Zoller. 1993. p. 387-398.

DE CHAUVELIN, Jacques, 2017. *Le concept de socio-écosystème (SES) : Emergence du concept, modèles et revue bibliographique*. Rapport de stage. Grenoble. Université Grenoble Alpes-Institut des Géosciences de l'Environnement.

DE VRIES, Jan, 2013. *European urbanisation: 1500 - 1800*. First issued in paperback; [Reprint der Ausg.] London : Methuen, 1984. London : Routledge. The City History of the city, 4. ISBN 978-0-415-84856-5.

DEBRET, Maxime, 2008. *Caractérisation de la variabilité climatique Holocène à partir de séries continentales, marines et glaciaires* [en ligne]. Grenoble : Université Joseph Fourier. [Consulté le 30 avril 2019]. Disponible à l'adresse : <https://tel.archives-ouvertes.fr/tel-00535769/document>.

DOMAIZON, Isabelle, 2016. *Fiche synthétique de présentation de l'OLA* [en ligne]. Thonon-les-bains. UMR CARRETEL (INRA, USMB). [Consulté le 19 mars 2019]. Disponible à l'adresse : <http://www.lacs-sentinelles.org/sites/default/files/Contexte/Fiche%20synth%C3%A8tique%20presentation%20OLA%202016.pdf>.

DOYEN, Elise, 2012. *15 000 ans d'évolution des écosystèmes sous contrôle climatique et anthropique entre Jura et Bas Dauphiné : végétation, feu et érosion des sols*. Besançon : Université de Franche-Comté.

DOYEN, Elise et ETIENNE, David, 2017. Ecological and human land-use indicator value of fungal spore morphotypes and assemblages. In : *Vegetation History and Archaeobotany*. juillet 2017. Vol. 26, n° 4, p. 357-367. DOI 10.1007/s00334-016-0599-2.

DUCERF, Gérard, 2007. *L'encyclopédie des plantes bio-indicatrices alimentaires et médicinales. Vol. 1 : guide de diagnostic des sols*. 3ème éd. Briant (Saône-et-Loire) : Éditions Promonature. ISBN 978-2-9519258-7-8.

EDYTEM, 2016. Présentation de l'unité (UMR5204). In : *EDYTEM, Université Savoie-Mont-Blanc* [en ligne]. 2016. [Consulté le 12 septembre 2019]. Disponible à l'adresse : <http://edytem.univ-savoie.fr/le-laboratoire/presentation-de-l-unite-umr5204>.

ÉQUIPE DE DÉVELOPPEMENT DE QGIS, 2016. *Système d'information géographique QGIS*. [en ligne]. S.l. : Open Source Geospatial Foundation Project. Disponible à l'adresse : <http://qgis.osgeo.org>.

ESPÍNDOLA, Anahí, PELLISSIER, Loïc, MAIORANO, Luigi, HORDIJK, Wim, GUIBAN, Antoine et ALVAREZ, Nadir, 2012. Predicting present and future intra-specific genetic structure through niche hindcasting across 24 millennia: Hindcasting-based phylogeography. In : *Ecology Letters*. juillet 2012. Vol. 15, n° 7, p. 649-657. DOI 10.1111/j.1461-0248.2012.01779.x.

EUFORGEN, : EUropean FOrest GENetic resources programme, 2019. Species. In : *European Forest Genetic Resources Programme genetic diversity is the basis of resilience* [en ligne]. 2019. [Consulté le 17 juillet 2019]. Disponible à l'adresse : <http://www.euforgen.org/species/>.

FÆGRI, Knut, IVERSEN, Johannes, KALAND, Peter Emil et KRZYWINSKI, Knut, 1989. *Textbook of pollen analysis*. 4th. Chichester : John Wiley and Sons. Journal of Quaternary Science. ISBN 978-0-471-92178-3.

FAURE, M., 2016. *Le projet « Grands Lacs Alpins » soutenu par l'Europe et l'État dans le cadre du Programme Opérationnel Interrégional du massif des Alpes (POIA)* [en ligne]. 2016. S.l. : s.n. [Consulté le 20 mars 2019]. Disponible à l'adresse : <https://cutt.ly/5wo9rCC>.

FYFE, Ralph M., DE BEAULIEU, Jacques-Louis, BINNEY, Heather, BRADSHAW, Richard H. W., BREWER, Simon, LE FLAO, Anne, FINSINGER, Walter, GAILLARD, Marie-José, GIESECKE, Thomas, GIL-ROMERA, Graciela, GRIMM, Eric C., HUNTLEY, Brian, KUNES, Petr, KÜHL, Norbert, LEYDET, Michelle, LOTTER, André F., TARASOV, Pavel E. et TONKOV, Spassimir, 2009. The European Pollen Database: past efforts and current activities. In : *Vegetation History and Archaeobotany*. 1 septembre 2009. Vol. 18, n° 5, p. 417-424. DOI 10.1007/s00334-009-0215-9.

GAUTHIER, Emilie, 2004. *Forêts et agriculteurs du Jura : les quatre derniers millénaires*. Besançon : Presses universitaires franc-comtoises. Annales littéraires de l'université de Franche-Comté, 6. ISBN 978-2-84867-040-9. QE931.3 .G38 2004

GIGUET-COVEX, Charline, PANSU, Johan, ARNAUD, Fabien, REY, Pierre-Jérôme, GRIGGO, Christophe, GIELLY, Ludovic, DOMAIZON, Isabelle, COISSAC, Eric, DAVID, Fernand, CHOLER, Philippe, POULENARD, Jérôme et TABERLET, Pierre, 2014. Long livestock farming history and human landscape shaping revealed by lake sediment DNA. In : *Nature Communications*. mai 2014. Vol. 5, n° 1, p. 3211. DOI 10.1038/ncomms4211.

GIGUET-COVEX, Charline, POULENARD, Jérôme, GIELLY, Ludovic, BAJARD, Manon, FOUINAT, Laurent, FICETOLA, Gentile Francesco, DAVID, Fernand, PANSU, Johan, WALSH, Kevin, MOCCI, Florence, TABERLET, Pierre, CHOLER, Philippe et ARNAUD, Fabien, 2015. L'histoire des activités agricoles et des paysages révélé par un outil en plein essor l'ADN sédimentaire lacustre. In : CHALMIN, Emilie, DAMBRINE, Etienne, DAVID, Bernard, FAIVRE, Pierre et POULENARD, Jérôme (éd.), *Sols et matières organiques : mémoires et héritages*. 2015. n° 18, p. 81-102.

GIL, Jean-Marc, 2015. Nomenclature des arbres. In : *La botanique* [en ligne]. 2015. [Consulté le 15 juillet 2019]. Disponible à l'adresse : <http://www.jean-marc-gil->

toutsurlabotanique.com/page/introduction-a-la-botanique/les-vegetaux/les-arbres/nomenclature-des-arbres/.

GIOVANNONI, Stephen J., BRITSCHGI, Theresa B., MOYER, Craig L., FIELD, Katharine G. et FIELD, Moyer, 1990. Genetic diversity in Sargasso Sea bacterioplankton. In : *Nature*. mai 1990. Vol. 345, n° 6270, p. 60-63. DOI 10.1038/345060a0.

GLÉNAT, D., 1921. La vie dans les Coulmes (massif du Vercors). In : *Revue de géographie alpine*. 1921. Vol. 9, n° 1, p. 135-158. DOI 10.3406/rga.1921.2843.

GYGAX, Andreas, WAGNER, Gerhart et LAUBER, Konrad, 2018. *Flora Helvetica - Flore illustrée de Suisse* [en ligne]. 5. Bern : Haupt. [Consulté le 17 juillet 2019]. ISBN 978-3-258-08050-5. Disponible à l'adresse : <https://www.infoflora.ch/fr/flore.html>.

HALL, Byron, HALL, Martina et STATISTICAT, LLC., 2018. LaplacesDemon: A Complete Environment for Bayesian Inference within R. In : SINGMANN, Henrik (éd.). 2018. p. 45.

HANSKI, Ilkka, 1998. Metapopulation dynamics. In : *Nature*. 1 novembre 1998. Vol. 396, n° 6706, p. 41-49. DOI 10.1038/23876.

HARLÉ, J., 2009. *Exigences écologiques des végétaux*. S.l.

HEAD, Martin J. et GIBBARD, Philip L., 2015. Formal subdivision of the Quaternary System/Period: Past, present, and future. In : *Quaternary International*. octobre 2015. Vol. 383, p. 4-35. DOI 10.1016/j.quaint.2015.06.039.

HIEDERER, Roland, 2013a. EUR25932EN : *Mapping Soil Typologies - Spatial Decision Support Applied to the European Soil Database*. Scientific and Technical Research Reports. Luxembourg. Publications Office of the European Union. Scientific and Technical Research series.

HIEDERER, Roland, 2013b. EUR26082EN : *Mapping Soil Properties for Europe : Spatial Representation of Soil Database Attributes*. Scientific and Technical Research Reports. Luxembourg. Publications Office of the European Union. Scientific and Technical Research series.

HOFREITER, Michael, MEAD, Jim I., MARTIN, Paul et POINAR, Hendrik N., 2003. Molecular caving. In : *Current Biology*. 2003. Vol. 13, n° 18, p. 693-695. DOI 10.1016/j.cub.2003.08.039.

INFOFLORA, 2019. Centre national de données et d'informations sur la flore de Suisse. In : *Infoflora : Centre national de données et d'informations sur la flore de Suisse* [en ligne]. 2019. [Consulté le 17 juillet 2018]. Disponible à l'adresse : <https://www.infoflora.ch/fr/>.

IRSTEA, 2019a. LESSEM - Laboratoire Ecosystèmes et Sociétés En Montagne. In : *IRSTEA, la science au coeur de l'environnement* [en ligne]. 2019. [Consulté le 12 septembre 2019]. Disponible à l'adresse : <https://www.irstea.fr/fr/recherche/unites-de-recherche/lessem>.

IRSTEA, 2019b. Présentation. In : *IRSTEA, la science au coeur de l'environnement* [en ligne]. 2019. [Consulté le 12 septembre 2019]. Disponible à l'adresse : <https://www.irstea.fr/fr/irstea/presentation>.

IVERSEN, Johannes, 1949. *The influence of prehistoric man on vegetation*. Reitzel : København. Danmarks Geologiske Undersøgelse, 4.

JACAMON, Marcel et GIRARDET, Pierre, 2011. *Guide de dendrologie: arbres, arbustes, arbrisseaux des forêts françaises*. Nancy : AgroParisTech-ENGREF. ISBN 978-2-85710-086-7.

JACOB, Jérémy, DISNAR, Jean-Robert, ARNAUD, Fabien, CHAPRON, Emmanuel, DEBRET, Maxime, LALLIER-VERGÈS, Elisabeth, DESMET, Marc et REVEL-ROLLAND, Marie, 2008. Millet cultivation history in the French Alps as evidenced by a sedimentary molecule. In : *Journal of Archaeological Science*. mars 2008. Vol. 35, n° 3, p. 814-820. DOI 10.1016/j.jas.2007.06.006.

JACOBSON, George L. et BERGLUND, Björn E., 1989. Report of the workshop for creation of a european IGBP pollen database. In : [en ligne]. Swenden : s.n. août 1989. p. 6. [Consulté le 5 août 2019]. Disponible à l'adresse : <http://www.europeanpollendatabase.net/reports/newsletters/CreationEPD1989.pdf>.

JANSSEN, C. Roel, 1973. Local and regional pollen deposition. In : BIRKS, Harry John B., WEST, Richard Gilbert et BRITISH ECOLOGICAL SOCIETY (éd.), *Quaternary plant ecology*. University of Cambridge. Oxford : Blackwell Scientific. Symposium of the British Ecological Society, 14th. p. 31-42. ISBN 978-0-632-09120-1. QK911.B7 QE931 A35 no. 14, 1973b

JORDA, Maurice et ROSIQUE, Thierry, 1994. Le Tardiglaciaire des Alpes françaises du Sud : Rythme et modalités des changements bio-morphoclimatiques [The late glacial period of the southern french Alps : Rythm and modes of bio-morphoclimatic changes]. In : *Quaternaire*. 1994. Vol. 5, n° 3, p. 141-149. DOI 10.3406/quate.1994.2025.

JULVE, Philippe, 2017. Baseflor. Index botanique, écologique et chorologique de la flore de France. In : *Tela Botanica* [en ligne]. 2017. [Consulté le 17 juillet 2019]. Disponible à l'adresse : <https://www.tela-botanica.org>.

KLEIN GOLDEWIJK, Kees, 2001. Estimating global land use change over the past 300 years: The HYDE Database. In : *Global Biogeochemical Cycles*. juin 2001. Vol. 15, n° 2, p. 417-433. DOI 10.1029/1999GB001232.

KLEIN GOLDEWIJK, Kees, 2005. Three Centuries of Global Population Growth: A Spatial Referenced Population (Density) Database for 1700-2000. In : *Population and Environment*. mars 2005. Vol. 26, n° 4, p. 343-367. DOI 10.1007/s11111-005-3346-7.

KLEIN GOLDEWIJK, Kees, BEUSEN, Arthur et JANSSEN, Peter, 2010. Long-term dynamic modeling of global population and built-up area in a spatially explicit way: HYDE 3.1. In : *The Holocene*. juin 2010. Vol. 20, n° 4, p. 565-573. DOI 10.1177/0959683609356587.

KLEIN GOLDEWIJK, Kees et VAN DRECHT, Gerard, 2006. HYDE 3: current and historical population and land cover. In : KLEIN GOLDEWIJK, Kees, KRAM, Tom et BOUWMAN, Alexander F. (éd.), *Integrated modelling of global environmental change: an overview of Image 2.4*. Bilthoven, The Netherlands : Netherlands Environmental Assessment Agency (MNP). p. 93-112. ISBN 978-90-6960-151-9.

LAEEQ, Ahmad, 2013. *Modeling the Neolithic Transition in Europe Archaeobotanical Aspect of the Expansion of Neolithic Population in Europe*. Hamilton (New-Zeland) : The University of Waikato.

LAGADEC, Yvan et CHENORKIAN, Robert, 2009. Les systèmes socio-écologiques : vers une approche spatiale et temporelle. In : *Natures Sciences Sociétés*. avril 2009. Vol. 17, n° 2, p. 194-196. DOI 10.1051/nss/2009032.

LANDOLT, Elias, BÄUMLER, Beat, ERHARDT, Andreas, WOHLGEMUT, Thomas, VUST, Mathias, URMI, Edwin, THEURILLAT, Jean-Paul, SCHWEINGRUBER, Fritz Hans, RUDMANN-MAURER, Katrin, NOBIS, Michael, LÄMMLER, Walter, KLÖTZLI, Frank A et HEGG, Otto, 2010. Flora Indicativa: Ecological Indicator Values and Biological Attributes of the Flora of Switzerland and the Alps. In : [en ligne]. 2010. [Consulté le 17 juillet 2019]. Disponible à l'adresse : <https://www.infoflora.ch/fr/flore.html>.

LEBOURGEOIS, François, 2005. Approche dendroécologique de la sensibilité du Hêtre (*Fagus sylvatica* L.) au climat en France et en Europe. In : *Revue Forestière Française*. 2005. n° 1, p. 33. DOI 10.4267/2042/5021.

LESCOURRET, Françoise, MAGDA, Danièle, RICHARD, Guy, ADAM-BLONDON, Anne-Françoise, BARDY, Marion, BAUDRY, Jacques, DOUSSAN, Isabelle, DUMONT, Bertrand, LEFÈVRE, François, LITRICO, Isabelle, MARTIN-CLOUAIRE, Roger, MONTUELLE, Bernard, PELLERIN, Sylvain, PLANTEGENEST, Manuel, TANCOIGNE, Elise, THOMAS, Alban, GUYOMARD, Hervé et SOUSSANA, Jean-François, 2015. A social-ecological approach to managing multiple agro-ecosystem services. In : *Current Opinion in Environmental Sustainability*. juin 2015. Vol. 14, p. 68-75. DOI 10.1016/j.cosust.2015.04.001.

LEVINS, Richard, 1969. Some Demographic and Genetic Consequences of Environmental Heterogeneity for Biological Control. In : *Bulletin of the Entomological Society of America*. 1 septembre 1969. Vol. 15, n° 3, p. 237-240. DOI 10.1093/besa/15.3.237.

LEVINS, Richard, 1970. *Extinction*. In : Desternhaber M. (éd.). Providence : American Mathematical Society. Some Mathematical Questions in Biology.

LIU, Jianguo, DIETZ, Thomas, CARPENTER, Stephen R., ALBERTI, Marina, FOLKE, Carl, MORAN, Emilio, PELL, Alice N., DEADMAN, Peter, KRATZ, T., LUBCHENCO, Jane, OSTROM, Elinor, OUYANG, Zhiyun, PROVENCHER, William, REDMAN, Charles, SCHNEIDER, Stephen H. et TAYLOR, William W., 2007. Complexity of Coupled Human and Natural Systems. In : *Science*. 14 septembre 2007. Vol. 317, n° 5844, p. 1513-1516. DOI 10.1126/science.1144004.

LOMBARD, Antoine et BAJON, Robert, 2000a. *Artemisia alba Turra, 1764* [en ligne]. 2006. S.l. : Conservatoire Botanique National du Bassin Parisien. Disponible à l'adresse : <http://www.mnhn.fr/cbnbp>.

LOMBARD, Antoine et BAJON, Robert, 2000b. *Artemisia campestris L., 1753* [en ligne]. 2006. S.l. : Conservatoire Botanique National du Bassin Parisien. Disponible à l'adresse : <http://www.mnhn.fr/cbnbp>.

MAGNY, Michel, BÉGEOT, Carole, GUIOT, Joël, MARGUET, André et BILLAUD, Yves, 2003. Reconstruction and palaeoclimatic interpretation of mid-Holocene vegetation and lake-level changes at Saint-Jorioz, Lake Annecy, French Pre-Alps. In : *The Holocene*. février 2003. Vol. 13, n° 2, p. 265-275. DOI 10.1191/0959683603hl612rp.

MAIORANO, Luigi, CHEDDADI, Rachid, ZIMMERMANN, Niklaus E., PELLISSIER, Loïc, PETITPIERRE, Blaise, POTTIER, Julien, LABORDE, Hervé, HURDU, Bogdan I., PEARMAN, Peter B., PSOMAS, Alexandros, SINGARAYER, Joy S., BROENNIMANN, Olivier, VITTOZ, Pascal, DUBUIS, Anne, EDWARDS, Mary E., BINNEY, Heather et GUISAN, Antoine, 2013. Building the niche through time: using 13,000 years of data to predict the effects of climate change on three tree species in Europe: Multi-temporal niche and species potential distribution. In : *Global Ecology and Biogeography*. mars 2013. Vol. 22, n° 3, p. 302-317. DOI 10.1111/j.1466-8238.2012.00767.x.

MAIRE, René Charles Joseph, 1952. *Flore de l'Afrique du Nord (Maroc, Algérie, Tunisie, Tripolitaine, Cyrénaïque et Sahara), 1. Pteridophyta. Gymnospermae. Monocotyledonae Pandanales, Fluviales, Glumiflorae. (Gramineae : sf. Panicoideae ; sf Bambusioideae)* [en ligne]. Paris : Paul Lechevalier. [Consulté le 15 juillet 2019]. Encyclopédie biologique. Disponible à l'adresse : <http://www.floramaroccana.fr>.

MARTIN, Lucie, 2011. Une bergerie néolithique dans le Vercors. Analyse des macro-restes végétaux des “fumiers” fossiles de la Grande Rivoire (Sassenage, Isère, Rhône-Alpes). In : WIETHOLD, Julian, *Carpologia. Articles réunis à la mémoire de Karen Lundström-Baudais. Actes des rencontres d'archéobotanique organisées par Bibracte, Centre archéologique européen, et le Centre de Recherches Archéologiques de la Vallée de l'Oise (CRAVO), 9-12 juin 2005, Glux-en-Glenne*. Glux-en-Glenne : Bibracte. Collection Bibracte, 20. ISBN 978-2-909668-67-3.

MASCHER, Martin, SCHUENEMANN, Verena J, DAVIDOVICH, Uri, MAROM, Nimrod, HIMMELBACH, Axel, HÜBNER, Sariel, KOROL, Abraham, DAVID, Michal, REITER, Ella, RIEHL, Simone, SCHREIBER, Mona, VOHR, Samuel H, GREEN, Richard E, DAWSON, Ian K, RUSSELL, Joanne, KILIAN, Benjamin, MUEHLBAUER, Gary J, WAUGH, Robbie, FAHIMA, Tzion, KRAUSE, Johannes, WEISS, Ehud et STEIN, Nils, 2016. Genomic analysis of 6,000-year-old cultivated grain illuminates the domestication history of barley. In : *Nature Genetics*. septembre 2016. Vol. 48, n° 9, p. 1089-1093. DOI 10.1038/ng.3611.

MAURI, Achille, STRONA, Giovanni et SAN-MIGUEL-AYANZ, Jesús, 2017. EU-Forest, a high-resolution tree occurrence dataset for Europe. In : *Scientific Data*. décembre 2017. Vol. 4, n° 1, p. 160123. DOI 10.1038/sdata.2016.123.

MC HAFFIE, H., 2012. Norwegian Mugwort. In : *From coast to summit* [en ligne]. 2012. [Consulté le 15 juillet 2019]. Disponible à l'adresse : <https://rbg-web2.rbge.org.uk/scotplant/Montane/norvegical.html>.

MCEVEDY, Colin et JONES, Richard, 1978. Europe Area 3 - France. In : FACTS ON FILE (éd.), *Atlas of World Population History*. New York : Facts on File. p. 368. ISBN 978-0-87196-402-1.

MILLENNIUM ECOSYSTEM ASSESSMENT, (MEA), 2005. *Ecosystems and Human Well-being: Synthesis*. S.l. Island Press.

MILLER, Paul A., GIESECKE, Thomas, HICKLER, Thomas, BRADSHAW, Richard H. W., SMITH, Benjamin, SEPPÄ, Heikki, VALDES, Paul J. et SYKES, Martin T., 2008. Exploring climatic and biotic controls on Holocene vegetation change in Fennoscandia. In : *Journal of Ecology*. mars 2008. Vol. 96, n° 2, p. 247-259. DOI 10.1111/j.1365-2745.2007.01342.x.

MIRAS, Yannick, 2009. L'étude des relations entre végétation et pluie pollinique actuelle sur le plateau de Millevaches (Limousin, France) : outil pour une meilleure caractérisation pollenanalytique des formes paysagères et des pratiques agrosylvopastorales. In : *Revue des Sciences Naturelles d'Auvergne*. 2009. Vol. 73.

NICOD, Pierre-Yves, PICAUVET, Régis, ARGANT, Jacqueline, BROCHIER, Jacques Léopold, CHAIX, Louis, DELHON, Claire, MARTIN, Lucie, MOULIN, Bernard et THIÉBAULT, Stéphanie, 2008. La bergerie néolithique de la Grande Rivoire. In : JOSPIN, Jean-Pascal et FAVRIE, Tassadie, *Premiers bergers des Alpes : de la préhistoire à l'Antiquité* [en ligne]. Gollion : Infolio. p. 74-79. [Consulté le 18 juillet 2019]. ISBN 978-2-88474-095-1. Disponible à l'adresse : <https://archive-ouverte.unige.ch/unige:5243>.

NOBIS, Michael P. et NORMAND, Signe, 2014. KISSMig - a simple model for R to account for limited migration in analyses of species distributions. In : *Ecography*. décembre 2014. Vol. 37, n° 12, p. 1282-1287. DOI 10.1111/ecog.00930.

O.F, 2018. ADN environnemental & Metabarcoding. In : . Cours. S.I. 2018.

PANAGOS, Panos, 2008. European Soil Database, interest for Biodiversity. In : *Biodiversity workshop of the European Commission* [en ligne]. Ispra. 2008. Disponible à l'adresse : <https://bit.ly/2YRPGv6>.

PANAGOS, Panos, VAN LIEDEKERKE, Marc, JONES, Arwyn et MONTANARELLA, Luca, 2012. European Soil Data Centre: Response to European policy support and public data requirements. In : *Land Use Policy*. avril 2012. Vol. 29, n° 2, p. 329-338. DOI 10.1016/j.landusepol.2011.07.003.

PIFH, 2019. FLORE EN LIGNE. In : *Pôle d'Information Flore-Habitats-fonge d'Auvergne-Rhône-Alpes. Observatoire de la Biodiversité en Auvergne-Rhône-Alpes* [en ligne]. 2019. [Consulté le 17 juillet 2019]. Disponible à l'adresse : <http://www.pifh.fr/pifhcms/index.php>.

PRENTICE, I Colin, GUIOT, Joël, HUNTLEY, Brian, JOLLY, Dominique et CHEDDADI, Rachid, 1996. Reconstructing biomes from palaeoecological data: a general method and its application to European pollen data at 0 and 6 ka. In : *Climate Dynamics*. 1996. Vol. 12, p. 185-194.

RAMEAU, Jean-Claude, MANSION, Dominique, DUMÉ, Gérard, TIMBAL, Jean, LECOINTE, Alain, DUPONT, Pierre et KELLER, Robert, 1989. *Flore forestière française: guide écologique illustré. 1: Plaines et collines*. Paris : Institut pour le Développement Forestier. ISBN 978-2-904740-16-9.

R Development Core Team, 2005. *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0. Disponible à l'adresse : <http://www.R-project.org>.

REIMER, Paula J, BARD, Edouard, BAYLISS, Alex, BECK, J Warren, BLACKWELL, Paul G, RAMSEY, Christopher Bronk, BUCK, Caitlin E, CHENG, Hai, EDWARDS, R Lawrence,

FRIEDRICH, Michael, GROOTES, Pieter M, GUILDERSON, Thomas P, HAFLIDASON, Hafliði, HAJDAS, Irka, HATTÉ, Christine, HEATON, Timothy J, HOFFMANN, Dirk L, HOGG, Alan G, HUGHEN, Konrad A, KAISER, K Felix, KROMER, Bernd, MANNING, Sturt W, NIU, Mu, REIMER, Ron W, RICHARDS, David A, SCOTT, E Marian, SOUTHON, John R, STAFF, Richard A, TURNEY, Christian S M et VAN DER PLICHT, Johannes, 2013. IntCal13 and Marine13 Radiocarbon Age Calibration Curves 0–50,000 Years cal BP. In : *Radiocarbon*. 2013. Vol. 55, n° 4, p. 1869-1887. DOI 10.2458/azu_js_rc.55.16947.

RÉSEAU LACS SENTINELLES, 2016. *Un réseau pluridisciplinaire*. S.l.

RICHARD, Hervé, 1997. Indices polliniques de néolithisation du massif jurassien aux VIème et Vème millénaires. In : *Quaternaire*. 1997. Vol. 8, n° 1, p. 55-62. DOI 10.3406/quate.1997.1558.

RICHARD, Hervé et GERY, Ségolène, 1993. Variations in pollen proportions of *Plantago lanceolata* and *P. major/media* at a Neolithic lake dwelling, Lake Chalain, France. In : *Vegetation History and Archaeobotany* [en ligne]. août 1993. Vol. 2, n° 2. [Consulté le 17 juillet 2019]. DOI 10.1007/BF00202185. Disponible à l'adresse : <http://link.springer.com/10.1007/BF00202185>.

RSTUDIOTEAM, 2016. *RStudio: Integrated Development for R*. [en ligne]. Boston, MA : RStudio Inc. Disponible à l'adresse : <http://www.rstudio.com/>.

RUSSELL, Josiah Cox, 1972. Population in Europe, 500-1500. In : CIPOLLA, Carlo Maria (éd.), *The Fontana Economic History of Europe*. Londres : Collins. p. 25-70. ISBN 978-2-600-04289-5.

SABATIER, Pierre, BAJARD, Manon, DAVID, Fernand, POULENARD, Jérôme, ARNAUD, Fabien, DEVELLE, Anne-Lise, LELOUP-BESSON, Anouk, REYSS, Jean-Louis, FANGET, Bernard, MALET, Emmanuel, ARNAUD, Daniel, AUGUSTIN, Laurent et CROUZET, Christian, 2013. Evolution du tardi-glaciaire et holocène d'un bassin versant de moyenne montagne (lac de La Thuile, massif des Bauges) : Impacts climatique et anthropique. In : *14ème congrès français de sédimentologie*. Poster. Paris. 2013.

SCHÖNWIESE, Christian-Dietrich, 1995. *Klimaänderungen: Daten, Analysen, Prognosen*. Berlin : Springer-Verl. ISBN 978-3-540-59096-5.

SINGARAYER, Joy S. et VALDES, Paul J., 2010. High-latitude climate sensitivity to ice-sheet forcing over the last 120kyr. In : *Quaternary Science Reviews*. janvier 2010. Vol. 29, n° 1-2, p. 43-55. DOI 10.1016/j.quascirev.2009.10.011.

SITCH, S., HUNTINGFORD, C., GEDNEY, N., LEVY, P. E., LOMAS, M., PIAO, S. L., BETTS, R., CIAIS, P., COX, P., FRIEDLINGSTEIN, P., JONES, C. D., PRENTICE, I. C. et WOODWARD, F. I., 2008. Evaluation of the terrestrial carbon cycle, future plant geography and climate-carbon cycle feedbacks using five Dynamic Global Vegetation Models (DGVMs). In : *Global Change Biology*. septembre 2008. Vol. 14, n° 9, p. 2015-2039. DOI 10.1111/j.1365-2486.2008.01626.x.

SMITH, Hugh G. et BLAKE, William H., 2014. Sediment fingerprinting in agricultural catchments: A critical re-examination of source discrimination and data corrections. In : *Geomorphology*. janvier 2014. Vol. 204, p. 177-191. DOI 10.1016/j.geomorph.2013.08.003.

STATISTICAT, LLC., 2018. *LaplacesDemon : Complete Environment for Bayesian Inference*. [en ligne]. S.l. : Bayesian-Inference.com. Disponible à l'adresse : <http://www.bayesian-inference.com/software>. <https://web.archive.org/web/20150206004624/>

TALLUTO, Matthew V., BOULANGEAT, Isabelle, VISSAULT, Steve, THUILLER, Wilfried et GRAVEL, Dominique, 2017. Extinction debt and colonization credit delay range shifts of eastern North American trees. In : *Nature Ecology & Evolution*. 12 juin 2017. Vol. 1, n° 0182, p. 6. DOI 10.1038/s41559-017-0182.

TEWARI, Rajni, AWATAR, Ram, PANDITA, Sundeep K., MCLOUGHLIN, Stephen, AGNIHOTRI, Deepa, PILLAI, Suresh S.K., SINGH, Vartika, KUMAR, Kamlesh et BHAT, Ghulam D., 2015. The Permian–Triassic palynological transition in the Guryul Ravine section, Kashmir, India: implications for Tethyan–Gondwanan correlations. In : *Earth-Science Reviews*. octobre 2015. Vol. 149, p. 53-66. DOI 10.1016/j.earscirev.2014.08.018.

THEUERKAUF, Martin et COUWENBERG, John, 2017. The extended downscaling approach: A new R-tool for pollen-based reconstruction of vegetation patterns. In : *The Holocene*. août 2017. Vol. 27, n° 8, p. 1252-1258. DOI 10.1177/0959683616683256.

UNIVERSITÉ GRENOBLE ALPES, 2018. *Les projets CDP, Cross Disciplinary Program*. S.l.

US LONG TERM ECOLOGICAL RESEARCH NETWORK (US LTER), 2007. The Decadal Plan for LTER: Integrative Science for Society and the Environment. In : *LTER Network Office Publication Series*. 2007. n° 24, p. 154.

VON SCHEFFER, Clemens, LANGE, Annika, DE VLEESCHOUWER, François, SCHRAUTZER, Joachim et UNKEL, Ingmar, 2019. 6200 years of human activities and environmental change in the northern central Alps. In : *E&G Quaternary Science Journal*. 8 mai 2019. Vol. 68, n° 1, p. 13-28. DOI 10.5194/egqsj-68-13-2019.

WATERS, Colin, ZALASIEWICZ, Jan et BARNOSKY, Anthony, 2019. Working Group on the 'Anthropocene' | Subcommission on Quaternary Stratigraphy. In : [en ligne]. 2019. [Consulté le 5 août 2019]. Disponible à l'adresse : <http://quaternary.stratigraphy.org/working-groups/anthropocene/>.

WEATHERS, Kathleen C., HANSON, Paul C., ARZBERGER, Peter, BRENTROP, Jennifer, BROOKES, Justin, CAREY, Cayelan C., GAISER, Evelyn, GAISER, Evelyn, HAMILTON, David P., HONG, Grace S., IBELINGS, Bas, ISTVÁNOVICS, Vera, JENNINGS, Eleanor, KIM, Bomchul, KRATZ, Tim, LIN, Fang-Pang, MURAOKA, Kohji, O'REILLY, Catherine, ROSE, Kevin C., RYDER, Elizabeth et ZHU, Guangwei, 2013. The Global Lake Ecological Observatory Network (GLEON): The evolution of grassroots network science. In : *Limnology and Oceanography Bulletin*. août 2013. Vol. 22, n° 3, p. 71-73. DOI 10.1002/lob.201322371.

WOODBIDGE, Jessie, ROBERTS, Neil et FYFE, Ralph, 2019. Vegetation and Land-Use Change in Northern Europe during Late Antiquity: A Regional-Scale Pollen-Based Reconstruction. In : IZDEBSKI, Adam et MULRYAN, Michael (éd.), *Environment and Society in the Long Late Antiquity* [en ligne]. S.l. : BRILL. [Consulté le 12 août 2019]. ISBN 978-90-04-38379-1. Disponible à l'adresse : <https://brill.com/view/book/edcoll/9789004392083/BP000017.xml>.

SITOGRAPHIE

ARBRE & PAYSAGE 32, [sans date]. Tilleul des bois. In : *Arbre & Paysage : Association spécialisée sur les techniques de l'arbre et de la Haie* [en ligne]. [Consulté le 26 août 2019]. Disponible à l'adresse : <https://www.ap32.fr/index.html>.

CALFLORA, 2019. The Calflora Database. In : *From coast to summit* [en ligne]. 2019. [Consulté le 15 juillet 2019]. Disponible à l'adresse : <https://www.calflora.org/>.

CNRS, 2018. La paléoclimatologie - CLIMAT, une enquête aux pôles. In : *Sagascience une collection de dossiers thématiques et d'animations multimédias produits par le CNRS* [en ligne]. 2018. [Consulté le 26 juillet 2019]. Disponible à l'adresse : <http://sagascience.cnrs.fr/dospoles/alternative6.html>.

CREA MONT-BLANC, 2018. Le changement climatique et ses impacts sur les Alpes. In : *ATLAS Mont-Blanc, un massif sous la loupe des citoyens* [en ligne]. 2018. [Consulté le 22 août 2019]. Disponible à l'adresse : <https://www.atlasmontblanc.org/fr/le-changement-climatique-et-ses-impacts-dans-les-alpes>.

EUFORGEN, : EUropean FOReSt GENetic resources programme, 2019. Species. In : *European Forest Genetic Resources Programme genetic diversity is the basis of resilience* [en ligne]. 2019. [Consulté le 17 juillet 2019]. Disponible à l'adresse : <http://www.euforgen.org/species/>.

EUROPEAN UNION, 2014. 2007 - 2013 Central Europe. In : *Keep.eu European Union* [en ligne]. 2014. [Consulté le 12 août 2019]. Disponible à l'adresse : <https://www.keep.eu/programme/2007-2013-central-europe>.

GIL, Jean-Marc, 2015. Nomenclature des arbres. In : *La botanique* [en ligne]. 2015. [Consulté le 15 juillet 2019]. Disponible à l'adresse : <http://www.jean-marc-gil-toutsurlabotanique.com/page/introduction-a-la-botanique/les-vegetaux/les-arbres/nomenclature-des-arbres/>.

GLEON, s.d. Map of Lakes. In : *GLEON : Understand, Predict and Communicate the Role and Response of Lakes in a Changing Global Environment* [en ligne]. s.d. [Consulté le 19 mars 2019]. Disponible à l'adresse : <http://gleon.org/members/lakes/map>.

ICS, 2018. Formal subdivision of the Holocene Series/Epoch. In : *International Commission on Stratigraphy* [en ligne]. 2018. [Consulté le 5 août 2019]. Disponible à l'adresse : <http://www.stratigraphy.org/>.

INFOFLORA, 2019. Centre national de données et d'informations sur la flore de Suisse. In : *Infoflora : Centre national de données et d'informations sur la flore de Suisse* [en ligne]. 2019. [Consulté le 17 juillet 2018]. Disponible à l'adresse : <https://www.infoflora.ch/fr/>.

INSTITUT MÉDITERRANÉEN DE BIODIVERSITÉ ET D'ÉCOLOGIE (IMBE), 2016. Protocol of the European Pollen Database. In : *European Pollen Database* [en ligne]. 2016. [Consulté le 5 août 2019]. Disponible à l'adresse : <http://www.europeanpollendatabase.net/datapolicy/>.

ISTITUTO PER IL RILEVAMENTO ELETTROMAGNETICO DELL'AMBIANTE (IREA), 2013. EULAKES. In : *Consiglio Nazionale delle Ricerche* [en ligne]. 2013. [Consulté le 12 août 2019]. Disponible à l'adresse : http://www.irea.cnr.it/en/index.php?option=com_k2&view=item&id=153:eulakes&Itemid=165&tmpl=component&print=1.

JULIEN, Michèle, 2017. Holocène. In : *Encyclopædia Universalis* [en ligne]. 2017. [Consulté le 17 juillet 2017]. Disponible à l'adresse : <http://www.universalis.fr/encyclopedie/holocene/>.

JULVE, Philippe, 2017. Baseflor. Index botanique, écologique et chorologique de la flore de France. In : *Tela Botanica* [en ligne]. 2017. [Consulté le 17 juillet 2019]. Disponible à l'adresse : <https://www.tela-botanica.org>.

MC HAFFIE, H., 2012. Norwegian Mugwort. In : *From coast to summit* [en ligne]. 2012. [Consulté le 15 juillet 2019]. Disponible à l'adresse : <https://rbg-web2.rbge.org.uk/scotplant/Montane/norvegical.html>.

MONTUELLE, Bernard, DOMAIZON, Isabelle et BARBET, Denis, 2018. OLA : Description de l'Observatoire des Lacs - Partenaires & réseaux. In : *INRA science & impact* [en ligne]. 2018. [Consulté le 9 avril 2019]. Disponible à l'adresse : <https://www6.inra.fr/soere-ola/Partenaires-reseaux>.

PARC NATIONAL DES ECRINS, 2016. Programme « Lacs sentinelles alpins ». In : *Parc national des Ecrins* [en ligne]. 10 novembre 2016. [Consulté le 9 avril 2019]. Disponible à l'adresse : <http://www.ecrins-parcnational.fr/programme-lacs-sentinelles-alpins>.

PBL, (Netherlands Environmental Assessment Agency), 2010. Uncertainty. In : *History Database of the Global Environment* [en ligne]. 2010. [Consulté le 12 juin 2019]. Disponible à l'adresse : <https://themasites.pbl.nl/tridion/en/themasites/hyde/uncertainty/index-2.html>.

PIFH, 2019. FLORE EN LIGNE. In : *Pôle d'Information Flore-Habitats-fonge d'Auvergne-Rhône-Alpes. Observatoire de la Biodiversité en Auvergne-Rhône-Alpes* [en ligne]. 2019. [Consulté le 17 juillet 2019]. Disponible à l'adresse : <http://www.pifh.fr/pifhcms/index.php>.

RÉSEAU LACS SENTINELLES, s.d. Un réseau de suivi des lacs d'altitude. In : [en ligne]. s.d. [Consulté le 14 mars 2019]. Disponible à l'adresse : <http://www.lacs-sentinelles.org/>.

SPYGEN, 2019. Qu'est-ce que l'ADNe ? In : *ADN environnemental (ADNe) Barcoding et Metabarcoding* [en ligne]. 2019. [Consulté le 29 mars 2019]. Disponible à l'adresse : <http://www.spygen.com/fr/technologies/qu-est-ce-que-l-adne/>.

TRAJECTORIES, 2018. Séminaire annuel. In : [en ligne]. 2018. Disponible à l'adresse : <https://trajectories.univ-grenoble-alpes.fr/le-projet-trajectories/toutes-les-actualites/seminaire-annuel-736163.htm?RH=1489570334017>.

TRAJECTORIES, 2019. Assemblée Générale 2019. In : [en ligne]. 2 avril 2019. Disponible à l'adresse : <https://trajectories.univ-grenoble-alpes.fr/le-projet-trajectories/toutes-les-actualites/assemblee-generale-2019-781444.htm?RH=1489570334017>.

UNIVERSITÉ GRENOBLE ALPES, 2019. The Trajectories project. In : *Trajectories Univ. Grenoble Alpes* [en ligne]. 15 février 2019. [Consulté le 14 mars 2019]. Disponible à l'adresse : <https://trajectories.univ-grenoble-alpes.fr/>.

WSL, (Institut fédéral de recherches sur la forêt, la neige et le paysage), 2017a. CHELSA - Des données climatiques à haute résolution. In : [en ligne]. 2017. [Consulté le 17 juillet 2019]. Disponible à l'adresse : <https://www.wsl.ch/fr/services-et-produits/donnees-monitoring-et-inventaires/chelsa-des-donnees-climatiques-a-haute-resolution.html>.

WSL, (Institut fédéral de recherches sur la forêt, la neige et le paysage), 2017b. Kissmig... a „Keep It Simple Species Migration model“ for R. In : *Research for people and environment* [en ligne]. 2017. [Consulté le 27 août 2019]. Disponible à l'adresse : <https://www.wsl.ch/en/services-and-products/software-websites-and-apps/kissmig.html>.

ANNEXES

ANNEXE A : Scripts R, manipulations préliminaires.

1. Création de l'emprise d'étude

```
### sa_extend.R : Fonction permettant de créer l'emprise de l'étude au
### format raster et en système de projection WGS84
### Stage IRSTEA 2019 Guichardon Lucie
#-----

library(raster)

create_sa_extent<- function()
{
  sa_extent = raster(xmn = -15, xmx = 30, ymn = 40, ymx = 70)
  projection(sa_extent) = projection("+proj=longlat +datum=WGS84 +no_defs +ellps=WGS84 +towgs84=0,0,0")
  return(sa_extent)
}
```

2. Création des rasters de l'aire d'étude

```
### studyarea_raster.R : 2 fonctions : 1 Permet de sélectionner les lacs de
### l'EPD selon différents critères (altitude, superficie)
### 2 Idem pour les sites fournis par EDYTEM
### Stage IRSTEA 2019 Guichardon Lucie
#-----

library(raster)

##### Study area raster / Europe #####

study_area_raster <- function(dat, grid.asc, sa_extent)
{
  # Sites de l'EPD
  #-----
  csv = read.csv(paste(data_pollen,"sites.csv", sep = ""), sep = ";",header=TRUE)
  write.table(csv, file="outputs/txt/sites.txt", sep = "\t", row.names=F, quote = F)

  sites = read.table("outputs/txt/sites.txt", sep = "\t", h=TRUE,encoding = "UTF-8",
  comment.char="", quote = "")
  sitesLoc = unique(sites[,c("site_", "elevation", "areaofsite", "latdd", "londd")])
  #length(unique(sitesLoc$site_)) #1559

  sites.coords = SpatialPointsDataFrame(sitesLoc[,c("londd", "latdd")],
  proj4string=CRS("+proj=longlat +datum=WGS84
  +no_defs +ellps=WGS84 +towgs84=0,0,0"), data = sitesLoc)

  #plot(sites.coords)
  #summary(sites.coords)

  # Grille issue de HYDE - résolution 50km2
  #-----

  ras = raster(grid.asc)
  projection(ras)=projection(sa_extent)
  ras.crop = crop(ras, sa_extent)
  ras.res = resample(ras.crop,sa_extent)

  #plot(ras.res)
  #summary(ras.crop)
```

```

pix.pollen = raster::extract(ras.res, sites.coords, cellnumbers=TRUE)
pix.pollen.uni = unique(pix.pollen)
#nrow(pix.pollen.uni)
sa = ras.res
sa[!is.na(ras.res)]=0
sa[pix.pollen.uni[, "cells"]]=1

#plot(sa)
#points(sites.coords)

#summary(pix.pollen[, "garea_cr"])

pix.pollen = data.frame(pix.pollen)
sites.coords$cells = pix.pollen$cells
sites.coords$garea_cr = pix.pollen$garea_cr
#head(sites.coords@data)
#length(unique(sites.coords$site_))

#check NAS
sites.pix = sites.coords[-which(is.na(sites.coords$cells)),]
#plot(sites.pix)
#summary(sites.pix)

#saveRDS(sites.coords, "outputs/rds/sites.rds")
#write.table(sites.pix@data, file="outputs/txt/sites_pixels.txt", sep = "\t", row.names=F, quote = F)

# Selection par la superficie
#-----
# head(sites.pix)
sites.cut = sites.pix[-which(sites.pix$areaofsite<5 | sites.pix$areaofsite>100),]

# plot(sites.pix)
# points(sites.cut, col = "red")
#saveRDS(sites.cut, "outputs/rds/sites.rds")
#write.table(sites.cut@data, file="outputs/txt/sites_pixels.txt", sep = "\t", row.names=F, quote = F)

# Selection par une difference d'altitude trop importante
#-----
# library(raster)
elev = raster(dem1km)

# head(sites.cut)

library(sp)
coords.proj = spTransform(sites.cut, CRS(projection(elev)))

elev.map = extract(elev, coords.proj)
sites.cut2 = sites.cut[-which((abs(elev.map - sites.cut$elevation))>100),]

#length(unique(sites.cut2$cells))
#plot(sites.pix)
#points(sites.cut, col = "blue", pch = 2)
#points(sites.cut2, col = "red")
#plot(sites.cut2)

#saveRDS(sites.cut2, "outputs/rds/sites.rds")
write.table(sites.cut2@data, file="outputs/txt/sites_pixels.txt", sep = "\t", row.names=F, quote = F)

#saveRDS(sa, "outputs/rds/study_area_raster.rds")
return(list(sites = sites, site_raster = sites.cut2))
}

```

3. Préparation des données des variables

```
### dataprep_vars.R : Fonctions pour la creation des raster de donnees
### climatique, pedologique, altitude, population humaine pour les sites de l'EPD
### Partie 2 Idem pour creation des rasters de donnees identiques pour
### les sites d'EDYTEM
### Stage IRSTEA 2019 Guichardon Lucie
#-----

require(raster)
require(rgdal)

##### Data prep vars / Europe #####

# temprature stack
#-----
prep.temp<- function(temp.grid)
{
  sa = sa_extent

  temp.list = lapply(1:12, function(i)
  {
    ras = raster(temp.grid, band=i)
    # decoupage a l'emprise de l'aire d'etude
    projection(ras) = projection(sa_extent)
    ras.crop = crop(ras, extent(sa))
    # application de la meme resolution
    ras.res = resample(ras.crop, sa)

    return(ras.res)
  })

  temp.list2 = lapply(1:11,function(i)
  {
    diff = (temp.list[[i+1]]+temp.list[[i]])/2
    return(list(temp.list[[i]],diff))
  })

  liste.complete = list(temp.list2,temp.list[[12]])
  temp_stack = stack(unlist(liste.complete))
  names(temp_stack) = paste0("TAV", seq(1000,12000,500), "yBP")

  #saveRDS(temp_stack, file="outputs/rds/temp_stack.rds")

  cells = as.numeric(as.character(unique(tr.tab$cells)))
  list.clim.dat = lapply(1:23, function(i)
  {
    clim.dat=data.frame(cells =cells, temp = temp_stack[[i]][cells])
    clim.dat$period = (i*500)+500
    #clim.dat = na.omit(clim.dat)
    return(list(clim.dat))
  })

  clim.temp.dat = rbind(list.clim.dat[[1]][[1]],list.clim.dat[[2]][[1]],
                        list.clim.dat[[3]][[1]],list.clim.dat[[4]][[1]],list.clim.dat[[5]][[1]],
                        list.clim.dat[[6]][[1]],list.clim.dat[[7]][[1]],list.clim.dat[[8]][[1]],
                        list.clim.dat[[9]][[1]],list.clim.dat[[10]][[1]],list.clim.dat[[11]][[1]],
                        list.clim.dat[[12]][[1]],list.clim.dat[[13]][[1]],list.clim.dat[[14]][[1]],
                        list.clim.dat[[15]][[1]],list.clim.dat[[16]][[1]],list.clim.dat[[17]][[1]],
                        list.clim.dat[[18]][[1]],list.clim.dat[[19]][[1]],list.clim.dat[[20]][[1]],
                        list.clim.dat[[21]][[1]],list.clim.dat[[22]][[1]],list.clim.dat[[23]][[1]])
}
```

```

#summary(clim.temp.dat)
#nrow(clim.dat)

#pdf("outputs/graphs/temperatureMaps.pdf", width=12, height=4)
#plot(temp_stack[[1]], legend.width=2, main= "1000 yBP")

# dev.off()
# climate = merge(temp, precip)
# head(climate)

#length(unique(clim.dat$cells)) #

#write.table(clim.temp.dat, file="outputs/txt/climate.txt", sep ="\t", row.names=F, quote = F)

return(list(temp.stack=temp_stack, temp.dat = clim.temp.dat))

```

precipitation stack

```

rep.prec<- function(prec.grid)

sa = sa_extent

prec.list = lapply(1:12, function(i)
{
  ras = raster(prec.grid, band=i)
  # decoupage a l'emprise de l'aire d'etude
  projection(ras) = projection(sa_extent)
  ras.crop = crop(ras, extent(sa))
  # application de la meme resolution
  ras.res = resample(ras.crop, sa)

  return(ras.res)
})

prec.list2 = lapply(1:11, function(i)
{
  diff = (prec.list[[i+1]]+prec.list[[i]])/2
  return(list(prec.list[[i]],diff))
})

liste.prec = list(prec.list2,prec.list[[12]])
prec_stack = stack(unlist(liste.prec))
names(prec_stack) = paste0("PRC", seq(1000,12000,500), "yBP")

cells = as.numeric(as.character(unique(tr.tab$cells)))

list.prec.dat = lapply(1:23, function(i)
{
  prec.dat=data.frame(cells =cells, prec = prec_stack[[i]][cells])
  prec.dat$period = (i*500)+500
  #clim.dat = na.omit(clim.dat)
  return(list(prec.dat))
})

```

```

clim.prec.dat = rbind(list.prec.dat[[1]][[1]],list.prec.dat[[2]][[1]],list.prec.dat[[3]][[1]],
                     list.prec.dat[[4]][[1]],list.prec.dat[[5]][[1]],list.prec.dat[[6]][[1]],
                     list.prec.dat[[7]][[1]],list.prec.dat[[8]][[1]],list.prec.dat[[9]][[1]],
                     list.prec.dat[[10]][[1]],list.prec.dat[[11]][[1]],list.prec.dat[[12]][[1]],
                     list.prec.dat[[13]][[1]],list.prec.dat[[14]][[1]],list.prec.dat[[15]][[1]],
                     list.prec.dat[[16]][[1]],list.prec.dat[[17]][[1]],list.prec.dat[[18]][[1]],
                     list.prec.dat[[19]][[1]],list.prec.dat[[20]][[1]],list.prec.dat[[21]][[1]],
                     list.prec.dat[[22]][[1]],list.prec.dat[[23]][[1]])

#summary(clim.temp.dat)
#nrow(clim.dat)

#pdf("outputs/graphs/temperatureMaps.pdf", width=12, height=4)
#plot(temp_stack[[1]],legend.width=2,main= "1000 yBP")

# dev.off()
# climate = merge(temp, precip)
# head(climate)
#length(unique(clim.dat$cells)) #

#write.table(clim.prec.dat, file="outputs/txt/precipitation.txt", sep ="\t", row.names=F, quote
return(list(prec.stack=prec_stack, prec.dat = clim.prec.dat))
}

# altitude
#=====

prep.elev<- function(dem1km)
{
  elev = raster(dem1km)

  elev.crop = crop(elev, projectExtent(sa_extent, CRS(projection(elev))))

  elev.proj = projectRaster(elev.crop, sa_extent, "bilinear")
  # saveRDS(soil.proj, file="rds/soil_raster.rds")
  pdf("outputs/graphs/elevMap.pdf")
  plot(elev.proj) #col = c(1,2,3)
  dev.off()

  return(elev.proj)
}

# Hyde stack
#=====

prep.hyde<- function(hyde.folder)
{
  dirs = list.files(hyde.folder)
  listOfDates = sub("_pop", "",dirs)

  YBP=rep(NA, length(listOfDates))
  YBP[grep("AD", listOfDates)] = 2000-as.numeric(sub("AD","",grep("AD", listOfDates, value = TRUE)))
  YBP[grep("BC", listOfDates)] = as.numeric(sub("BC","",grep("BC", listOfDates, value = TRUE))+2000

  Date=rep(NA, length(listOfDates))
  Date[grep("AD", listOfDates)] = as.numeric(sub("AD","",grep("AD", listOfDates, value = TRUE)))
  Date[grep("BC", listOfDates)] = -as.numeric(sub("BC","",grep("BC", listOfDates, value = TRUE)))

  dates = data.frame(hyde = listOfDates, YBP=YBP, Date=Date)
  dates = dates[order(dates$YBP),]
}

```



```

#head(dates[order(dates$YBP),])

list.hyde = lapply(1:nrow(dates), function(i)
{
  date = dates$hyde[i]

  path = paste(hyde.folder,date,"_pop/",sep="")
  file = grep("popd", list.files(path), value=TRUE)
  ras = raster(paste(path, file, sep=""))
  projection(ras) = projection("+proj=longlat +datum=WGS84 +no_defs +ellps=WGS84 +towgs84=0,0,0")

  ras.crop= crop(ras, extent(sa_extent))
  ras.res = resample(ras.crop,sa_extent)
  return(ras.res)
})

list.hyde2 = lapply(1:12,function(i)
{
  diff = (list.hyde[[i+1]]+list.hyde[[i]])/2
  return(list(list.hyde[[i]],diff))
})

liste.complete2 = list(list.hyde2,list.hyde[[13]])
hyde_stack = stack(unlist(liste.complete2))
names(hyde_stack) = paste0("popdens", seq(0,12000,500), "yBP")

#pdf("outputs/graphs/popdensMaps.pdf", width=12, height=4)
#plot(popdens_stack, nc=6, legend.width=2)
#dev.off()

cells = as.numeric(as.character(unique(tr.tab$cells)))

list.hyde.dat = lapply(1:25, function(i)
{
  hyde.dat=data.frame(cells=cells, popd = hyde_stack[[i]][cells])
  hyde.dat$YBP = (i*500)-500

  return(hyde.dat)
})

hyde.all = do.call(rbind, list.hyde.dat)
hyde.all = na.omit(hyde.all)
#write.table(hyde.all, file="outputs/txt/hyde.txt", sep ="\t", row.names=F, quote = F)

# head(hyde.all)
# summary(hyde.all)

# saveRDS(popdens_stack, file="outputs/rds/popdens_stack.rds")
return(hyde.all)
}

# Sol
#=====

prep.soil<- function(soil.rst, soil.CRS)
{
  soil <- raster(soil.rst)

```

```

projection(soil) = CRS(soil.CRS)

# soil
soil.crop = crop(soil, projectExtent(sa_extent, CRS(projection(soil))))
soil.proj = projectRaster(soil.crop, sa_extent, "bilinear")
# saveRDS(soil.proj, file="rds/soil_raster.rds")
pdf("outputs/graphs/soilMap.pdf")
plot(soil.proj)#, col = c(1,2,3))
dev.off()

return(soil.proj)
}

##### Data prep vars / 4 sites alpins #####

# temprature stack
#-----
prep.temp.lacs<- function(temp.grid)
{
  sa = sa_extent

  temp.list = lapply(1:12, function(i)
  {
    ras = raster(temp.grid, band=i)
    # decoupage a l'emprise de l'aire d'etude
    projection(ras) = projection(sa_extent)
    ras.crop = crop(ras, extent(sa))
    # application de la meme resolution
    ras.res = resample(ras.crop, sa)

    return(ras.res)
  })
  temp.list2 = lapply(1:11,function(i)
  {
    diff = (temp.list[[i+1]]+temp.list[[i]])/2
    return(list(temp.list[[i]],diff))
  })

  liste.complete = list(temp.list2,temp.list[[12]])
  temp_stack = stack(unlist(liste.complete))
  names(temp_stack) = paste0("TAV", seq(1000,12000,500), "yBP")

  #saveRDS(temp_stack, file="outputs/rds/temp_stack.rds")

  cells = as.numeric(as.character(unique(pollen.pix$cells)))

  list.clim.dat = lapply(1:23, function(i)
  {
    clim.dat=data.frame(cells =cells, temp = temp_stack[[i]][cells])
    clim.dat$period = (i*500)+500
    #clim.dat = na.omit(clim.dat)
    return(list(clim.dat))
  })
}

```

```

clim.temp.dat = rbind(list.clim.dat[[1]][[1]],list.clim.dat[[2]][[1]],list.clim.dat[[3]][[1]],
                      list.clim.dat[[4]][[1]],list.clim.dat[[5]][[1]],list.clim.dat[[6]][[1]],
                      list.clim.dat[[7]][[1]],list.clim.dat[[8]][[1]],list.clim.dat[[9]][[1]],
                      list.clim.dat[[10]][[1]],list.clim.dat[[11]][[1]],list.clim.dat[[12]][[1]],
                      list.clim.dat[[13]][[1]],list.clim.dat[[14]][[1]],list.clim.dat[[15]][[1]],
                      list.clim.dat[[16]][[1]],list.clim.dat[[17]][[1]],list.clim.dat[[18]][[1]],
                      list.clim.dat[[19]][[1]],list.clim.dat[[20]][[1]],list.clim.dat[[21]][[1]],
                      list.clim.dat[[22]][[1]],list.clim.dat[[23]][[1]])

#summary(clim.temp.dat)
#nrow(clim.dat)

#pdf("outputs/graphs/temperatureMaps.pdf", width=12, height=4)
#plot(temp_stack[[1]],legend.width=2,main= "1000 yBP")

# dev.off()
# climate = merge(temp, precip)
# head(climate)

#length(unique(clim.dat$cells)) #

#write.table(clim.temp.dat, file="outputs/txt/climate.txt", sep ="\t", row.names=F, quote = F)

return(list(temp.stack=temp_stack, temp.dat = clim.temp.dat))
# precipitation stack
#-----
prep.prec.lacs <- function(prec.grid)
{
  sa = sa_extent

  prec.list = lapply(1:12, function(i)
  {
    ras = raster(prec.grid, band=i)
    # decoupage a l'emprise de l'aire d'etude
    projection(ras) = projection(sa_extent)
    ras.crop = crop(ras, extent(sa))
    # application de la meme resolution
    ras.res = resample(ras.crop, sa)

    return(ras.res)
  })

  prec.list2 = lapply(1:11,function(i)
  {
    diff = (prec.list[[i+1]]+prec.list[[i]])/2
    return(list(prec.list[[i]],diff))
  })

  liste.prec = list(prec.list2,prec.list[[12]])
  prec_stack = stack(unlist(liste.prec))
  names(prec_stack) = paste0("PRC", seq(1000,12000,500), "yBP")

  cells = as.numeric(as.character(unique(pollen.pix$cells)))

  list.prec.dat = lapply(1:23, function(i)
  {
    prec.dat=data.frame(cells =cells, prec = prec_stack[[i]][cells])
    prec.dat$period = (i*500)+500
  })
}

```

```

#clim.dat = na.omit(clim.dat)
return(list(prec.dat))
})

clim.prec.dat = rbind(list.prec.dat[[1]][[1]],list.prec.dat[[2]][[1]],list.prec.dat[[3]][[1]],
list.prec.dat[[4]][[1]],list.prec.dat[[5]][[1]],list.prec.dat[[6]][[1]],
list.prec.dat[[7]][[1]],list.prec.dat[[8]][[1]],list.prec.dat[[9]][[1]],
list.prec.dat[[10]][[1]],list.prec.dat[[11]][[1]],list.prec.dat[[12]][[1]],
list.prec.dat[[13]][[1]],list.prec.dat[[14]][[1]],list.prec.dat[[15]][[1]],
list.prec.dat[[16]][[1]],list.prec.dat[[17]][[1]],list.prec.dat[[18]][[1]],
list.prec.dat[[19]][[1]],list.prec.dat[[20]][[1]],list.prec.dat[[21]][[1]],
list.prec.dat[[22]][[1]],list.prec.dat[[23]][[1]])

#summary(clim.temp.dat)
#nrow(clim.dat)

#pdf("outputs/graphs/temperatureMaps.pdf", width=12, height=4)
#plot(temp_stack[[1]], legend.width=2, main= "1000 yBP")

# dev.off()
# climate = merge(temp, precip)
# head(climate)

#length(unique(clim.dat$cells)) #

#write.table(clim.prec.dat, file="outputs/txt/precipitation.txt", sep ="\t", row.names=F, quote = F)
return(list(prec.stack=prec_stack, prec.dat = clim.prec.dat))
}

# Hyde stack
#=====

prep.hyde.lacs <- function(hyde.folder)
{
  dirs = list.files(hyde.folder)
  listOfDates = sub("_pop", "",dirs)

  YBP=rep(NA, length(listOfDates))
  YBP[grep("AD", listOfDates)] = 2000-as.numeric(sub("AD","",grep("AD", listOfDates, value = TRUE)))
  YBP[grep("BC", listOfDates)] = as.numeric(sub("BC","",grep("BC", listOfDates, value = TRUE)))+2000

  Date=rep(NA, length(listOfDates))
  Date[grep("AD", listOfDates)] = as.numeric(sub("AD","",grep("AD", listOfDates, value = TRUE)))
  Date[grep("BC", listOfDates)] = -as.numeric(sub("BC","",grep("BC", listOfDates, value = TRUE)))

  dates = data.frame(hyde = listOfDates, YBP=YBP, Date=Date)
  dates = dates[order(dates$YBP),]
  #head(dates[order(dates$YBP),])

  list.hyde = lapply(1:nrow(dates), function(i)
  {
    date = dates$hyde[i]

    path = paste(hyde.folder,date,"_pop/",sep="")
    file = grep("popd", list.files(path), value=TRUE)
    ras = raster(paste(path, file, sep=""))
    projection(ras) = projection("+proj=longlat +datum=WGS84 +no_defs +ellps=WGS84 +towgs84=0,0,0")
  })
}

```

```

    ras.crop= crop(ras, extent(sa_extent))
    ras.res = resample(ras.crop,sa_extent)
    return(ras.res)
})

list.hyde2 = lapply(1:12,function(i)
{
  diff = (list.hyde[[i+1]]+list.hyde[[i]])/2
  return(list(list.hyde[[i]],diff))
})

liste.complete2 = list(list.hyde2,list.hyde[[13]])
hyde_stack = stack(unlist(liste.complete2))
names(hyde_stack) = paste0("popdens", seq(0,12000,500), "YBP")

#pdf("outputs/graphs/popdensMaps.pdf", width=12, height=4)
#plot(popdens_stack, nc=6, legend.width=2)
#dev.off()

cells = as.numeric(as.character(unique(pollen.pix$cells)))

list.hyde.dat = lapply(1:25, function(i)
{
  hyde.dat=data.frame(cells=cells, popd = hyde_stack[[i]][cells])
  hyde.dat$YBP = (i*500)-500

  return(hyde.dat)
})

hyde.all = do.call(rbind, list.hyde.dat)
hyde.all = na.omit(hyde.all)
#write.table(hyde.all, file="outputs/txt/hyde.txt", sep = "\t", row.names=F, quote = F)

# head(hyde.all)
# summary(hyde.all)

# saveRDS(popdens_stack, file="outputs/rds/popdens_stack.rds")
return(hyde.all)
}

```

ANNEXE B: Scripts R, analyse des données pollens.

1. Script complet

```
### script_v1.R : Compilation de fonctions permettant d'obtenir la table
### de transition finale pollen pour un taxon donné
### Stage IRSTEA 2019 Guichardon Lucie
#-----

library(raster)

# Repertoires
#-----
dat <- setwd("Z:/Private/Gitlab/paleoveg_2/paleoveg_2")
data_pollen <- "Z:/Private/Gitlab/paleoveg_2/paleoveg_2/data_pollen/"
data_adn <- "Z:/Private/Gitlab/paleoveg_2/paleoveg_2/data_pollen/lacs/"
hyde.folder <- "Z:/Private/Gitlab/paleoveg_2/paleoveg_2/data/dataM2_Paleo/hyde3.2/baseline/asc/"

# Fichiers
#-----
grid.asc <- "data/garea_cr.asc"
temp.grid <- "data/TAV_ky01BP-ky21BP_WGS84.grd"
prec.grid <- "data/PRC_ky01BP-ky21BP_WGS84.grd"
dem1km <- "data/EarthEnv_DEM1km.tif"
soil.rst <- "data/STU_EU_T_SAND.rst"

# Parametres
#-----
cereales = c('Cerealia-type', 'Cerealia-type (excl. Secale)', 'Cerealia-type/Secale',
             'Cerealia-type/Triticum', 'Cerealia-type/Triticum/Avena', 'Cerealia-type/Zea' ,
             'Secale cereale')

soil.CRS = "+init=epsg:3035"

# Taxon issus de l'EPD
#-----
Abies = c("Abies", "Abies alba", "Abies maroccana", "Abies nordmanniana", "Abies sibirica",
          "Abies undifferentiated", "Abies: stomata")

Asteraceae = c("Artemisia", "Artemisia (Type A)", "Artemisia (Type B)", "Artemisia (Type C)",
              "Artemisia (Type D)", "Artemisia (Type F)", "Artemisia alba-type", "Artemisia campestris",
              "Artemisia campestris-type", "Artemisia cf. A. norvegica", "Artemisia cf. A. norvegica (type 1)",
              "Artemisia cf. A. norvegica (type 2)", "Artemisia genipii/A. mutellina", "Artemisia herba-alba",
              "Artemisia herba-alba-type", "Artemisia norvegica", "Artemisia norvegica-type", "Artemisia rupestris",
              "Artemisia sl.", "Artemisia ss", "Artemisia undifferentiated", "Artemisia vulgaris",
              "Artemisia vulgaris-type", "Artemisia-type", "Artemisia: clumps")

Rumex = c("Rumex acetosa-type", "Rumex acetosa-type/Oxyria")

Plantago = c("Plantago lanceolata", "Plantago lanceolata-type", "Plantago media",
             "Plantago media-type", "Plantago media/P. montana", "Plantago media/P. montana-type")

Tilia = c("Tilia", "Tilia cordata", "Tilia cordata-type", "Tilia cordata/platyphyllos",
          "Tilia indeterminata", "Tilia platyphyllos", "Tilia platyphyllos subsp. cordifolia",
          "Tilia platyphyllos-type", "Tilia sp.", "Tilia tomentosa", "Tilia undifferentiated",
          "Tilia x vulgaris", "Tilia: stomata", "Tilia: trichome")

Ulmus = c("Ulmus", "Ulmus (type A)", "Ulmus (type B)", "Ulmus campestris", "Ulmus glabra",
          "Ulmus glabra-type", "Ulmus laevis", "Ulmus minor", "Ulmus pumila", "Ulmus scabra",
          "Ulmus sp.", "Ulmus undifferentiated", "Ulmus-type", "Ulmus/Zelkova")
```

```

Fagus = c("Fagus", "Fagus orientalis", "Fagus sylvatica", "Fagus: leaves")

Juniperus = c("Juniperus", "Juniperus communis", "Juniperus communis-type",
"Juniperus communis: stomata", "Juniperus oxycedrus-type", "Juniperus sabina", "Juniperus-type",
"Juniperus/Cupressaceae", "Juniperus/Tetraclinis-type", "Juniperus: stomata")
esp = Tilia

##### script_v1 / Europe #####

# 1. Creation de l'emprise d'etude
#=====
source("sa_extent.R")
sa_extent = create_sa_extent()

# 2. Creation des raster de l'aire d'etude
#=====

# Europe
source("studyarea_raster.R")
site_raster = study_area_raster(dat, grid.asc, sa_extent)[["site_raster"]]
sites = study_area_raster(dat, grid.asc, sa_extent)[["sites"]]

# 3. Preparation des donnees de pollen
#=====
source("dataprep_pollen.R")
tab.esp = dataprep(data_pollen, esp)[["tab.sum"]]
tab.sp = dataprep(data_pollen, esp)[["tab.sp"]]
count.esp = countprep(tab.esp, tab.sp)[["count"]]
pollen.pix = countprep(tab.esp, tab.sp)[["pollen.pix"]]

tab.agri = dataprep(data_pollen, cereales)[["tab.sum"]]
tab.cer = dataprep(data_pollen, cereales)[["tab.sp"]]
count.agri = countprep(tab.agri, tab.cer)[["count"]]

counts = read.csv(paste(data_pollen, "counts.csv", sep=""), sep = ";")
counts$ID = paste(counts$e_, counts$sample_, sep="_")
count.sp = data.frame(counts[, c("e_", "sample_")])
counts = counts[, (4:5)]
colnames(count.sp) = c("e_", "sample_")
count.tot = countprep(counts, count.sp)[["count"]]
# Proportion de pollen de cereales
dat.cer = merge(count.agri, count.tot, by=c("cells", "period"))
names(dat.cer)[3:4] = c("cer.sum", "tot.sum")
dat.cer$prop = (dat.cer$cer.sum)/(dat.cer$tot.sum)*100
#dat.cer$prop = dat.cer$cer.sum

# 4. Table de transition pollen
#=====
require(dplyr)
source("pollen_transition_dataset.R")
bornes = countprep(tab.esp, tab.sp)[["bornes"]]
tr.tab = build.pollen.transition.dataset(count.esp)

# 5. Preparation des autres variables (climat & altitude)
#=====
source("dataprep_vars.R")
temp = prep.temp(temp.grid)[["temp.dat"]]
prec = prep.prec(prec.grid)[["prec.dat"]]
elev = prep.elev(dem1km)
hyde = prep.hyde(hyde.folder)
sand = prep.soil(soil.rst, soil.CRS)

```

```

# 6. Construction de la table de transition complete
#-----
source("complete_transition_dataset.R")
tr.tab.final = build.complete.transition.dataset(tr.tab, temp, prec, dat.cer, hyde, elev, sand)
write.table(tr.tab.final, file= paste0("outputs/txt/", esp[1], ".tab.txt"), sep = "\t", row.names=F, quote = F)

# Graphique de repartition des altitudes et types de sols
par(mar=c(5,5,4,2))
hist(site.specif$sand, main = "Répartition des types de sol des sites", xlab="Sable (%)",
      ylab="Effectif", family="A", font.main =1,cex.axis = 2,cex.main=2, cex.lab=2)
hist(site.specif$elev, main = "Répartition des altitudes des sites", xlab="Altitude (m)",
      ylab="Effectif", family="A", font.main =1,cex.axis = 2,cex.main=2, cex.lab=2,
      breaks=seq(min(site.specif$elev),max(site.specif$elev),500))

```

2. Fonctions d'analyses

```

### dataprep_pollen.R : 2 Fonction de preparation des donnees pollens
### de l'EPD et d'EDYTEM, selection selon un taxon et ajout de datation
### aux echantillons
### Stage IRSTEA 2019 Guichardon Lucie
#-----

require(raster)
require(plyr)

##### Data prep pollen / Europe #####

dataprep <- function(data_pollen, esp)
{
  # 1. Selection des echantillons selon un taxon et un site
  #-----
  species = read.csv(paste(data_pollen,"species.csv" ,sep=""), sep = ";")

  # Selection du/des code(s) associe au taxon
  sp = species[which(species$varname %in% esp),]
  ID_sp = sp$var_
  #ID_sp

  counts = read.csv(paste(data_pollen,"counts.csv" ,sep=""), sep = ";")

  # Suppression de toutes les lignes n'ayant pas de donnees sur le taxon choisie
  tab.sp = subset(counts,counts$var_ %in% ID_sp)
  tab.sp$ID = paste(tab.sp$e_, tab.sp$sample_, sep="_")
  library(doby)
  tab.sum = summaryBy(count ~ c(ID), tab.sp, FUN = c(sum))
  colnames(tab.sum) = c("ID","count")
  #list.ech = data.frame(str_split(tab.sum$ID, "_"))
  #tab.spf = merge(tab.sp[,c("e_", "sample_", "ID")],tab.sum, by="ID")
  return(list(tab.sum = tab.sum, tab.sp = tab.sp))
}

countprep <- function(tab.sum, tab.sp) {
  eSite = read.csv(paste(data_pollen,"eSite.csv" ,sep=""), sep = ";")
  site.dat = merge(eSite, sites, by="site_")
  #summary(site.dat)

  ## Association des echantillons avec le site de prelevement
  #ech = merge(site.dat,tab.sp,by="e_")
  #ech$ID = paste(ech$e_, ech$sample_, sep="_")
  #summary(ech)

  ## Selection du site choisi
  #select = subset(ech,ech$sitename == lieu) #lieu en argument

```



```

# 2. Association d'une datation aux echantillons
#=====
agedpt = read.csv(paste(data_pollen,"agedpt.csv" ,sep=""), sep = ";")

chrono = read.csv(paste(data_pollen,"chron.csv" ,sep=""), sep=";")
# head(chrono)
chronodft = chrono[which(chrono$defaultchron=="Y"),]

# Selction des ages de chronologie valide
ageDft = merge(agedpt, chronodft, by = c("e_", "chron_"), all.x=F, all.y = TRUE)
ageDft$ID = paste(ageDft$e_, ageDft$sample_, sep="_")
tab.age = subset(ageDft,ageDft$e_ %in% tab.sp$e_)

# Association d'un age aux echantillons selectionnes
tab1 = merge(tab.sum,tab.age[,c("ID","agebp","e_")], by=c("ID"), all = TRUE)
tab1$count[which(is.na(tab1$count))] = 0
#library(stringr)
#tab2 = as.data.frame(t(data.frame(str_split(tab1$ID, "_"))))
#colnames(tab2) = c("e_", "sample_")

ech = merge(site.dat,tab1,by="e_")
#tab.age = ageDft[which(ageDft$e_ %in% ID_ech),]
#tab.agef = merge(tab.age, site.dat, by="e_")
#tab.agef = tab.agef[-which(is.na(tab.agef$agebp)),]
#setdiff(ID_ech, unique(tab.agef$e_)) 380 ech sans datation qui sont supprimés

#tab2 = merge(tab1,tab.agef, all = TRUE)
#summary(tab1)

# 3. Groupement des datations et l'abondance associee par tranche de 500 ans
#=====

# Selection des donnees sur l'Holocene
tab2 = ech[which(ech$agebp<=12200),]
tab2$period = as.numeric(as.character(cut(tab2$agebp, breaks=c(300,700,800,1200,1300,1700,
1800,2200,2300,2700,2800,3200,
3300,3700,3800,4200,4300,4700,
4800,5200,5300,5700,5800,6200,
6300,6700,6800,7200,7300,7700,
7800,8200,8300,8700,8800,9200,
9300,9700,9800,10200,10300,10700,
10800,11200,11300,11700,11800,12200)),
labels = c(1,500,2,1000,3,1500,4,2000,5,2500,6,3000,
7,3500,8,4000,9,4500,10,5000,11,5500,12,6000,
13,6500,14,7000,15,7500,16,8000,17,8500,18,9000,
19,9500,20,10000,21,10500,22,11000,23,11500,
24)))

#tab4$period = as.numeric(as.character(cut(tab4$agebp, breaks=c(350,650,850,1150,1350,1650,
# 1850,2150,2350,2650,2850,3150,
# 3350,3650,3850,4150,4350,4650,
# 4850,5150,5350,5650,5850,6150,
# 6350,6650,6850,7150,7350,7650,
# 7850,8150,8350,8650,8850,9150,
# 9350,9650,9850,10150,10350,10650,
# 10850,11150,11350,11650,11850,12150)),
# labels = c(1,500,2,1000,3,1500,4,2000,5,2500,6,3000,
# 7,3500,8,4000,9,4500,10,5000,11,5500,12,6000,
# 13,6500,14,7000,15,7500,16,8000,17,8500,18,9000,
# 19,9500,20,10000,21,10500,22,11000,23,11500,
# 24)))

```

```

tab2= tab2[-which(tab2$period>400),]
tab2 = na.omit(tab2)

pollen.pix = merge(tab2, site_raster[,c("site_", "cells", "garea_cr")], by ="site_")
pollen.pix = as.data.frame(pollen.pix)
#pollen.pix$count[which(is.na(pollen.pix$count))] = 0

require(dplyr)
cells = unique(pollen.pix$cells)
count.sum = pollen.pix %>%
  group_by(cells,period) %>%
  summarise(count.sum = sum(count, na.rm=TRUE))

bornes = count.sum %>%
  group_by(cells) %>%
  summarise(mini = min(period, na.rm = TRUE),
            maxi = max(period, na.rm =TRUE))

#library(doBy)
#count.sum = summaryBy(count ~ c(cells,period), pollen.pix, FUN = c(sum))
#count.sum = count.sum[-which(is.na(count.sum$period)),]
#build_bornes <- function(count.sum){
#  lim = data.frame(cell = rep(count.sum[1,]$cells, 23),
#                    #           mini = min(count.sum$period),
#                    #           maxi = max(count.sum$period))
#  return(as_tibble(lim))
#}

#require(dplyr)
#bornes<-count.sum %>%
#  #group_by(cells) %>%
#  #do(build_bornes(.))

#bornes = bornes[, -2]
#bornes = unique(bornes[,c("cells", "maxi", "mini")])
bornes = bornes[-which(bornes$maxi==bornes$mini),]
  return(list(count = count.sum, pollen.pix = pollen.pix, bornes = bornes))
}

##### Data prep pollen / 4 sites alpins #####

dataprep_lacs <- function(data_pollen, esp, site)
{
  # 1. Selection des echantillons selon une espece et un site
  #=====
  lacs = read.csv(paste(data_pollen,"lacs/table_pollen_", site, ".csv" ,sep=""), sep = ";")

  ## Suppression de toutes les lignes n'ayant pas de donnees sur l'espece choisie
  library(data.table)
  tab.sp = lacs[,c("site_", "Sample", "Age.cal..BP", esp)]
  n = length(esp)
  #si plusieurs taxons pris ensemble tab.sp$sum = rowSums(tab.sp[,4:(4+n-1)])
  #tab.sp = tab.sp[,-(4:(4+n-1))]
  colnames(tab.sp) = c("site_", "Sample", "Age.cal..BP", esp)
  setnames(tab.sp, old=c("site_", "Sample", "Age.cal..BP", esp), new=c("site_", "Sample", "agebp", "count"))
  tab.sp$count[which(is.na(tab.sp$count))] = 0
}

countprep_lacs <- function(tab.sp) {
  # Groupement des datations et l'abondance associee par tranche de 500 ans
  #=====

  # Selection des donnees sur l'Holocene
  tab1 = tab.sp[which(tab.sp$agebp<=12200),]
  tab1$agebp = as.numeric(as.character(tab1$agebp))
  tab1$count = as.numeric(as.character(tab1$count))
}

```

```

tab1$period = as.numeric(as.character(cut(tab1$agebp,breaks=c(300,700,800,1200,1300,1700,
1800,2200,2300,2700,2800,3200,
3300,3700,3800,4200,4300,4700,
4800,5200,5300,5700,5800,6200,
6300,6700,6800,7200,7300,7700,
7800,8200,8300,8700,8800,9200,
9300,9700,9800,10200,10300,10700,
10800,11200,11300,11700,11800,12200),
labels = c(1,500,2,1000,3,1500,4,2000,5,2500,6,3000,
7,3500,8,4000,9,4500,10,5000,11,5500,12,6000,
13,6500,14,7000,15,7500,16,8000,17,8500,18,9000,
19,9500,20,10000,21,10500,22,11000,23,11500,
24))))

tab1 = tab1[-which(tab1$period>400),]
tab1 = na.omit(tab1)

pollen.pix = merge(tab1, lacs_raster[,c("site_", "cells", "garea_cr")], by = "site_")
pollen.pix = as.data.frame(pollen.pix)

#cells = unique(pollen.pix$cells)
library(doby)
count.sum = summaryBy(count ~ c(period), tab1, FUN = c(sum))
#count.sum = count.sum[-which(is.na(count.sum$period)),]

return(list(count = count.sum, pollen.pix = pollen.pix))
}

```

```

### pollen_transition_dataset.R : Fonction de creation de la table de
### transition de pollens, caracterisation des transitions
### Stage IRSTEA 2019 Guichardon Lucie
#-----

```

```

build.pollen.transition.dataset <- function(count.sum){
  pollen.pix.array = data.frame(expand.grid(unique(pollen.pix$period), unique(pollen.pix$cells)))
  colnames(pollen.pix.array) = c("period", "cells")
  full.tab = merge(count.sum, pollen.pix.array, by= c("period", "cells"), all=TRUE)
  #nodata = which(unlist(apply(full.tab[, -c(1:2)], 1, sum))==0)
  # full.tab[nodata, -c(1:2)] = NA
  full.tab$cells = as.numeric(as.character(full.tab$cells))
  full.tab$count=as.numeric(as.character(full.tab$count))

  full.tab = as.matrix(full.tab)
  full.tab[which(is.na(full.tab))] = 0
  full.tab = data.frame(full.tab)
  full.tab$cells = as.factor(full.tab$cells)
  #nrow(full.tab)

  build_tr <- function(full.tab){
    pollen=full.tab[order(full.tab$period),]
    nodata = which(unlist(apply(full.tab[, -c(1:2)], 1, sum))==0)
    full.tab[nodata, -c(1:2)] = NA
    tr.df = data.frame(cell = rep(full.tab[1,]$cells, 23),
                       t1 = 24:2,
                       t2 = 23:1)
    return(as_tibble(tr.df))
  }
  #summary(tr.df)
  #nrow(tr.df)
}

```

```

require(dplyr)
trdat<-full.tab %>%
  group_by(cells) %>%
  do(build_tr(.))

tr.df.cut = ungroup(trdat)
tr.df.cut = na.omit(tr.df.cut)
#unique(tr.df.cut$cells)

#Ajout du nombre de pollen par periodes
abond1 = merge(tr.df.cut[,c("cells", "t1", "t2")], count.sum[,c("cells","period","count.sum")],
  by.x = c("cells", "t1") , by.y= c("cells", "period"), all=TRUE)
abond2 = merge(tr.df.cut[,c("cells", "t1", "t2")], count.sum[,c("cells","period","count.sum")],
  by.x = c("cells", "t2") , by.y= c("cells", "period"), all = TRUE)
abond = merge(abond1, abond2, by = c("cells","t1","t2"), suffixes = c(".t1",".t2"), all=TRUE)
abond = as.matrix(abond)
abond = data.frame(abond)
abond$t1 = as.numeric(as.character(abond$t1))
abond$t2 = as.numeric(as.character(abond$t2))
#abond = abond[-which(is.na(abond$t1)),]
#abond = abond[-which(is.na(abond$t2)),]

bornes$cells = as.factor(bornes$cells)
abond.cut = merge(abond, bornes)
abond.cut = unique(abond.cut[,c("cells", "t1", "t2", "count.sum.t1", "count.sum.t2", "maxi", "mini")])
abond.cut$ind[abond.cut$t1<=abond.cut$mini] = "HB"
abond.cut$ind[abond.cut$t2>=abond.cut$maxi] = "HB"
abond.cut$ind[which(is.na(abond.cut$ind))]= 0

abondf = subset(abond.cut, abond.cut$ind == 0 ,c("cells", "t1", "t2", "count.sum.t1",
  "count.sum.t2", "mini", "maxi", "ind"))
abondf = abondf[,-(6:8)]

library(stringr)
abondf$count.sum.t1 = str_trim(abondf$count.sum.t1)
abondf$count.sum.t2 = str_trim(abondf$count.sum.t2)

#nodat = subset(abondf, is.na(abondf$count.sum.t1) | is.na(abondf$count.sum.t2))
#nodat$cells = as.numeric(as.character(nodat$cells))
#cell.nodat = unique(nodat$cells)

#'%notin%' <- Negate('%in%')
#tab.abond = subset(abondf, abondf$cells %notin% cell.nodat , c("cells","t1","t2",
  "count.sum.t1", "count.sum.t2"))
#tab.abond$cells = as.numeric(as.character(tab.abond$cells))

abondf$count.sum.t1 = as.numeric(as.character(abondf$count.sum.t1))
abondf$count.sum.t2 = as.numeric(as.character(abondf$count.sum.t2))
abondf$count.sum.t1[which(is.na(abondf$count.sum.t1))]= 0
abondf$count.sum.t2[which(is.na(abondf$count.sum.t2))]= 0

# caracterisation des transitions
abondf$str[abondf$count.sum.t1!=0 & abondf$count.sum.t2!=0] = "PP"
abondf$str[abondf$count.sum.t1==0 & abondf$count.sum.t2==0] = "AA"
abondf$str[abondf$count.sum.t1==0 & abondf$count.sum.t2!=0] = "AP"
abondf$str[abondf$count.sum.t1!=0 & abondf$count.sum.t2==0] = "PA"

return(data.frame(abondf))
}

```

ANNEXE C : Scripts R, analyse des données ADN.

1. Script complet

```
### script_v2.R : Compilation de fonctions permettant d'obtenir la table
### de transtition finale ADN pour un taxon donné
### Stage IRSTEA 2019 Guichardon Lucie
#-----

library(raster)

# Repertoires
#-----
dat <- setwd("Z:/Private/Gitlab/paleoveg_2/paleoveg_2")
data_pollen <- "Z:/Private/Gitlab/paleoveg_2/paleoveg_2/data_pollen/"
data_adn <- "Z:/Private/Gitlab/paleoveg_2/paleoveg_2/data_pollen/lacs/"
hyde.folder <- "Z:/Private/Gitlab/paleoveg_2/paleoveg_2/data/dataM2_Paleo/hyde3.2/baseline/asc/"

# Fichiers
#-----
grid.asc <- "data/garea_cr.asc"
temp.grid <- "data/TAV_ky01BP-ky21BP_WGS84.grd"
prec.grid <- "data/PRC_ky01BP-ky21BP_WGS84.grd"
dem1km <- "data/EarthEnv_DEM1km.tif"
soil.rst <- "data/STU_EU_T_SAND.rst"

# Parametres
#-----
cereales = c('Cerealia-type','Cerealia-type (excl. Secale)','Cerealia-type/Secale',
             'Cerealia-type/Triticum','Cerealia-type/Triticum/Avena','Cerealia-type/Zea' ,
             'Secale cereale')

soil.CRS = "+init=epsg:3035"

site = "lathuile"
taxa = c("Fagus","Fagus.1","Fagus.2","Fagaceae")
esp = c("Fagus")

##### script_v2 / 4 sites alpins #####

# 1. Creation de l'emprise d'etude
#-----
source("sa_extent.R")
sa_extent = create_sa_extent()

# 2. Creation des raster de l'aire d'etude
#-----

# 4 sites alpins
source("studyarea_raster.R")
lacs_raster = lakes_area_raster(data_pollen_lacs,grid.asc,sa_extent)[["site_raster"]]
lacs = lakes_area_raster(data_pollen_lacs,grid.asc,sa_extent)[["sites"]]
```

```

# 3. Preparation des donnees de pollen
#-----
library(data.table)
source("dataprep_pollen.R")
tab.esp = dataprep_lacs(data_pollen,esp,site)
count.esp = countprep_lacs(tab.esp)[["count"]]
pollen.pix = countprep_lacs(tab.esp)[["pollen.pix"]]

source("studyarea_raster.R")
site_raster = study_area_raster(dat,grid.asc,sa_extent)[["site_raster"]]
sites = study_area_raster(dat,grid.asc,sa_extent)[["sites"]]
agri.sp = dataprep('data_pollen/',cereales)
count.agri = countprep(agri.sp)[["count"]]

counts = read.csv(paste(data_pollen,"counts.csv" ,sep=""), sep = ";")
count.tot = countprep(counts)[["count"]]

# Proportion de pollen de cereales
dat.cer = merge(count.agri,count.tot,by=c("cells","period"))
names(dat.cer)[3:4] = c("cer.sum","tot.sum")
dat.cer$prop = (dat.cer$cer.sum)/(dat.cer$tot.sum)

# 4. Table de transition pollen
#-----
require(dplyr)
source("pollen_transition_dataset.R")
cells = as.numeric(as.character(unique(pollen.pix$cells)))
count.sum$cells = cells
tr.tab = build.pollen.transition.dataset(count.sum)

# 5. Preparation des autres variables (climat & altitude)
#-----
source("dataprep_vars.R")
temp = prep.temp.lacs(temp.grid)[["temp.dat"]]
prec = prep.prec.lacs(prec.grid)[["prec.dat"]]
elev = prep.elev(dem1km)
hyde = prep.hyde.lacs(hyde.folder)
sand = prep.soil(soil.rst, soil.CRS)

# 6. Preparation des donnees ADN
#-----
source("dataprep_ADN.R")
tab.adn = prepadn(data_adn, taxa, site)
source("adn_transition_dataset.R")
tr.tab.adn <- adn.tr.dataset(tab.adn)
adn.final = complete.tr.tab.adn(tr.tab.adn)
#adn1 = merge(abond, tr.tab.adn, by = c("cells", "t1","t2"), all.x=TRUE)

# 7. Construction de la table de transition complete
#-----
source("complete_transition_dataset.R")
tr.tab.final = build.complete.transition.dataset(tr.tab, adn.final, temp, prec, dat.cer, hyde, elev, sand)
tr.tab.final = tr.tab.final[,-6]

write.table(adn1,file= paste0("outputs/txt/",esp[1],".",site,".adn.txt"), sep = "\t", row.names=F, quote = F)

```

2. Fonctions d'analyse

```
### dataprep_ADN.R : Fonction de preparation des donnees ADN pour les
### sites d'EDYTEM
### Stage IRSTEA 2019 Guichardon Lucie
#-----

prepadn <- function(data_adn, taxa, site)
{

  # 1. Selection des echantillons selon une espece et un site
  #-----
  data.adn = read.csv(paste(data_adn, paste0(site, "_DNA.csv"), sep=""), sep = ";")

  # Selection du taxon
  #data.sp = select(data.adn, starts_with(taxa))
  data.sp = data.adn[,taxa]
  data.cut = subset(data.adn, select = c("sample.name", "age.ca[_BP]"))
  data.adn = cbind(data.cut, data.sp)
  m = length(taxa)

  #colnames(data.adn)

  numtab <- lapply(1:m, function(i){
    num <- which(colnames(data.adn) == taxa[i])
    return(num)
  })

  #grep(paste0("^", taxa), colnames(data.adn))
  numtab = as.numeric(as.character(numtab))
  n = length(numtab)
  data.adn$taxa = rowSums(data.adn[numtab[1]:numtab[n]], na.rm=TRUE)

  #listeADN= lapply(1:n,function(i)
  #{
  # data.adn[,c(num[i])] = as.numeric(as.character(data.adn[,c(num[i])]))
  # return(data.frame(data.adn[,c(num[i])]))
  #})

  #library(doBy)
  #adn.sum = summaryBy(esp ~ c(sample.name), data.adn, FUN = c(sum))

  # 2. Ajout de la datation
  #-----
  data.adn$period = as.numeric(as.character(cut(data.adn$age.ca[_BP], breaks=c(350,650,850,1150,1350,1650,
  1850,2150,2350,2650,2850,3150,
  3350,3650,3850,4150,4350,4650,
  4850,5150,5350,5650,5850,6150,
  6350,6650,6850,7150,7350,7650,
  7850,8150,8350,8650,8850,9150,
  9350,9650,9850,10150,10350,10650,
  10850,11150,11350,11650,11850,12150),
  labels = c(1,500,2,1000,3,1500,4,2000,5,2500,6,3000,
  7,3500,8,4000,9,4500,10,5000,11,5500,12,6000,
  13,6500,14,7000,15,7500,16,8000,17,8500,18,9000,
  19,9500,20,10000,21,10500,22,11000,23,11500,
  24))))

  data.adn = data.adn[-which(data.adn$period>400),]
  library(doBy)
  adn.sum = summaryBy(taxa ~ c(period), data.adn, FUN = c(sum))
  adn.sum = adn.sum[-which(is.na(adn.sum$period)),]

  return(adn.sum)
}
```

```

### ADN_transition_dataset.R : Fonction de creation de la table de
### transition ADN (perte au feu, ADN animal)
### Stage IRSTEA 2019 Guichardon Lucie
#-----

adn.tr.dataset <- function(adn.sum)
{
  adn=adn.sum[order(adn.sum$period),]
  tr.df = data.frame(t1 = 24:2, t2 = 23:1)
  tr.df= as_tibble(tr.df)

  adn1 = merge(tr.df,adn.sum,by.x="t1", by.y="period", all=TRUE)
  adn2 = merge(tr.df,adn.sum,by.x="t2", by.y="period", all=TRUE)
  adn = merge(adn1,adn2, by = c("t1","t2"), suffixes = c(".t1",".t2"), all=TRUE)
  adn = data.frame(adn)
  adn = na.omit(adn)

  adn$str[adn$taxa.sum.t1!=0 & adn$taxa.sum.t2!=0] = "PP"
  adn$str[adn$taxa.sum.t1==0 & adn$taxa.sum.t2==0] = "AA"
  adn$str[adn$taxa.sum.t1==0 & adn$taxa.sum.t2!=0] = "AP"
  adn$str[adn$taxa.sum.t1!=0 & adn$taxa.sum.t2==0] = "PA"

  adn$cells = as.numeric(as.character(unique(pollen.pix$cells)))

  return(data.frame(adn))
}

complete.tr.tab.adn <- function(adn){

  # Ajout des donnees de perte au feu
  loi.data = read.csv(paste(data_adn,site,"_LOI_data.csv" ,sep=""), sep = ";", dec=",")

  loi.data$period = as.numeric(as.character(cut(loi.data$age.cal_BP, breaks=c(350,650,850,1150,1350,1650,
                                                                                   1850,2150,2350,2650,2850,3150,
                                                                                   3350,3650,3850,4150,4350,4650,
                                                                                   4850,5150,5350,5650,5850,6150,
                                                                                   6350,6650,6850,7150,7350,7650,
                                                                                   7850,8150,8350,8650,8850,9150,
                                                                                   9350,9650,9850,10150,10350,10650,
                                                                                   10850,11150,11350,11650,11850,12150),
                                                                                   labels = c(1,500,2,1000,3,1500,4,2000,5,2500,6,3000,
                                                                                   7,3500,8,4000,9,4500,10,5000,11,5500,12,6000,
                                                                                   13,6500,14,7000,15,7500,16,8000,17,8500,18,9000,
                                                                                   19,9500,20,10000,21,10500,22,11000,23,11500,
                                                                                   24))))

  loi.data = loi.data[-which(loi.data$period>400),]
  library(doby)
  MO.mean = summaryBy(organic.matter_ ~ c(period), loi.data, FUN=mean)
  MO.mean = MO.mean[-which(is.na(MO.mean$period)),]
  CaCO.mean = summaryBy(carbonates_ ~ c(period), loi.data, FUN = c(mean))
  CaCO.mean = CaCO.mean[-which(is.na(CaCO.mean$period)),]
  nnCa.mean = summaryBy(non.carbonated.terrigenous.fraction_ ~ c(period), loi.data, FUN = c(mean))
  nnCa.mean = nnCa.mean[-which(is.na(nnCa.mean$period)),]

  loi = cbind(MO.mean,CaCO.mean[,2],nnCa.mean[,2])
  colonnames <- c("period","MO.mean","CaCO.mean","nnCa.mean")
  names(loi) <- colonnames
  loi1 = merge(adn,loi, by.x= "t1", by.y = "period", all= TRUE)
  loi2 = merge(adn,loi, by.x= "t2", by.y = "period", all= TRUE)
  trtab = unique(merge(loi1, loi2[,c("cells", "t1","t2","MO.mean","CaCO.mean","nnCa.mean")],
    by = c("cells", "t1", "t2"), suffixes = c(".t1",".t2")))

  #Ajout des donnees d'ADN animal
  mammal.data = read.csv(paste(data_adn, site,"_mammalDNA.csv", sep=""), sep=";")
  mammal.data$period = as.numeric(as.character(cut(mammal.data$age.cal_BP, breaks=c(350,650,850,1150,1350,1650,
                                                                                   1850,2150,2350,2650,2850,3150,
                                                                                   3350,3650,3850,4150,4350,4650,
                                                                                   4850,5150,5350,5650,5850,6150,
                                                                                   6350,6650,6850,7150,7350,7650,
                                                                                   7850,8150,8350,8650,8850,9150,
                                                                                   9350,9650,9850,10150,10350,10650,
                                                                                   10850,11150,11350,11650,11850,12150),

```



```

labels = c(1,500,2,1000,3,1500,4,2000,5,2500,6,3000,
           7,3500,8,4000,9,4500,10,5000,11,5500,12,6000,
           13,6500,14,7000,15,7500,16,8000,17,8500,18,9000,
           19,9500,20,10000,21,10500,22,11000,23,11500,
           24)))

mammal.data = mammal.data[-which(mammal.data$period>400),]

library(doBy)
bos.sum = summaryBy(BOS.007 ~ c(period), mammal.data, FUN = c(sum))
bos.sum = bos.sum[-which(is.na(bos.sum$period)),]
ovin.sum = summaryBy(X0Vis007 ~ c(period), mammal.data, FUN = c(sum))
ovin.sum = ovin.sum[-which(is.na(ovin.sum$period)),]

mammal.adn = merge(ovin.sum, bos.sum, by="period")
mammal.adn$X0Vis007.sum[which(is.na(mammal.adn$X0Vis007.sum))] = 0
mammal.adn$BOS.007.sum[which(is.na(mammal.adn$BOS.007.sum))] = 0
#mammal.adn = na.omit(mammal.adn)

mammal1 = merge(adn,mammal.adn, by.x= "t1", by.y ="period", all= TRUE)
mammal2 = merge(adn,mammal.adn, by.x= "t2", by.y ="period", all= TRUE)
mammal = unique(merge(mammal1, mammal2[,c("cells", "t1","t2", "BOS.007.sum", "X0Vis007.sum")],
  by = c("cells", "t1", "t2"), suffixes = c(".t1", ".t2")))

adn.final = merge(trtab, mammal[,c("cells", "t1","t2", "BOS.007.sum.t1", "BOS.007.sum.t2",
  "X0Vis007.sum.t1", "X0Vis007.sum.t2")],
  by = c("cells", "t1", "t2"), all=TRUE)
adn.final$BOS.007.sum.t1[which(is.na(adn.final$BOS.007.sum.t1))] = 0
adn.final$BOS.007.sum.t2[which(is.na(adn.final$BOS.007.sum.t2))] = 0
adn.final$X0Vis007.sum.t1[which(is.na(adn.final$X0Vis007.sum.t1))] = 0
adn.final$X0Vis007.sum.t2[which(is.na(adn.final$X0Vis007.sum.t2))] = 0

adn.final$t1 = as.character(adn.final$t1)
adn.final$t2 = as.character(adn.final$t2)

return(adn.final)
}

```

ANNEXE D : Fonctions communes à l'analyse pollen et ADN.

```
### complete_transition_dataset.R : Fonction de creation de la table de
### transition finale comprenant pour chaque cellule et chaque transition :
### la quantité de pollen, la quantité d'ADN, les donnees climatiques,
### pedologiques et anthropiques (densité de population, intensité agriculture)
### Stage IRSTEA 2019 Guichardon Lucie
#-----
build.complete.transition.dataset <- function(tr.tab, tr.tab.adn,temp, prec, prop.cere,hyde, elev,sand)
{
  tr.tab$cells = as.numeric(as.character(tr.tab$cells))
  ce = unique(tr.tab$cells)
  tr.tab$t1 = as.character(tr.tab$t1)
  tr.tab$t2 = as.character(tr.tab$t2)

  # temperature : t2 et dif
  temp$period = as.character(temp$period/500)
  temp1 = merge(tr.tab[,c("cells", "t1","t2")], temp[,c("temp","period","cells")],
    by.x = c("cells", "t1") , by.y= c("cells", "period"), all.x=TRUE)
  temp2 = merge(tr.tab[,c("cells", "t2","t1")], temp, by.x = c("cells", "t2") ,
    by.y= c("cells", "period"), all.x=TRUE)
  temp.mean = unique(merge(temp1, temp2, by = c("cells", "t1", "t2"), suffixes = c(".t1",".t2")))
  temp.mean$temp.dif = apply(temp.mean[, c("temp.t1", "temp.t2")], 1, function(x){x[2]-x[1]})
  tr.tab.final = unique(merge(tr.tab, temp.mean[,c("cells", "t1","t2", "temp.t1",
    "temp.t2", "temp.dif")], by = c("cells", "t1", "t2")))

  # precipitation : t2 et dif
  prec$period = as.character(prec$period/500)
  prec1 = merge(tr.tab[,c("cells", "t1","t2")], prec[,c("prec","period","cells")],
    by.x = c("cells", "t1") , by.y= c("cells", "period"), all.x=TRUE)
  prec2 = merge(tr.tab[,c("cells", "t2","t1")], prec, by.x = c("cells", "t2") ,
    by.y= c("cells", "period"), all.x=TRUE)
  prec.mean = unique(merge(prec1, prec2, by = c("cells", "t1", "t2"), suffixes = c(".t1",".t2")))
  prec.mean$prec.dif = apply(prec.mean[, c("prec.t1", "prec.t2")], 1, function(x){x[2]-x[1]})
  tr.tab.final = unique(merge(tr.tab.final, prec.mean[,c("cells", "t1", "t2",
    "prec.t1", "prec.t2", "prec.dif")], by = c("cells", "t1", "t2")))

  # proportion en pollen de cereals : t2 et dif
  prop.cere$period = as.character(prop.cere$period)
  prop1 = merge(tr.tab[,c("cells", "t1","t2")], prop.cere[,c("prop","period","cells")],
    by.x = c("cells", "t1") , by.y= c("cells", "period"), all.x=TRUE)
  prop2 = merge(tr.tab[,c("cells", "t2","t1")], prop.cere, by.x = c("cells", "t2") ,
    by.y= c("cells", "period"), all.x=TRUE)
  prop.mean = unique(merge(prop1, prop2, by = c("cells", "t1", "t2"), suffixes = c(".t1",".t2")))
  prop.mean$prop.t1[which(is.na(prop.mean$prop.t1))] = 0
  prop.mean$prop.t2[which(is.na(prop.mean$prop.t2))] = 0
  prop.mean$prop.dif = apply(prop.mean[, c("prop.t1", "prop.t2")], 1, function(x){x[2]-x[1]})
  tr.tab.final = unique(merge(tr.tab.final, prop.mean[,c("cells", "t1", "t2",
    "prop.t1", "prop.t2", "prop.dif")], by = c("cells", "t1", "t2")))

  # ajout densite de population (popd) : t2 et dif
  hyde$YBP = as.character(hyde$YBP/500)
  hyde1 = merge(tr.tab[,c("cells", "t1", "t2")], hyde, by.x = c("cells", "t1") ,
    by.y= c("cells", "YBP"))
  hyde2 = merge(tr.tab[,c("cells", "t1", "t2")], hyde, by.x = c("cells", "t2") ,
    by.y= c("cells", "YBP"))
  hyde.mean = unique(merge(hyde1, hyde2, by = c("cells", "t1", "t2"), suffixes = c(".t1",".t2")))
  hyde.mean$popd.dif = apply(hyde.mean[, c("popd.t1", "popd.t2")], 1, function(x){x[2]-x[1]})
  tr.tab.final = unique(merge(tr.tab.final, hyde.mean[, c("cells", "t1", "t2",
    "popd.t2", "popd.t1", "popd.dif")], by = c("cells", "t1", "t2")))
```

```

# ajout altitude (elev)
require(raster)
site.specif = data.frame(cells = ce, elev = getValues(elev)[ce], sand = getValues(sand)[ce])

tr.tab.final = unique(merge(tr.tab.final, site.specif, by = "cells"))

# ajout donnees ADN
#tr.tab.final = unique(merge(tr.tab.final, adn.final[, c("cells", "t1", "t2",
  "taxa.sum.t1", "taxa.sum.t2", "tr")], by = c("cells", "t1", "t2")))

tr.tab.final = na.omit(tr.tab.final)
#write.table(tr.tab.final, file = "outputs/txt/complete_transitionDataset.txt")
return(tr.tab.final)
}

```

ANNEXE E : Scripts R, modèle bayésien : initialisation et ajustement.

```
### fct_modele.R : Creation du jeu de donnees support du modele
### et fonctions necessaires a la realisation des graphiques de resultats
### Stage IRSTEA 2019 Guichardon Lucie
#-----

loglik_fct <- function(parm, Data)
{
  require(data.table)

  aC = parm[Data$aC.pos]
  aE = parm[Data$aE.pos]

  # fit transitions
  logit_alphaC = tcrossprod(aC, as.matrix(Data$dat[,Data$var.aC]))
  logit_alphaE = tcrossprod(aE, as.matrix(Data$dat[,Data$var.aE]))

  aC.fct=as.vector(Data$invlogit_(logit_alphaC))
  aE.fct=as.vector(Data$invlogit_(logit_alphaE))

  N = 1

  # LIKELIHOOD
  lik = rep(NA, nrow(Data$dat))

  lik[which(Data$AA.pos)] = (1-(aC.fct*N)) [Data$AA.pos]
  lik[which(Data$AP.pos)] = (N*aC.fct) [Data$AP.pos]
  lik[which(Data$PA.pos)] = (aE.fct) [Data$PA.pos]
  lik[which(Data$PP.pos)] = (1-aE.fct) [Data$PP.pos]
  lik[lik==0] = .Machine$double.xmin

  loglik = sum(log(lik))

  # PRIOR
  # prior cauchy following Gelman 2008
  # intercepts different of slope
  beta.aC = dcauchy(aC[1], 1, 10, log = TRUE) + sum(dcauchy(aC[-1], 0, 2.5, log = TRUE))
  beta.aE = dcauchy(aE[1], 1, 10, log = TRUE) + sum(dcauchy(aE[-1], 0, 2.5, log = TRUE))

  # POSTERIOR
  LP = loglik + beta.aE + beta.aC

  return(list(LP = LP, Dev = -2*loglik, Monitor = LP, yhat = lik, parm = parm))
}

#head(tr.tab.final)
# Taxons de l'EPD possible
# esp = Artemisia, Rumex acetosa-type, Plantago lanceolata,
# Tilia, Ulmus, Fagus, Juniperus, Abies, "Quercus"
esp = "Artemisia"
tr.tab.final <- read.table(paste0("outputs/txt/",esp, ".tab.txt"), header = TRUE)
info_sites <- read.table("outputs/txt/sites_pixels.txt", header = TRUE)
```

```

tab = tr.tab.final[,c("tr", "temp.t2", "prec.t2", "popd.t2", "prop.dif", "sand", "elev")]
tab = na.omit(tab)
tab.vars = tab[,-1]
tab.vars$popd.t2 = log(tab.vars$popd.t2+1)
#tab.vars$prop.dif = log(abs(tab.vars$prop.dif)+1)*sign(tab.vars$prop.dif)
summary(tab.vars)
tab.vars[1:2] = data.frame(scale(tab.vars[1:2]))
tab.vars[5:6] = data.frame(scale(tab.vars[5:6]))
summary(tab.vars)
nvars = ncol(tab.vars)
tab.vars$intercept = 1

#hist(log(abs(tab.vars$prop.dif)+1)*sign(tab.vars$prop.dif), breaks=20) ca pour prop.dif si probleme de -16 13 extremes

invlogit_ <- function(x)
{
  expx = ifelse(exp(x)==Inf, .Machine$double.xmax, exp(x))
  expx/(1+expx)
}

require(LaplacesDemon)
parm.names = as.parm.names(list(aE=rep(0, 1+nvars), aC=rep(0, 1+nvars) ))
nbetas = length(parm.names)

MyData <- list(N = nrow(tab.vars), dat = tab.vars, mon.names = c("logLik"), parm.names= parm.names,
  var.aE = 1:(nvars+1),
  var.aC = 1:(nvars+1),
  aE.pos = grep("aE", parm.names),
  aC.pos = grep("aC", parm.names),
  AP.pos = tab$tr=="AP",
  AA.pos = tab$tr=="AA",
  PA.pos = tab$tr=="PA",
  PP.pos = tab$tr=="PP",
  invlogit_ = invlogit_,
  # lik_fct = lik_dd,
  nbetas = nbetas)

```

```

### fit_modele.R : Fonction d'ajustement du modele et fonction de creation
### des violins plots
### Stage IRSTEA 2019 Guichardon Lucie
#-----

# Initialisation du modele
#-----
Initial.Values <- rnorm(length(MyData$parm.names), 0, 1)

require(data.table)
loglik_fct(Initial.Values, MyData)$LP

Fit = LaplaceApproximation(Model=loglik_fct, Data=MyData, Initial.Values)
Fit$Summary1

# Ajustement du modele - suivre les indications donnees par R apres avoir
# fait tourner le premier fit
#-----
Initial.Values <- as.initial.values(Fit)
set.seed(666)
Fit.mcmc <- LaplacesDemon(Model=loglik_fct, Data=MyData, Initial.Values,
  Covar=NULL, Iterations=1000, Status=100, Thinning=1,
  Algorithm="RDMH", Specs=list(alpha.star=0.234, B=NULL, Dist="N",
  gamma=0.66, n=0))
Consort(Fit.mcmc)

Initial.Values <- as.initial.values(Fit.mcmc)
Fit.mcmc <- LaplacesDemon(Model=loglik_fct, Data=MyData, Initial.Values,
  Covar=Fit.mcmc$Covar, Iterations=30000, Status=1000, Thinning=30,
  Algorithm="RDMH", Specs=NULL)
Consort(Fit.mcmc)

Initial.Values <- as.initial.values(Fit.mcmc)
Fit.mcmc <- LaplacesDemon(Model=loglik_fct, Data=MyData, Initial.Values,
  Covar=Fit.mcmc$Covar, Iterations=120000, Status=945, Thinning=120,
  Algorithm="RDMH", Specs=NULL)

# Creation des violins plot
#-----
tab = read.table(paste0("outputs/txt/", esp, ".fit.txt"), header = TRUE)
vars = colnames(tab)[-1]
all.vars = c(vars[MyData$var.aE[-1]-1],
  vars[MyData$var.aC[-1]-1])

# Importing the ggplot2 library
library(ggplot2)
library(reshape2)
df = as.data.frame(Fit.mcmc$Posterior1)
head(df)
df.long= melt(df)
head(df.long)
df.long$par = unlist(lapply(df.long$variable, substr, start=1, stop=2))
df.long$index = unlist(lapply(df.long$variable, gsub, pattern="^(0-7)", replacement=""))
df.long2 = df.long[df.long$index>1,]
df.long2$var = unlist(lapply(1:nrow(df.long2), function(x){vars[[df.long2$par[x]]][as.numeric(df.long2$index[x])-1]}))
df.long2$var = factor(df.long2$var)
levels(df.long2$var) = all.vars
levels(df.long2$var) = c("Temp", "Prec", "HumPop", "IntAgri", "Sand", "Elev")
# df.long2$var = factor(df.long2$var, levels(df.long2$var)[c(8, 9, 4, 2,1,3,5,6,7)])
df.long2$par = factor(df.long2$par)
levels(df.long2$par)
# = c("aC", "aE")

```

```

colos = c("coral2", "slategray4", "darkolivegreen4", "palegreen", "darkgoldenrod", "gray82")

# Creation Violin plot
p1 = ggplot(df.long2, aes(x = var, y = value, fill = var)) +
  geom_violin(trim= FALSE) +
  geom_boxplot(alpha=0.3, width=0.2, outlier.size = 0) +
  facet_wrap(~ par, ncol=3, dir="v", scales="free") +
  theme(axis.title.x=element_blank(),
        axis.text.x=element_blank(),
        axis.ticks.x=element_blank())

# pdf("../graphs/var_effects.pdf", height=8, width=12)
p1 + geom_hline(yintercept=0, linetype="dashed", color = "black") +
  labs(title="Posterior distributions", x="variable", y="effect") +
  scale_fill_manual(name="variables",
                   labels=levels(df.long2$var) ,
                   values = colos)

```

ANNEXE F : Extrait de la table « species » de l'EPD pour les huit taxons étudiés.

var_	Vaname	taxa
1	Abies	Abies
987	Abies alba	Abies
2644	Abies maroccana	Abies
2493	Abies nordmanniana	Abies
2571	Abies sibirica	Abies
2	Abies undifferentiated	Abies
991	Abies: stomata	Abies
66	Artemisia	Artemisia
1513	Artemisia (Type A)	Artemisia
1514	Artemisia (Type B)	Artemisia
1515	Artemisia (Type C)	Artemisia
1516	Artemisia (Type D)	Artemisia
1665	Artemisia (Type F)	Artemisia
4381	Artemisia alba-type	Artemisia
3537	Artemisia campestris	Artemisia
1385	Artemisia campestris-type	Artemisia
67	Artemisia cf. A. norvegica	Artemisia
68	Artemisia cf. A. norvegica (type 1)	Artemisia
69	Artemisia cf. A. norvegica (type 2)	Artemisia
3569	Artemisia genipii/A. mutellina	Artemisia
1923	Artemisia herba-alba	Artemisia
1554	Artemisia herba-alba-type	Artemisia
70	Artemisia norvegica	Artemisia
1377	Artemisia norvegica-type	Artemisia
1580	Artemisia rupestris	Artemisia
2100	Artemisia sl.	Artemisia
2099	Artemisia ss	Artemisia
71	Artemisia undifferentiated	Artemisia
2120	Artemisia vulgaris	Artemisia
72	Artemisia vulgaris-type	Artemisia
73	Artemisia-type	Artemisia
5016	Artemisia: clumps	Artemisia
304	Fagus	Fagus
2496	Fagus orientalis	Fagus
305	Fagus sylvatica	Fagus
3791	Fagus: leaves	Fagus
394	Juniperus	Juniperus
395	Juniperus communis	Juniperus
5067	Juniperus communis-type	Juniperus
3701	Juniperus communis: stomata	Juniperus
4365	Juniperus oxycedrus-type	Juniperus

1867	<i>Juniperus sabina</i>	Juniperus
396	Juniperus-type	Juniperus
3362	Juniperus/Cupressaceae	Juniperus
501	Juniperus/Tetraclinis-type	Juniperus
1454	Juniperus: stomata	Juniperus
579	<i>Plantago lanceolata</i>	Plantago
580	<i>Plantago lanceolata</i> -type	Plantago
587	<i>Plantago media</i>	Plantago
588	<i>Plantago media</i> -type	Plantago
4452	<i>Plantago media</i> / <i>P. montana</i>	Plantago
4094	<i>Plantago media</i> / <i>P. montana</i> -type	Plantago
696	<i>Rumex acetosa</i> -type	Rumex
3108	<i>Rumex acetosa</i> -type/ <i>Oxyria</i>	Rumex
821	<i>Tilia</i>	<i>Tilia</i>
822	<i>Tilia cordata</i>	<i>Tilia</i>
1993	<i>Tilia cordata</i> -type	<i>Tilia</i>
3486	<i>Tilia cordata</i> /platyphyllos	<i>Tilia</i>
3833	<i>Tilia indeterminata</i>	<i>Tilia</i>
1231	<i>Tilia platyphyllos</i>	<i>Tilia</i>
2614	<i>Tilia platyphyllos</i> subsp. <i>cordifolia</i>	<i>Tilia</i>
1697	<i>Tilia platyphyllos</i> -type	<i>Tilia</i>
4209	<i>Tilia</i> sp.	<i>Tilia</i>
2391	<i>Tilia tomentosa</i>	<i>Tilia</i>
2390	<i>Tilia</i> undifferentiated	<i>Tilia</i>
1413	<i>Tilia x vulgaris</i>	<i>Tilia</i>
3785	<i>Tilia</i> : stomata	<i>Tilia</i>
4894	<i>Tilia</i> : trichome	<i>Tilia</i>
853	<i>Ulmus</i>	<i>Ulmus</i>
2436	<i>Ulmus</i> (type A)	<i>Ulmus</i>
2437	<i>Ulmus</i> (type B)	<i>Ulmus</i>
3338	<i>Ulmus campestris</i>	<i>Ulmus</i>
2318	<i>Ulmus glabra</i>	<i>Ulmus</i>
3464	<i>Ulmus glabra</i> -type	<i>Ulmus</i>
2395	<i>Ulmus laevis</i>	<i>Ulmus</i>
2315	<i>Ulmus minor</i>	<i>Ulmus</i>
2577	<i>Ulmus pumila</i>	<i>Ulmus</i>
4753	<i>Ulmus scabra</i>	<i>Ulmus</i>
4626	<i>Ulmus</i> sp.	<i>Ulmus</i>
2389	<i>Ulmus</i> undifferentiated	<i>Ulmus</i>
3264	<i>Ulmus</i> -type	<i>Ulmus</i>
2752	<i>Ulmus/Zelkova</i>	<i>Ulmus</i>

ANNEXE G : Tables des probabilités issues du modèle bayésien.

```
Fagus > Fit.mcmc$Summary2
```

	Mean	SD	MCSE	ESS	LB	Median	UB
aE[1]	-0.23885924	0.13771936	0.004332865	1000	-0.50108999	-0.24405947	0.02431379
aE[2]	-0.32740731	0.15977683	0.004856263	1000	-0.64648383	-0.32871952	-0.02903303
aE[3]	-1.00686664	0.19071193	0.006388702	1000	-1.38173937	-1.00210146	-0.64430547
aE[4]	-0.29865718	0.16775288	0.005144793	1000	-0.63546631	-0.30414240	0.03428157
aE[5]	0.08100439	0.09870019	0.003101558	1000	-0.11215979	0.07640667	0.27207507
aE[6]	-0.14276466	0.16031826	0.004954608	1000	-0.45045943	-0.14147704	0.16526121
aE[7]	-1.23630559	0.14233849	0.004703773	1000	-1.52283133	-1.23479891	-0.96752447
aC[1]	0.07829573	0.09798951	0.003119914	1000	-0.10356936	0.07929156	0.27286495
aC[2]	0.01205359	0.12598529	0.003927920	1000	-0.23949158	0.01693564	0.26633586
aC[3]	1.14928008	0.22594013	0.007585281	1000	0.70642916	1.15096103	1.61051203
aC[4]	-0.04449817	0.22506791	0.007058878	1000	-0.49336631	-0.03189994	0.36865509
aC[5]	0.25632098	0.09122739	0.002886241	1000	0.09461874	0.25667450	0.42899362
aC[6]	0.28274561	0.12324721	0.003687160	1000	0.03346939	0.28204598	0.51820831
aC[7]	-1.59310881	0.10546533	0.003447049	1000	-1.80454182	-1.59258852	-1.39654809
Deviance	1504.11758620	5.45881745	0.172465287	1000	1495.37435594	1503.45532516	1517.38903573
logLik	-784.70814973	2.75120870	0.086743547	1000	-791.36189645	-784.38169786	-780.31375355

```
Abies > Fit.mcmc$Summary2
```

	Mean	SD	MCSE	ESS	LB	Median	UB
aE[1]	2.854017e-03	0.1809733	0.005606890	1000.0000	-0.36386886	0.01595637	0.33208873
aE[2]	-1.030938e+00	0.2040356	0.006574672	1000.0000	-1.44113996	-1.02106725	-0.65916638
aE[3]	-9.544946e-01	0.1969920	0.006604841	1000.0000	-1.36453642	-0.95828083	-0.58915840
aE[4]	3.719689e-02	0.1535165	0.004653976	1000.0000	-0.28217082	0.05172075	0.28395905
aE[5]	2.843779e-01	0.1278124	0.003926407	1000.0000	0.04262265	0.28326237	0.53958894
aE[6]	1.859082e-01	0.1965241	0.006177269	1000.0000	-0.20788797	0.18712679	0.56128406
aE[7]	-1.362932e+00	0.1746016	0.005416057	1000.0000	-1.70155448	-1.36467665	-1.02762246
aC[1]	3.531454e-01	0.1510001	0.004870102	1000.0000	0.06806834	0.35264788	0.65298397
aC[2]	-2.546355e-01	0.1654675	0.005867228	904.9417	-0.57783678	-0.25802389	0.06112759
aC[3]	7.162640e-01	0.2309082	0.008030909	1000.0000	0.25426283	0.71012625	1.19229014
aC[4]	3.227305e-01	0.3940314	0.013016524	1000.0000	-0.33916542	0.28124332	1.21251051
aC[5]	4.894060e-02	0.1068570	0.003095926	1000.0000	-0.16261854	0.04821790	0.25840959
aC[6]	8.500481e-01	0.1733225	0.005953452	878.0358	0.51580826	0.85477296	1.18360930
aC[7]	-1.445719e+00	0.1215876	0.003820050	1000.0000	-1.67855510	-1.44546855	-1.21367883
Deviance	1.116028e+03	5.2939635	0.165156248	959.0151	1107.52145373	1115.40312880	1128.15529425
logLik	-5.907930e+02	2.6923154	0.084025162	956.2801	-596.89829326	-590.48630712	-586.50835098

```
Juniperus > Fit.mcmc$Summary2
```

	Mean	SD	MCSE	ESS	LB	Median	UB
aE[1]	3.912683e-01	0.07907829	0.002389950	1000.0000	2.363963e-01	3.860889e-01	5.446556e-01
aE[2]	1.766806e-02	0.08814828	0.002549701	1000.0000	-1.666878e-01	1.828354e-02	1.844929e-01
aE[3]	1.036171e-01	0.11760598	0.003875707	1000.0000	-1.236878e-01	1.046574e-01	3.452814e-01
aE[4]	-1.519241e-01	0.14296912	0.004311883	1000.0000	-4.777842e-01	-1.313049e-01	8.803464e-02
aE[5]	1.131225e-01	0.08827858	0.002818854	754.5035	-6.273420e-02	1.142907e-01	2.888248e-01
aE[6]	5.351360e-02	0.08870574	0.002900903	899.2902	-1.268620e-01	5.534856e-02	2.176327e-01
aE[7]	-1.070551e+00	0.09349202	0.003082168	1000.0000	-1.259422e+00	-1.071392e+00	-8.942720e-01
aC[1]	-2.375788e-01	0.10740713	0.003432897	1000.0000	-4.271348e-01	-2.401503e-01	-2.256360e-02
aC[2]	8.783030e-02	0.10305100	0.003145368	1000.0000	-1.191878e-01	9.377279e-02	2.982528e-01
aC[3]	3.153225e-01	0.11836701	0.004313140	876.2986	7.724998e-02	3.148290e-01	5.444633e-01
aC[4]	7.378453e-02	0.14719073	0.004733214	1000.0000	-1.919060e-01	6.893641e-02	3.603740e-01
aC[5]	3.431001e-02	0.08403616	0.002639734	1000.0000	-1.332764e-01	3.254116e-02	1.921822e-01
aC[6]	-5.395204e-02	0.10679193	0.003436642	1000.0000	-2.651289e-01	-5.300033e-02	1.585039e-01
aC[7]	-1.509683e+00	0.10500697	0.004047769	855.1648	-1.724089e+00	-1.505964e+00	-1.300664e+00
Deviance	2.069940e+03	5.49570119	0.167902445	1000.0000	2.061501e+03	2.069005e+03	2.082142e+03
logLik	-1.067142e+03	2.75914341	0.084293922	1000.0000	-1.073243e+03	-1.066669e+03	-1.062920e+03

```
Tilia > Fit.mcmc$Summary2
```

	Mean	SD	MCSE	ESS	LB	Median	UB
aE[1]	-0.73082479	0.11370742	0.003651017	1000.0000	-0.95567829	-0.72759908	-0.51730643
aE[2]	0.06040520	0.14456304	0.004530431	1000.0000	-0.22864720	0.05848326	0.32281280
aE[3]	0.31917181	0.12380792	0.004794963	1000.0000	0.06053407	0.32137422	0.55294092
aE[4]	0.08537491	0.12853091	0.004116525	1000.0000	-0.18030318	0.09364167	0.32219595
aE[5]	-0.09594062	0.10231300	0.003477892	1000.0000	-0.28073372	-0.09732522	0.11490764
aE[6]	-0.16587550	0.13702191	0.004398406	1000.0000	-0.42876242	-0.16402641	0.09011124
aE[7]	-2.23730234	0.11396337	0.005296045	635.4912	-2.44451975	-2.23817182	-2.00249836
ac[1]	0.31943112	0.08777853	0.002845754	1000.0000	0.14653846	0.32080687	0.48310032
ac[2]	-0.47710804	0.11940599	0.003712668	1000.0000	-0.73024609	-0.47770919	-0.23704614
ac[3]	0.25958721	0.15092798	0.005274301	873.4090	-0.03989944	0.25830846	0.54994757
ac[4]	-0.04683581	0.11045771	0.003387726	1000.0000	-0.29160533	-0.03808083	0.14762984
ac[5]	0.09360437	0.09871573	0.003118317	1000.0000	-0.10073680	0.09279296	0.29069469
ac[6]	0.60037607	0.10505452	0.003151582	1000.0000	0.39289811	0.59826155	0.82077831
ac[7]	-1.05277943	0.10452348	0.003404285	1000.0000	-1.26069704	-1.05118302	-0.85233207
Deviance	1674.24529527	5.28534268	0.162758454	1000.0000	1666.27291968	1673.42171060	1685.71613769
logLik	-869.68805630	2.65506527	0.081783577	1000.0000	-875.30580654	-869.29786721	-865.67077142

```
Ulmus > Fit.mcmc$Summary2
```

	Mean	SD	MCSE	ESS	LB	Median	UB
aE[1]	-4.914523e-01	0.10181724	0.003191894	1000.0000	-0.69069545	-4.921707e-01	-0.28968045
aE[2]	-3.451340e-01	0.13387241	0.004242258	1000.0000	-0.59862522	-3.454952e-01	-0.09177268
aE[3]	-1.342911e-03	0.15266956	0.005055092	1000.0000	-0.31616669	8.929838e-03	0.28201048
aE[4]	1.148033e-01	0.10483056	0.003227170	1000.0000	-0.11180832	1.238924e-01	0.29298688
aE[5]	-1.280571e-01	0.09441444	0.002997435	1000.0000	-0.31685301	-1.260675e-01	0.05385105
aE[6]	-7.815310e-02	0.12552119	0.003969321	1000.0000	-0.33642793	-8.053431e-02	0.16281802
aE[7]	-2.456232e+00	0.12423140	0.004018318	1000.0000	-2.69486039	-2.450569e+00	-2.22153792
ac[1]	7.062440e-02	0.08067204	0.002385471	1000.0000	-0.08316794	7.087721e-02	0.22726339
ac[2]	2.508934e-01	0.13922374	0.004324832	1000.0000	-0.02227372	2.493780e-01	0.52216792
ac[3]	3.693503e-01	0.22694099	0.006494636	950.0506	-0.07065310	3.733644e-01	0.82285294
ac[4]	-1.297848e-01	0.21529630	0.006833054	1000.0000	-0.62857021	-1.087106e-01	0.22898958
ac[5]	9.765753e-02	0.10118322	0.003158126	1000.0000	-0.09364320	9.425349e-02	0.30226054
ac[6]	-6.553026e-02	0.11983053	0.003658893	1000.0000	-0.29145252	-6.958586e-02	0.17917275
ac[7]	-5.518396e-01	0.11942213	0.003664561	877.6343	-0.78254672	-5.506056e-01	-0.31588062
Deviance	1.547584e+03	5.30706696	0.170814694	1000.0000	1539.09872922	1.546827e+03	1559.95811756
logLik	-8.062696e+02	2.67312367	0.085930609	1000.0000	-812.46603533	-8.058805e+02	-802.00830577

```
Plantago > Fit.mcmc$Summary2
```

	Mean	SD	MCSE	ESS	LB	Median	UB
aE[1]	-0.38110521	0.16261486	0.006592520	733.4861	-0.69975537	-0.37697507	-0.09571627
aE[2]	-0.44557161	0.13950695	0.005643399	820.8967	-0.73335139	-0.44096201	-0.16844001
aE[3]	-0.91419852	0.13419603	0.004890664	1000.0000	-1.17842132	-0.91395075	-0.65679976
aE[4]	-0.41175285	0.15827684	0.004974248	1000.0000	-0.75433977	-0.39918881	-0.14928367
aE[5]	0.03098923	0.11516908	0.003549518	1000.0000	-0.19841082	0.02832815	0.25452097
aE[6]	0.15214645	0.13035337	0.005519361	740.4384	-0.10186713	0.15337224	0.40588557
aE[7]	-1.10526889	0.11144463	0.004467393	991.0125	-1.32322521	-1.10933843	-0.88284825
ac[1]	0.30938256	0.10506066	0.003981202	801.4972	0.11488672	0.30780674	0.52271794
ac[2]	-0.10341100	0.11697741	0.004617938	774.5405	-0.34300714	-0.10255204	0.12834163
ac[3]	0.56714831	0.11641616	0.004526655	786.9890	0.33899233	0.56869108	0.79536328
ac[4]	0.20020028	0.15576035	0.005333566	828.8586	-0.06834759	0.18596554	0.54721692
ac[5]	-0.13044830	0.09492801	0.003212910	896.6764	-0.31056137	-0.13118287	0.04952455
ac[6]	0.37689581	0.11798172	0.005208129	675.6640	0.15087776	0.37606163	0.60930681
ac[7]	-1.29606914	0.08846962	0.004461030	607.8895	-1.46772742	-1.29402745	-1.13096785
Deviance	1498.17128143	5.16451546	0.179702376	966.5167	1490.12116630	1497.59963842	1509.69714068
logLik	-781.45010891	2.60272314	0.090760942	963.3651	-787.27987758	-781.17363290	-777.40432864

```
Rumex > Fit.mcmc$Summary2
```

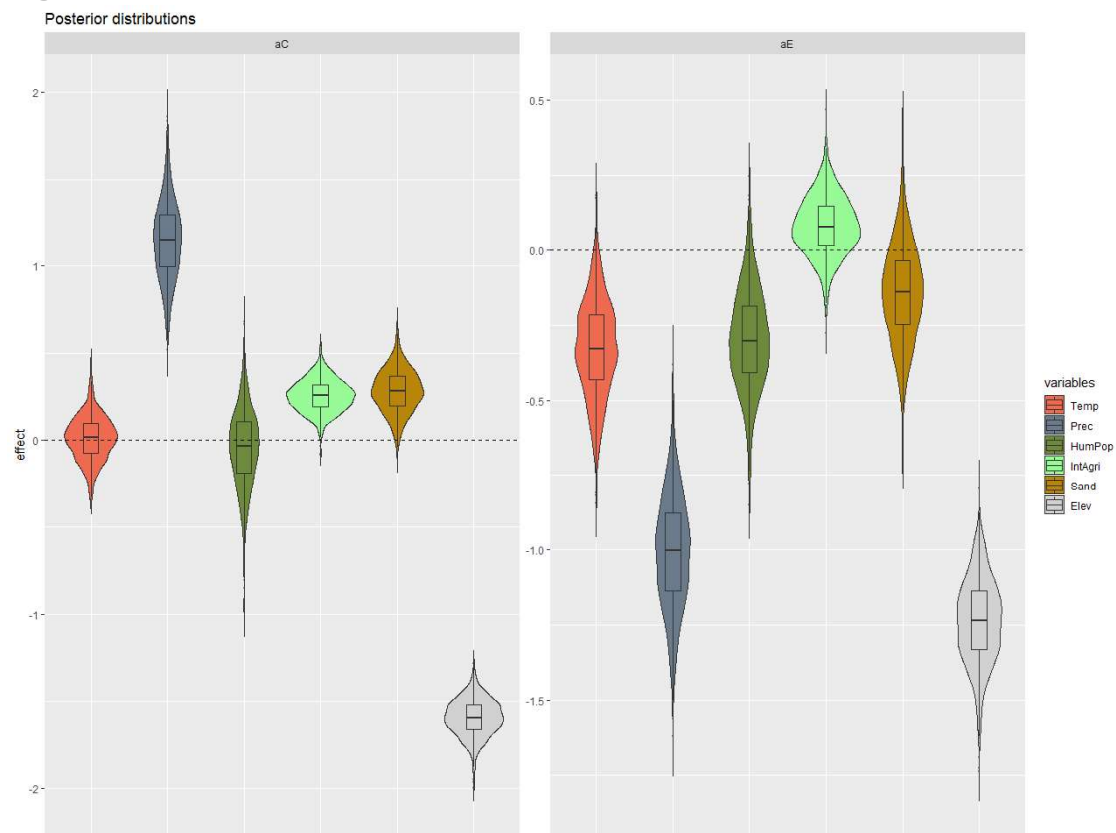
	Mean	SD	MCSE	ESS	LB	Median	UB
aE[1]	-2.866715e-01	0.1875080	0.008051596	723.7470	-0.64653723	-0.29143521	0.08835852
aE[2]	-4.907224e-02	0.1940155	0.006728826	1000.0000	-0.42903438	-0.04821615	0.31987351
aE[3]	-6.049137e-01	0.2555066	0.011013676	684.9766	-1.11685308	-0.60236643	-0.12052981
aE[4]	-2.291214e+00	1.8300732	0.058561048	1000.0000	-7.12250036	-1.91536785	0.28462323
aE[5]	3.485187e-01	0.1913785	0.008413420	709.9811	-0.01835788	0.34848483	0.71557542
aE[6]	1.170459e-01	0.2198287	0.008300507	881.0258	-0.31349150	0.12276446	0.55117394
aE[7]	-7.895844e-01	0.1844028	0.007175355	821.2979	-1.15955157	-0.78570208	-0.44865875
aC[1]	-2.109097e-02	0.1987441	0.008772542	651.3809	-0.38574152	-0.02545988	0.38939994
aC[2]	-1.663938e-01	0.2323699	0.008683487	798.6078	-0.65017269	-0.15705444	0.27814651
aC[3]	3.589334e-03	0.2530228	0.009602304	843.5506	-0.51111670	0.01030630	0.45430484
aC[4]	-1.683810e-01	0.3128787	0.011970486	789.7955	-0.79108522	-0.16293894	0.46027461
aC[5]	2.059147e-01	0.1984077	0.008798742	732.1418	-0.20422552	0.20002927	0.60079215
aC[6]	-1.200715e-01	0.2369808	0.010556724	662.0685	-0.59028507	-0.11296390	0.31349450
aC[7]	-1.187382e+00	0.1755801	0.007286191	881.8678	-1.54716982	-1.18115514	-0.84016164
Deviance	5.501777e+02	5.2037289	0.165439505	1000.0000	541.73953386	549.62831094	562.78011296
logLik	-3.078599e+02	2.6822464	0.084207795	1000.0000	-314.12508100	-307.47883656	-303.41441281

```
Artemisia > Fit.mcmc$Summary2
```

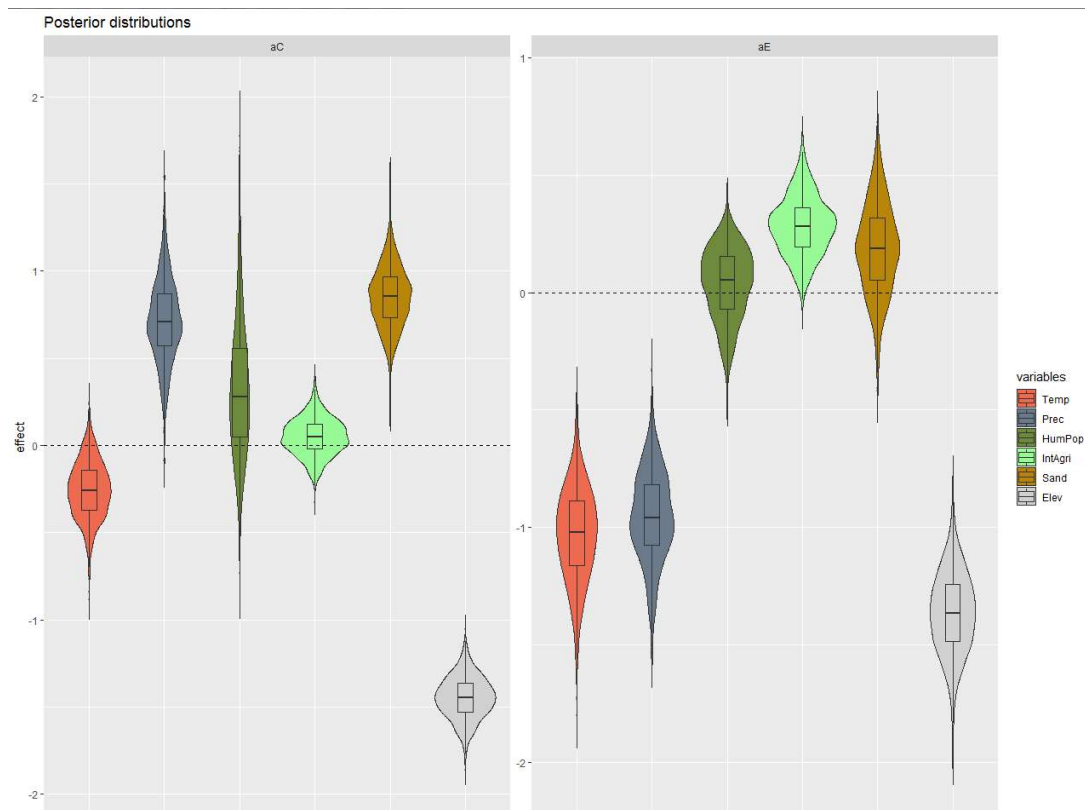
	Mean	SD	MCSE	ESS	LB	Median	UB
aE[1]	-0.22239097	0.08198682	0.002571643	1000.0000	-0.38152020	-0.22390459	-0.05762551
aE[2]	0.02406098	0.10744733	0.004085379	1000.0000	-0.18969258	0.02685350	0.23001565
aE[3]	-0.05921845	0.12422226	0.004209899	1000.0000	-0.30166082	-0.05626373	0.16606499
aE[4]	0.13099439	0.09304577	0.003234164	910.4767	-0.06303919	0.13077581	0.30514850
aE[5]	-0.02356026	0.08455422	0.002969801	887.3570	-0.18528620	-0.02571571	0.13991582
aE[6]	-0.29359144	0.11400856	0.004063620	1000.0000	-0.52579524	-0.29090734	-0.07767245
aE[7]	-2.02000924	0.09874358	0.003320196	1000.0000	-2.20722738	-2.01274170	-1.83371232
aC[1]	0.03988353	0.10027474	0.002984669	1000.0000	-0.16442549	0.04497760	0.22330161
aC[2]	-0.31697521	0.12575362	0.003974478	1000.0000	-0.56384355	-0.31578648	-0.06594425
aC[3]	0.35949225	0.20023009	0.006081719	1000.0000	-0.01950003	0.35115758	0.75253653
aC[4]	0.24086301	0.20152066	0.006721056	1000.0000	-0.08851398	0.21569751	0.70237749
aC[5]	0.24181561	0.09954835	0.003087997	1000.0000	0.04349559	0.24063821	0.43911897
aC[6]	0.14189248	0.12836835	0.003879261	1000.0000	-0.09997088	0.13939994	0.39210936
aC[7]	-0.39662950	0.13593730	0.004152123	1000.0000	-0.66510586	-0.39989697	-0.13133086
Deviance	1781.00467366	5.19632263	0.181440636	906.9626	1772.89587187	1780.34725653	1792.86158672
logLik	-922.78649694	2.61458444	0.091201780	911.7760	-928.75299705	-922.46283791	-918.72768993

ANNEXE H : Graphiques des probabilités postérieures pour chaque taxons.

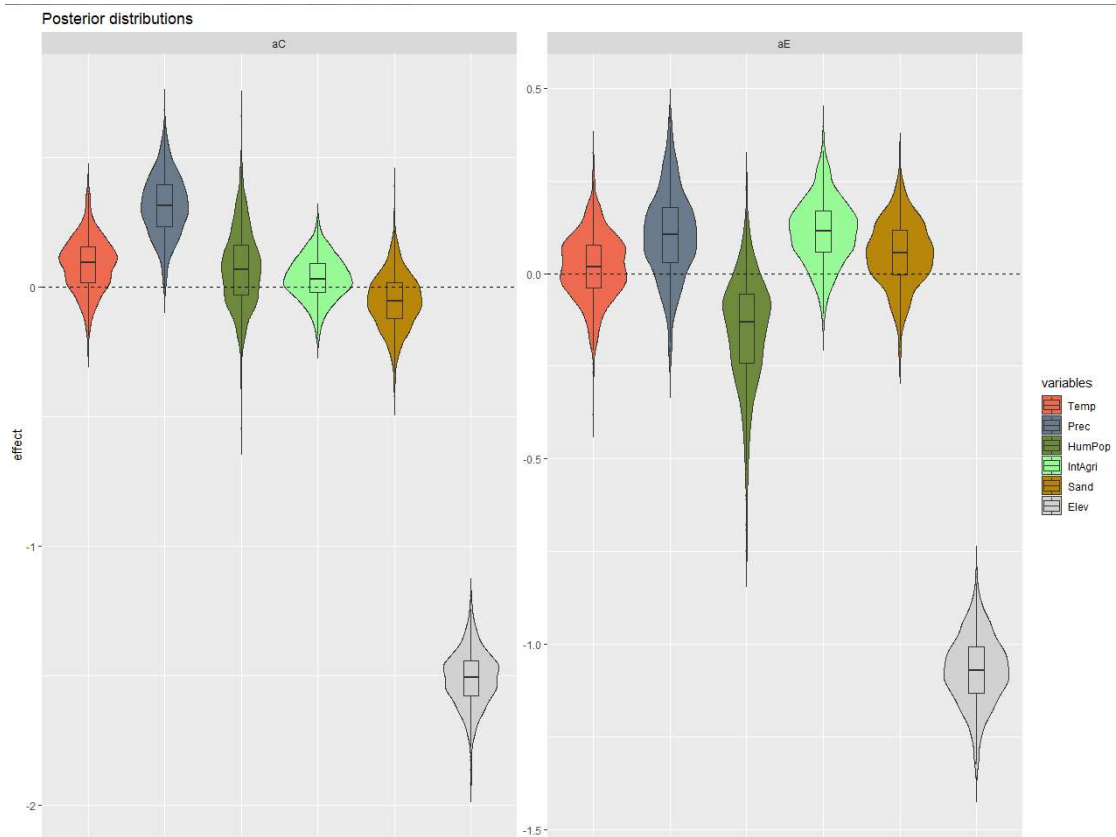
Fagus



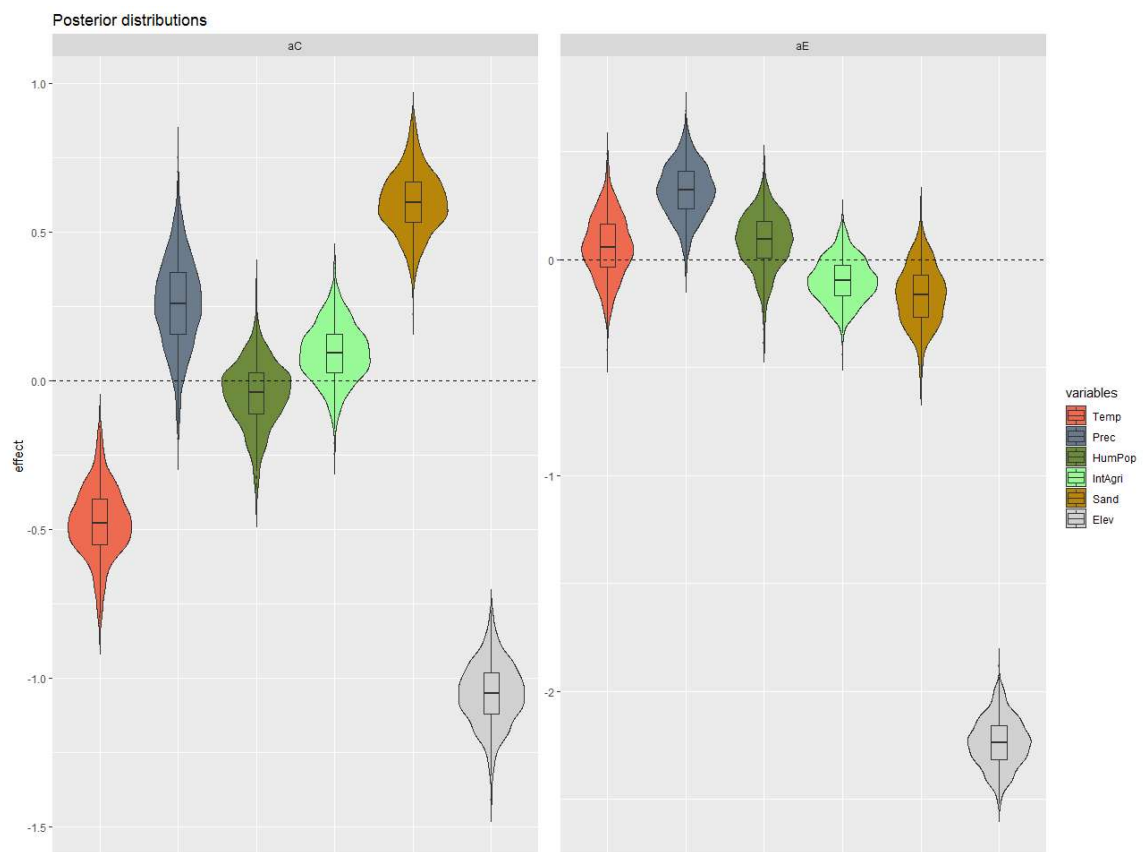
Abies



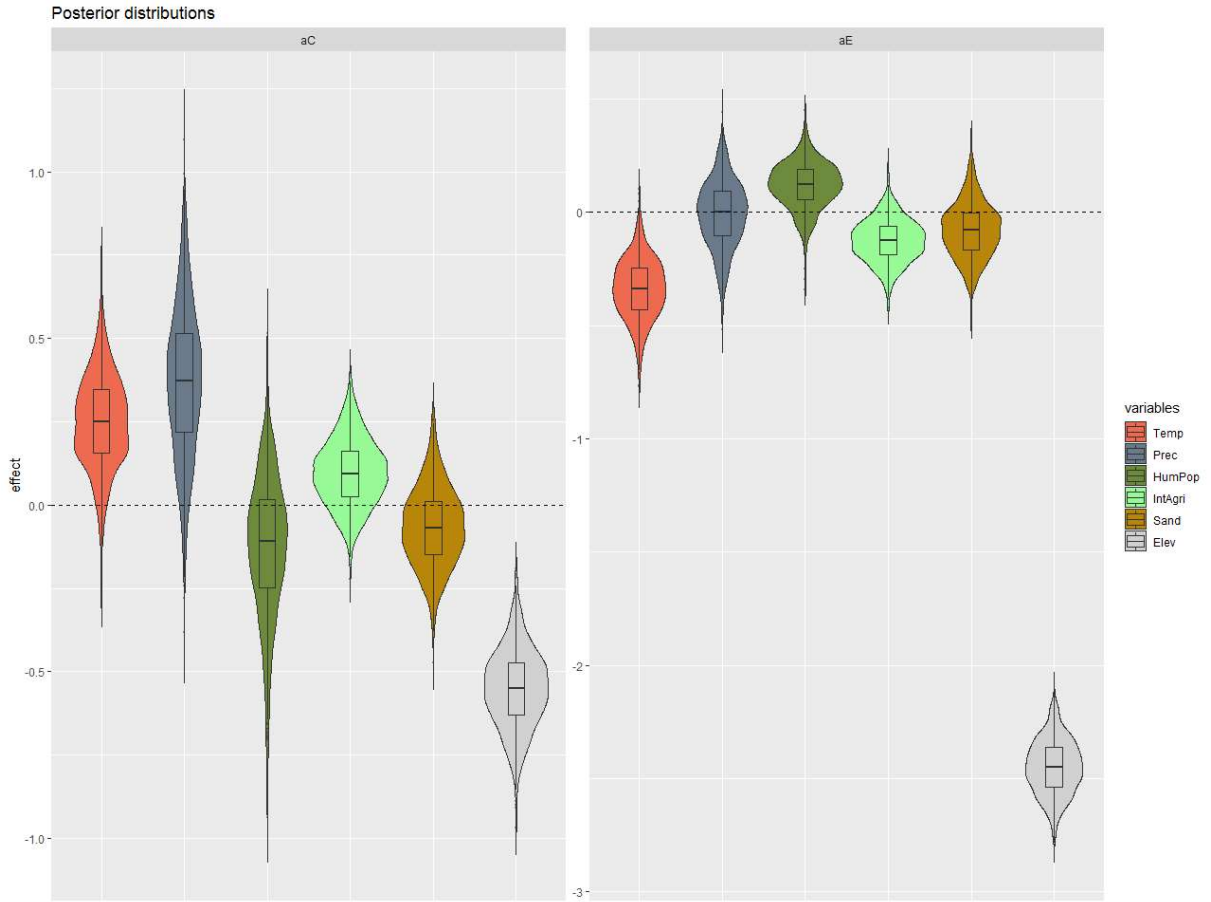
Juniperus



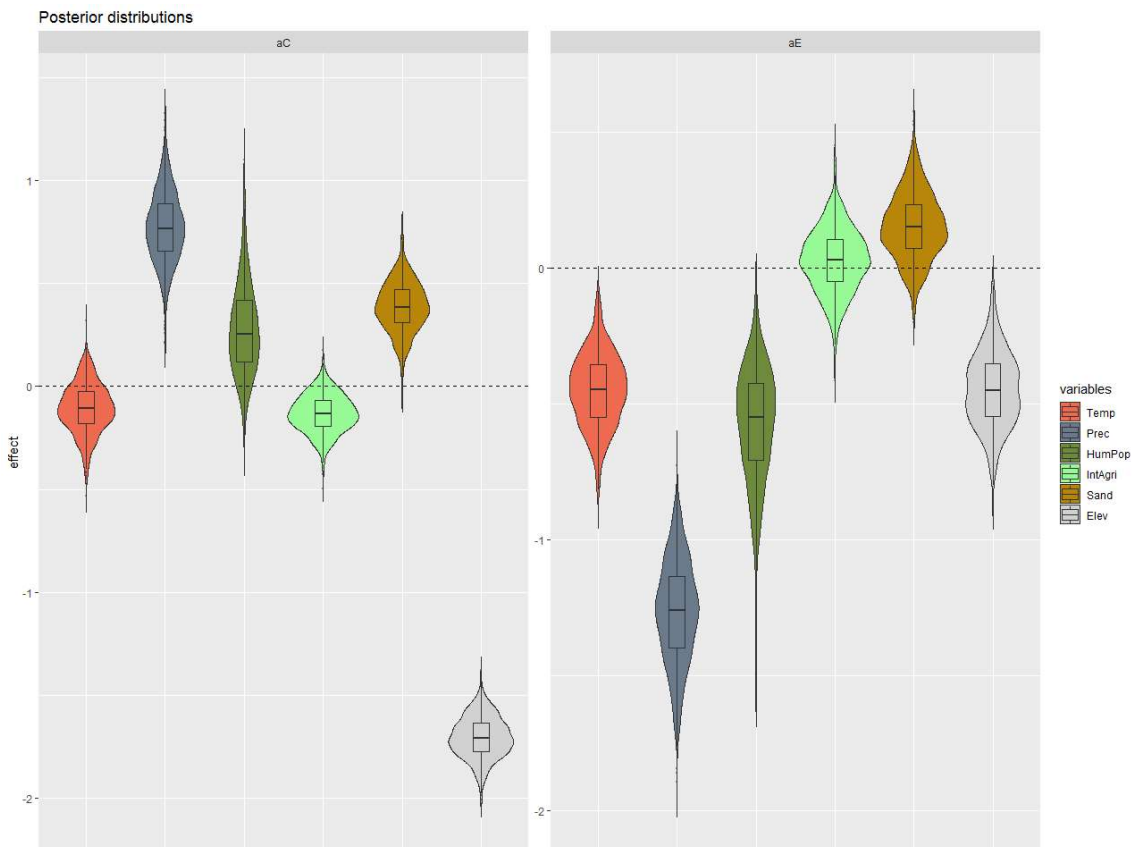
Tilia



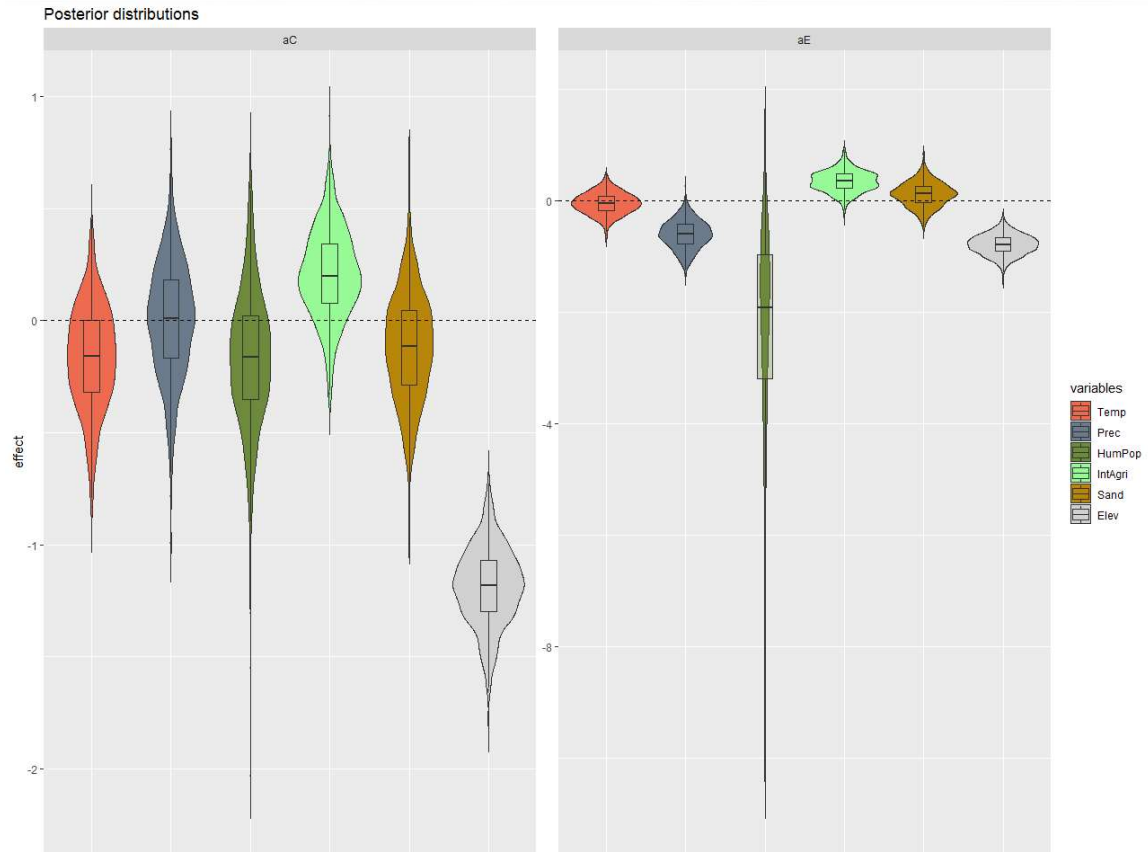
Ulmus



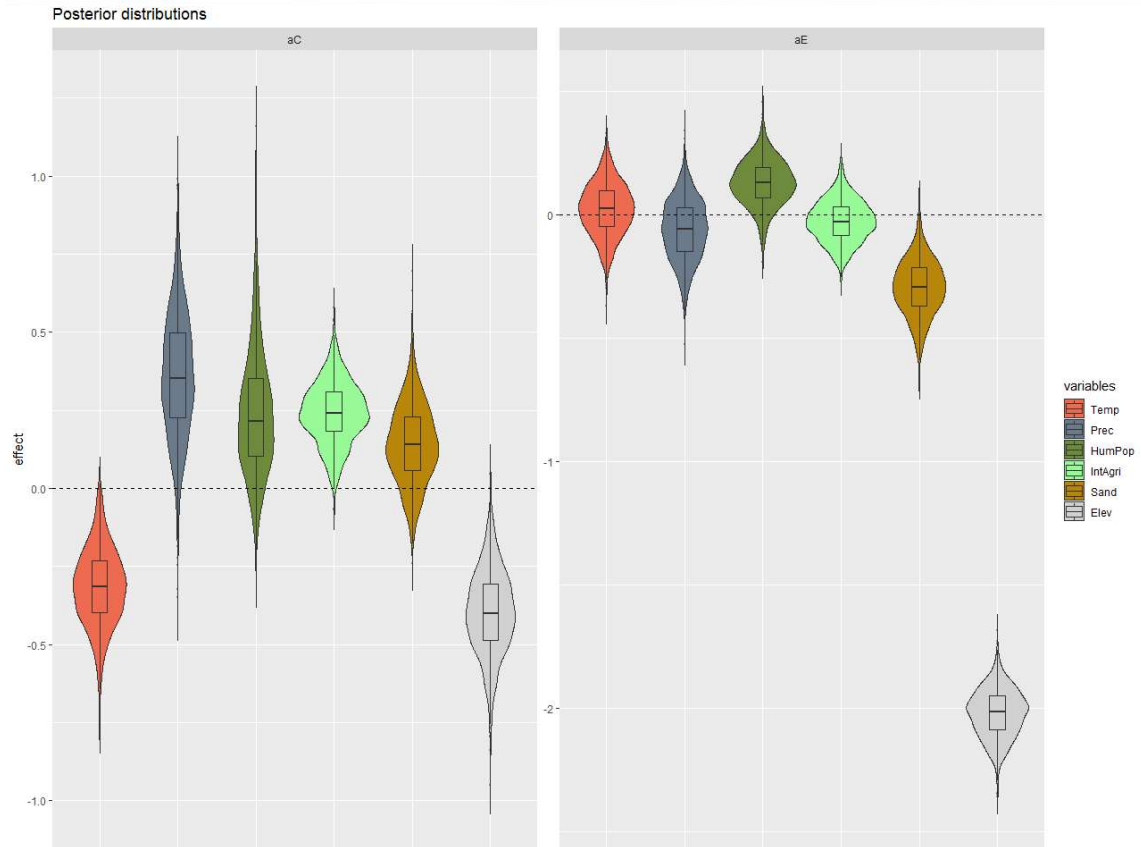
Plantago



Rumex



Artemisia



ANNEXE I : Tables des types de transitions ADN pour chaque taxons.

<i>Fagus</i>	A (t ₁)	P (t ₁)
A (t ₂)	6	2
P (t ₂)	2	2

<i>Abies</i>	A (t ₁)	P (t ₁)
A (t ₂)	0	2
P (t ₂)	1	9

<i>Juniperus</i>	A (t ₁)	P (t ₁)
A (t ₂)	9	1
P (t ₂)	1	1

<i>Tilia</i>	A (t ₁)	P (t ₁)
A (t ₂)	5	2
P (t ₂)	3	2

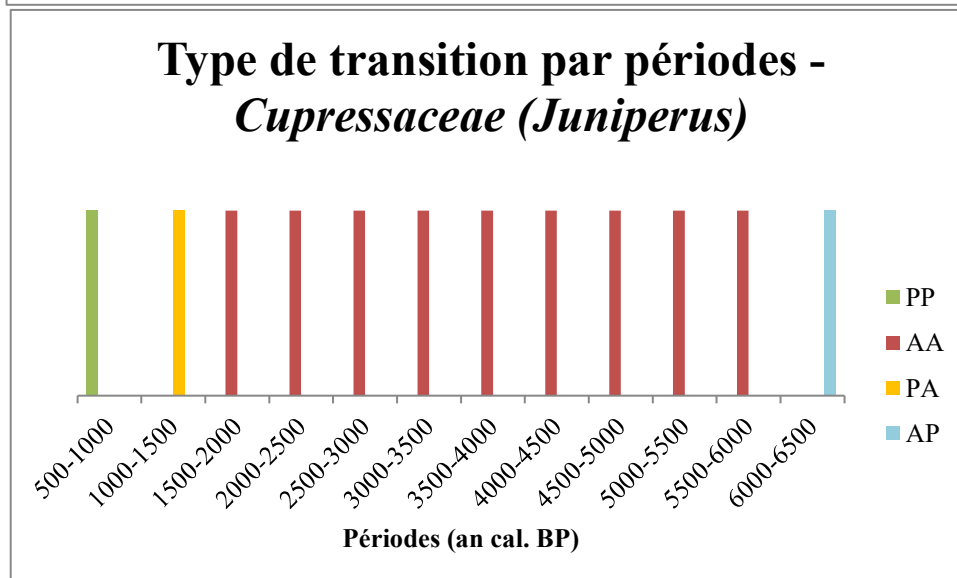
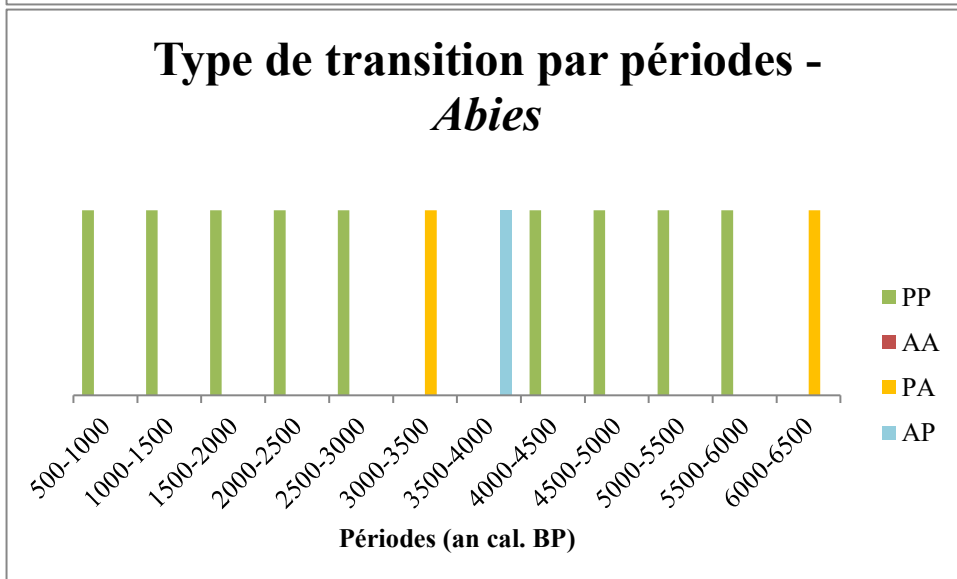
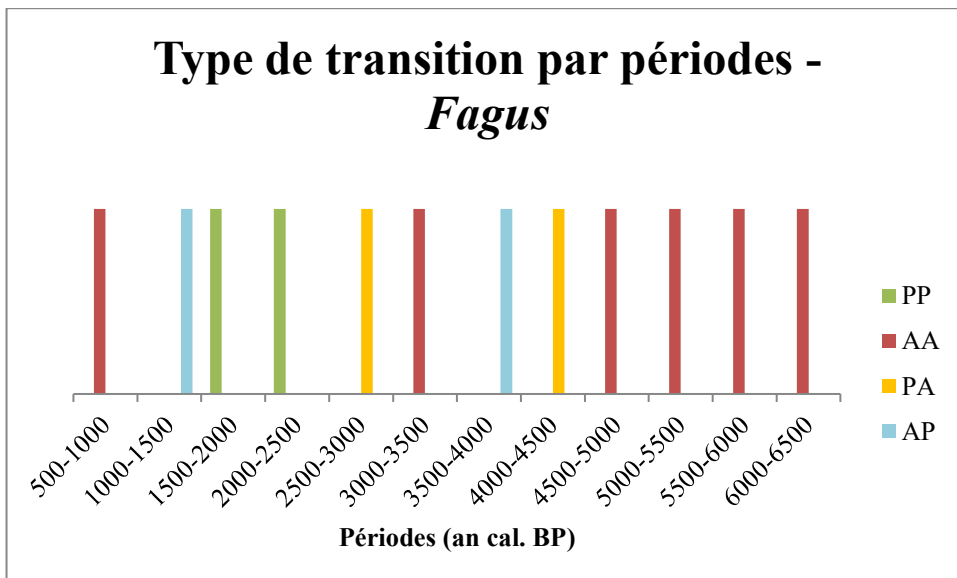
<i>Ulmus</i>	A (t ₁)	P (t ₁)
A (t ₂)	3	2
P (t ₂)	3	4

<i>Plantago</i>	A (t ₁)	P (t ₁)
A (t ₂)	7	1
P (t ₂)	0	4

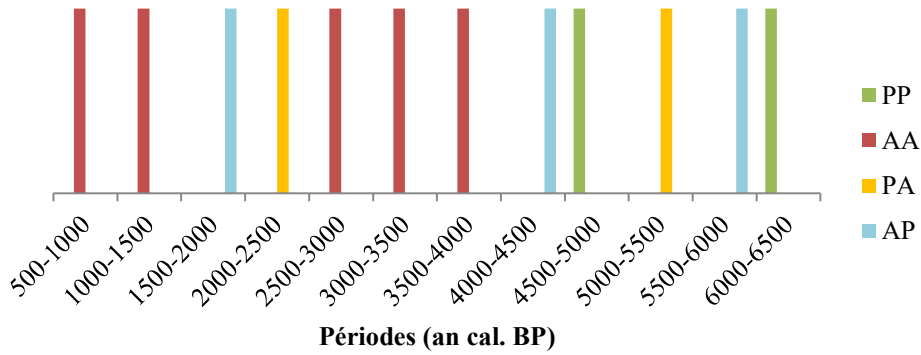
<i>Rumex</i>	A (t ₁)	P (t ₁)
A (t ₂)	3	4
P (t ₂)	3	2

<i>Artemisia</i>	A (t ₁)	P (t ₁)
A (t ₂)	0	2
P (t ₂)	1	9

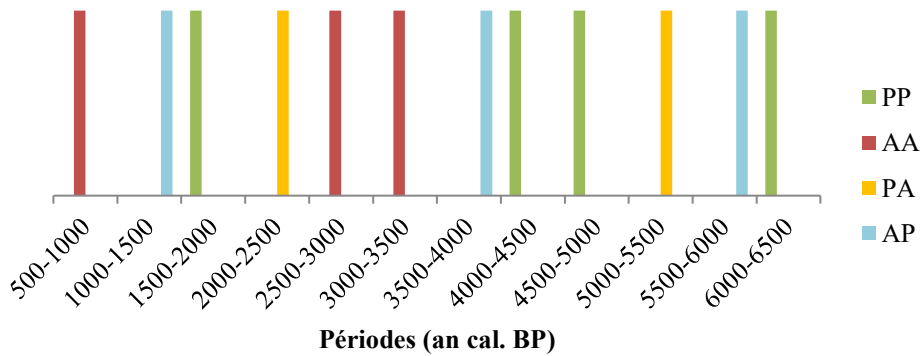
ANNEXE J : Type de transition ADN par périodes et par taxons.



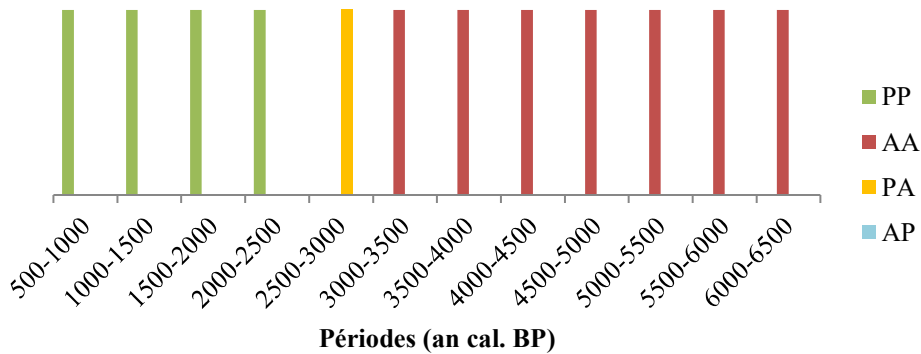
Type de transition par périodes - *Tilia*



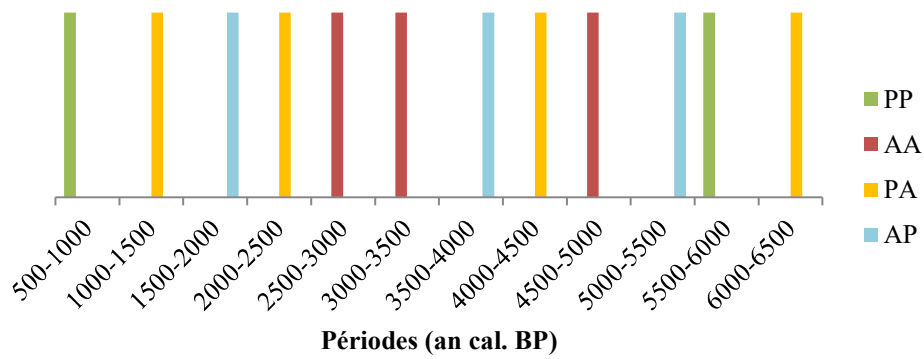
Type de transition par périodes - *Ulmaceae*



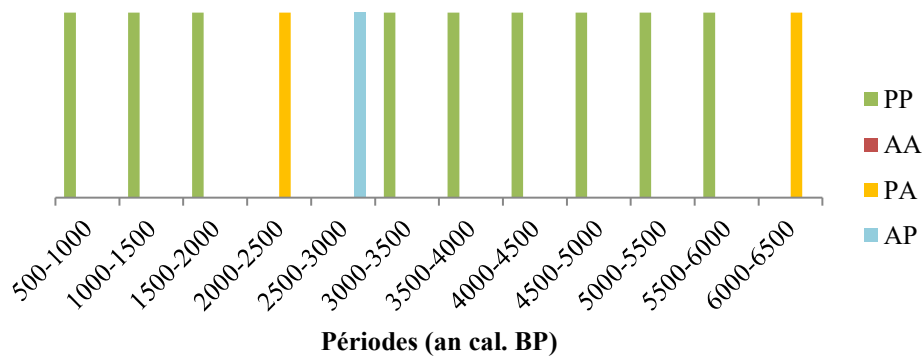
Type de transition par périodes - *Plantago*



Type de transition par périodes - *Rumex*



Type de transition par périodes - *Asteraceae (Artemisia)*



ANNEXE K : Hypothèses relatives à chaque espèces et taxons.

Les espèces étant choisies sur la base de celle identifiées grâce aux pollen et présentes dans l'EPD (ANNEXE F), regroupées ensuite sous un unique taxon.

<i>FAGUS</i>		
<i>Fagus sylvatica</i>		<i>Sources</i>
Conditions climatiques	Sensible aux conditions climatiques début de saison induisant une diminution de la croissance Large amplitude A besoin de plus de 750mm/an et forte humidité atmosphérique craint gelées jusqu'à 1700m d'altitude	(Lebourgeois, 2005 ; Rameau et al., 1989 ; PIFH, 2019) (Rameau et al., 1989 ; PIFH, 2019)
Conditions de sol	Sol drainé, limoneux pH acide à neutre mais peu compétitif sur sol acide	(Julve, 2017 ; Landolt et al., 2010) (Landolt et al., 2010)
Utilisations	Très bon combustible (charbonnières, par exemple dans les Coulmes, Vercors) Fourrage pour les bêtes depuis la Préhistoire	(Glénat, 1921 ; Martin, 2011)
<i>Fagus orientalis</i>		
Conditions climatiques	Milieux plus secs que <i>F.sylvatica</i> Craint le gel tardif Se développe entre 200 et 2200m d'altitude	(EUFORGEN, 2019)
Conditions de sol		
Utilisations	Combustible, pâte à papier, meubles	
<p><i>Hypothèses</i> : Influence positive d'importantes précipitations sur la colonisation tandis que de faibles précipitations pourraient avoir une influence négative sur la colonisation voir une influence positive sur l'extinction pour <i>Fagus sylvatica</i>. Un sol drainant (plus sableux et limoneux que argileux) et basique serait plus favorable à la colonisation du hêtre même superficiel tandis qu'un sol argileux sujet à l'hydromorphie et acide serait plutôt défavorable à la colonisation.</p> <p>Des diminutions brutales de températures pourraient favoriser l'extinction du taxon (les deux espèces sont sensibles aux gels tardifs). De par ses nombreuses utilisations, une augmentation de la densité de population pourrait avoir un effet positif sur l'extinction de l'espèce ou un effet positif sur la colonisation (plantation), lié à l'exploitation du bois (coupes).</p>		
<i>ABIES</i>		
<i>Abies alba</i>		<i>Sources</i>
Conditions climatiques	Présent de 400 à 1800 m Humidité atmosphérique élevée, constante Température des étages montagnards mais craint les épisodes de froid tardifs au printemps	(Rameau et al., 1989 ; Julve, 2017 ; Landolt et al., 2010 ; EUFORGEN, 2019)
Conditions de sol	Craint sols compacts Indifférent à la chimie du sol Plutôt sur sols argileux/ limoneux et profonds	(PIFH, 2019 ; Gyax et al., 2018)

Utilisations	Menuiserie, charpente, pâte à papier. Donn�e parfois aux b�tes (fonction de fourrage/liti�re)	(Nicod et al., 2008 ; Rameau et al., 1989)
<i>Abies nordmanniana</i>		
Conditions climatiques	Sur les �tages colin�en et montagnard, lieux plut�t chaud et ensoleill� Temp�ratures colin�ennes, tr�s r�sistant au froid	(PIFH, 2019 ; Julve, 2017)
Conditions de sol	Substrat plut�t sec pH acidophile et texture limoneuse	(Julve, 2017)
Utilisations	Bois recherch� en construction et p�te � papier	(EUFORGEN, 2019 ; PIFH, 2019)
Autre	Rarement subspontan� N�ophyte cultiv� : arriv� en Suisse apr�s la d�couverte des Am�riques (apr�s 1500)	(Gygax et al., 2018 ; Infloflora, 2019)

<i>Abies maroccana</i>		
Conditions climatiques	Esp�ce pr�sente en Afrique du Nord (Maroc) et Espagne, entre 1600 et 2100m d'altitude A besoin d'une abondance des pr�cipitations (entre 1200 et 2000 mm par an) Temp�ratures plut�t chaudes support�es mais aussi froide (dans le Rif neige pendant 4 mois parfois)	(Maire, 1952 ; Baumer, 1977)
Conditions de sol	Sols calcaires	(Maire, 1952)
Utilisations		

<i>Abies sibirica</i>		
Conditions climatiques	Pr�sent de 1900 � 2400 m d'altitude Tr�s r�sistante au froid mais peu � la chaleur.. Appr�cie les lieux humide (fonte des neige disponible en �t�)	
Conditions de sol		
Utilisations	Utilis�e surtout pour la fabrication de la p�te � papier et la fabrication d'huile essentielle	(Gil, 2015)
Autre	Produit de grande quantit� de pollen	(Bazhina, 2014)

Synth se et hypoth ses : Seul *Abies alba* est une esp ce end mique d'Europe (Rameau et al., 1989), les autres esp ces de ce genre que l'on trouve en France/Europe, sont souvent utilis es en foresterie et ont  t  introduites (Etats-Unis, Turquie, Gr ce *etc.*). Les amplitudes altitudinales sont variables, les sapins se d veloppent souvent des plaines au niveau montagnard (1700 m) jusqu'au subalpin (2400 m). Seul *Abies concolor* se trouve plus haut en altitude (1800 m   3200 m). La plupart des esp ces exige une humidit  atmosph rique  lev e, craignent la s cheresse et les gel es tardives. Les esp ces du taxon *Abies* sont indiff rents   la chimie du sol et craignent les sols compacts et superficiels. Le bois est souvent utilis  en menuiserie, charpente ou p te   papier. *Abies maroccana* supporte quant   lui de fortes chaleurs et des p riodes de froids. *Abies sibirica* est tr s r sistant au froid.

La **temp rature** peut influencer la colonisation ou l'extinction de ce taxon par des variations brutales (s cheresses ou gel es, entrainant l'extinction). N anmoins les diff rentes esp ces ne r agissant pas de la m me mani re au climat, cette variable peut finalement avoir un effet neutre sur les dynamiques. Certaines esp ces exigeants une humidit  atmosph rique constante, les **pr cipitations** pourront avoir une influence positive sur la colonisation des esp ces,   l'inverse une diminution des pr cipitations

pourrait avoir une influence positive sur l'extinction. Les utilisations du sapin sont principalement la fabrication de pâte à papier, ainsi l'exploitation (liée à la densité de population) récente des peuplements de sapin devrait avoir une influence positive sur l'extinction et utilisation de *Abies alba* en fourrage (Nicod et al., 2008). Peu exploitation de *Abies maroccana* car présentant de nombreux nœud, bois d'une qualité peu élevée, la **densité de population** ne devrait pas avoir d'influence sur le développement de cette espèce car peu exploitée. Les espèces du genre *Abies* sont pour la majorité indifférente à la chimie du sol, seules certaines supportent moins bien un excès de calcaire ou d'argile, néanmoins on peut penser que le **sol** aura un faible impact sur la dynamique des espèces de ce taxon.

JUNIPERUS

<i>Juniperus communis</i>		Sources
Conditions climatiques	Se retrouve entre 1800 et 2400m d'altitude Résiste au froid et à la sécheresse, fréquent dans les milieux arides Besoin en lumière important	(EUFORGEN, 2019)
Conditions de sol	Indifférent à la texture du sol et humidité Souvent sur sols superficiels et secs Substrat aussi bien calcaire que siliceux en milieu secs et ensoleillés	(Rameau et al., 1989 ; PIFH, 2019)
Utilisations	Utilisé en menuiserie et en cuisine	(Rameau et al., 1989)
<i>Juniperus oxycedrus</i>		Sources
Conditions climatiques	Tolère températures fraîches Résiste à la sécheresse, fréquent en milieu arides, lumineux (héliophiles) et chauds (xérophile) Se trouve en climat méditerranéen jusqu'à 2200m d'altitude	(Rameau et al., 1989 ; PIFH, 2019)
Conditions de sol	Sur sols non carbonatés, souvent superficiels et secs voire rocaillieux (coteaux arides) Sur sols à texture sableuse (fin à grossier)	(Julve, 2017 ; EUFORGEN, 2019) (EUFORGEN, 2019)
Utilisations	Utilisé en menuiserie et cuisine	
<i>Juniperus sabina</i>		Sources
Conditions climatiques	Espèce supportant des conditions sèches Etage montagnard (forêts de hêtres et de sapins blancs, dans les Alpes centrales forêts de pins sylvestres)	(Landolt et al., 2010)
Conditions de sol	pH doit être légèrement acide à neutre (donc sol peu à pas sableux).	(Infoflora, 2019)
Utilisations		
Autre	Espèces pionnières	(Gauthier, 2004)

Synthèse et hypothèses : Espèces pouvant se trouver jusqu'à 2400 m pour *Juniperus communis*. Les espèces de ce genre résistent très bien à la sécheresse, sont fréquentes dans les zones arides et sur sols superficiels, sableux ou rocheux et secs. *Juniperus communis* résiste également très bien au froid tandis que *Juniperus oxycedrus* y est plus sensible. Taxon se développant mieux dans les sols non

carbonatés à pH peu acide à neutre. Ces essences peuvent être utilisées en cuisine, menuiserie mais à petite échelle souvent.

Les espèces de ce genre résistent très bien aux fortes **températures**, cette dernière peut avoir peu d'influence sur la colonisation et l'extinction de ces espèces, néanmoins des épisodes de froids peuvent avoir des effets négatifs sur la colonisation de *Juniperus oxycedrus*. La composition du sol en **sable** peut avoir une incidence positive sur la colonisation car les espèces sont majoritairement présente sur sols secs, sableux à rocheux. Une augmentation des **précipitations** auraient un effet négatif sur la colonisation voire négatif sur l'extinction (espèces présentent principalement en climat sec et chaud/méditerranéen). La **densité de population** aurait peu d'effet sur ce taxon car ce sont des essences qui sont peu exploitées. Malgré tout, le caractère pionniers de ces espèces pourrait favoriser la colonisation en présence de déboisement.

TILIA

<i>Tilia cordata</i>		Sources
Conditions climatiques	Apprécie les lieux ombragé et se retrouve principalement à l'étage colinéen Températures planitaire à montagnarde	(Landolt et al., 2010).
Conditions de sol	Sur sol moite, acide à neutre (pH de 4,5 à 7,5) et pauvre en nutriment Sites limoneux à argileux mais tolère parfois des sols sableux et peu fertiles	(EUFORGEN, 2019 ; Julve, 2017)
Utilisations	Voir <i>Tilia tomentosa</i>	
<i>Tilia platyphyllos</i>		
Conditions climatiques	En forêt coliénne et montagnarde Lieux ombragés	(PIFH, 2019 ; Gygax et al., 2018)
Conditions de sol	Sur sol basique à légèrement acide Sols frais à sec	(Landolt et al., 2010).
Utilisations	Voir <i>Tilia tomentosa</i>	
<i>Tilia tomentosa</i>		
Conditions climatiques	Dans les milieux ombragés et chaud de l'étage colinéen Résistant à la chaleur, et la sécheresse Espèce ayant la meilleure résistance au climat sec	(Landolt et al., 2010 ; EUFORGEN, 2019)
Conditions de sol	Sur sols moites à frais pH acide à neutre Sols limoneux Résistant à la la compaction	(Julve, 2017)
Utilisations	Utilisation des fibres de tilleul pour le teillage au néolithique Vertus médicinales connues depuis l'Antiquité, au XVIIème siècle, une ordonnance royale en fit planter le long des routes afin de faciliter la récolte des fleurs pour les besoins des hôpitaux Arbres liés à l'histoire humaine, arbre sacré, arbre de la liberté, il est planté depuis le moyen âge en France dans les villages et rues	(Bridonneau, 2012 ; Arbre & Paysage 32, [sans date] ; Caspar et al., 2005)

Autre	Espèce qui se ressèment rarement, cultivé et rarement subspontané Néophyte: arrivé en Europe après la découverte des Amériques (après 1500)	(PIFH, 2019 ; Gygax et al., 2018 ; Infoflora, 2019)
--------------	--	---

Synthèse et hypothèses : Les espèces du taxon *Tilia* se trouve plutôt sur sol frais, à pH variable mais globalement neutre, majoritairement sur limons voire argiles. On le retrouve souvent dans des lieux ombragés de l'étage collinéen. *Tilia tomentosa* est l'espèce résistant le plus aux climats secs. Les espèces du genre *Tilia* sont connues pour leurs vertus médicinales et se retrouvent souvent dans les lieux publics.

L'humidité du sol (lié aux précipitations et au milieu : forêt ou prairie *etc.*) peut être un facteur d'extinction de ce taxon. Les **précipitations** influencent positivement la colonisation de *Tilia*. La composition du sol joue aussi un rôle sur la dynamique de *Tilia*, le **sable** a un effet positif sur l'extinction voire négatif sur la colonisation car ce taxon est peu présent sur des sols sableux. Espèce plutôt forestière ou au moins de milieux ombragés, on peut alors penser que **l'intensification de l'agriculture** aura une influence positive sur l'extinction. Les **températures** devraient avoir un effet positif sur l'extinction surtout en cas de températures trop chaudes. Taxon souvent planté à proximité des habitations, villages et lieux occupés par l'homme, la **densité de population** devrait donc avoir un impact positif sur la colonisation de ce taxon.

ULMUS

Ulmus glabra = *Ulmus campestris* = *Ulmus scabra*

		Sources
Conditions climatiques	Se développe de 100 à 1300 m d'altitude	(Rameau et al., 1989)
Conditions de sol	pH basique à neutre Sur argiles et limons Sur sols frais	(Julve, 2017 ; Landolt et al., 2010)
Utilisations	Bois difficile à travailler Utilisé traditionnellement en menuiserie pour la fabrication des outils agricoles, charbon léger, cordages, aujourd'hui plutôt ébenisterie, parquets, objets de luxe Feuillage utilisé pour le fourrage et taille souvent en arbre têtards	(PIFH, 2019)

Ulmus laevis

Conditions climatiques	Se retrouve en altitude jusqu'à 400m	
Conditions de sol	Sur sols riches en base et en azote pH neutre à acide, à texture limono-argileuse, Sur des substrats frais à moyennement humides	(Rameau et al., 1989 ; EUFORGEN, 2019 ; Julve, 2017)
Utilisations	Tolère une certaine rudéralisation de ses habitats et utilisé comme fourrage	(PIFH, 2019)
Autre	Espèce rarement subspontané et souvent planté	(Gygax et al., 2018)

Ulmus minor

Conditions climatiques	Se développe jusqu'à 1300m d'altitude	(Landolt et al., 2010 ;
-------------------------------	---------------------------------------	-------------------------

	Espèce se développant en pleine lumière et dans les lieux chauds de l'étage colinéen Tolérante aux stresses tels vent, sécheresse et dont la résilience est bonne	EUFORGEN, 2019)
Conditions de sol	Sur sols riches en base et azote à pH neutre à légèrement acide Texture argileuse à limoneuse Sur substrat frais à humide	(Rameau et al., 1989 ; PIFH, 2019 ; Julve, 2017)
Utilisations		
Autre	Espèces toutes postpionnières	
<i>Ulmus pumila</i>	Se développe en conditions lumineuses Capable de s'adapter à la sécheresse, aux hivers froids et aux sols sec	(EUFORGEN, 2019)
Conditions climatiques		
Conditions de sols	Préfère les sols fertiles et bien drainés	(EUFORGEN, 2019)
Utilisations		
Autre	Repousse à partir des racines ce qui le rend très compétitif voire envahissant dans certains pays	(EUFORGEN, 2019)

Synthèse et hypothèses : Les quatre espèces sont postpionnières et se développent dans des conditions lumineuses. Ces espèces se retrouvent jusqu'à 1300m d'altitude sauf pour *Ulmus laevis* qui ne dépasse pas 400m. Elles apprécient les sols riches en base et en azote à pH neutre à légèrement acide, sauf pour *Ulmus glabra* qui préfère des pH basique à neutre. Ces espèces se développent principalement sur des sols limono-argileux ou limoneux, argileux et frais. Le bois est difficile à travailler, utilisé traditionnellement en menuiserie pour des outils agricoles par exemple, ou encore en charbon ou des cordages. Il est aujourd'hui plutôt utilisé en ébénisterie, pour des parquets ou des objets de luxe. Les ormes étaient souvent taillés en arbres têtards et le feuillage est également utilisé comme fourrage. Les **températures** ont une influence positive sur la colonisation ou sur l'extinction en fonction de l'altitude. Le type de **sol** influe sur la dynamique de ces espèces, il a une influence négative sur la colonisation si il est trop sableux car les espèces de ce taxon se développent surtout sur substrat argileux et limoneux. La **densité de population** peut avoir un effet positif sur la colonisation de par son utilisation agricole (arbre têtard en particulier) ou ou plantations ou négatif en cas de coupe pour le charbon ou le bois. La réalisation de coupe du fait de **l'intensification de l'agriculture** peut aussi avoir un effet positif sur la colonisation du taxon qui aura alors plus de lumière.

PLANTAGO

Plantago lanceolata

Sources

Conditions climatiques/milieu Se retrouve en prairies nitrophile et cultures ou friches (PIFH, 2019)

Conditions de sol Sur sol limoneux à pH plutôt neutre (Julve, 2017)

Indicateur Indicatrice d'un bon équilibre eau/matière organique et d'une bonne activité microbienne aérobie : plante des bonnes prairies de pâturage (Richard, Gery, 1993)

Plantago media

Conditions climatiques/milieu Pelouses pâturées, prairies de fauche, pelouses d'altitude lumineuses (Landolt et al., 2010 ; PIFH, 2019)

Conditions de sol Sur sol neutre à basique
Texture limoneuse et pauvre en matière organique (Julve, 2017)

Indicateur Compactage du sol et piétinement des prairies par le bétail ou d'un travail du sol
Sol au pH élevé provoquant le blocage du phosphore et du potassium (Ducarf, 2007)

Autre Différentes espèces au sein du taxon sont indicatrices d'usage des sols distincts (Iversen, 1949 ; Fægri et al., 1989)

Synthèse et hypothèses : La **densité de population** a une influence positive sur la colonisation de ce taxon puisqu'il est indicateur d'activité humaines. La teneur en **sable** du sol devrait avoir une influence négative sur la colonisation des espèces de ce taxon car elles sont favorisées par des substrats limoneux voire argileux à pH neutre à basique. Ces espèces sont indicatrices de cultures ou d'un travail du sol on peut alors penser que **l'intensification de l'agriculture** a une influence positive sur la colonisation de ce taxon.

RUMEX

Rumex acetosa

Sources

Conditions climatiques/milieu Optimum dans les prairies fauchées (ou à défaut pâturées) et lieux incultes (PIFH, 2019)

Conditions de sol Présente sur sols frais, à pH neutre à acide
Sur sol plutôt limoneux, riche en nutriments (Julve, 2017 ; Landolt et al., 2010)

Indicateur Sol riche et humide
Favorisé par les pâturages (Ducarf, 2007)

Rumex acetosella

Conditions climatiques/milieu

Conditions de sol

Indicateur Bon indicateur de culture et particulièrement des céréales d'hiver (Behre, 1981)

Autre

Synthèse et hypothèses : Espèces présentes jusqu'à 1500/1600m d'altitude. Plantes indicatrices d'un terrain compact, de présence d'eau et de nitrite en excès. Plutôt sur sols neutre à acides. Ces espèces sont peu utilisées par l'Homme.

Taxon présent sur les zones de reposoir et dont la colonisation pourrait être influencée positivement par la **densité de population** et en particulier les pratiques d'élevage. Le **sol** est aussi un facteur important dans la colonisation de ce taxon, en effet, un sol acide semble influencer positivement la colonisation. L'impact de la température est négatif sur la colonisation si il fait froid puisqu'elles ne se développent pas au-dessus de 1600 m d'altitude. Les **précipitations** joue un rôle positif dans la colonisation de ce taxon car les espèces recherchent un sol frais à humide.

ARTEMISIA

Artemisia alba

		<i>Sources</i>
Conditions climatiques	Se développe de 100 à 1900m d'altitude Climat chaud et sec (thermophile) Pelouse sèche, pierreuse, végétal post-pionnier de milieu ouvert A besoin de beaucoup de lumière, d'une température élevée	(Lombard, Bajon, 2000a)
Conditions de sol	Calcicole pH basique Se développe plutôt sur limons	(Julve, 2017)

Utilisations

Artemisia campestris

Conditions climatiques/milieu	Se trouve jusqu'à 1800 m d'altitude Lumière Températures chaudes	
Conditions de sol	Apprécie les substrats sableux et fins, arènes gréseuses et rochers pH basique	(Julve, 2017)

Utilisations

Autre	En déclin à cause de la fermeture des milieux et artificialisation des sols	(Lombard, Bajon, 2000b)
--------------	---	-------------------------

Artemisia genipi

Conditions climatiques	Dans les moraines récentes avec peu de végétation, éboulis, rochers Milieu lumineux Altitude nivale à alpine	(Gygax et al., 2018)
Conditions de sol	pH acide à neutre Sol pauvre et humide	(Landolt et al., 2010).
Utilisations	Forte pression de cueillette pour fabrication de liqueur	(PIFH, 2019)

Artemisia mutellina = Artemisia umbelliformis

Conditions climatiques	Eboulis, moraine, rochers Milieu lumineux Altitude nivale à alpine	(Gygax et al., 2018 ; Landolt et al., 2010)
Conditions de sol	Parois calcaire ou acide de montagne Sols humides et pauvres	(PIFH, 2019)

Utilisations

Artemisia herba-alba

Conditions climatiques	Milieus lumineux Température mésoméditerranéenne	
Conditions de sol	pH basique, perxérophile Texture argile/limon	(Julve, 2017)

Utilisations

Artemisia norvegica

Conditions climatiques	Se trouve en Norvège, Ecosse et monts Oural, pousse sur sols rochers, protégé du vent Tend à disparaître car à besoin de température fraîches et se développe déjà au sommet des massifs montagneux, ne peut migrer plus haut Températures fraîches Précipitations importantes	(Mc Haffie, 2012 ; Calflora, 2019)
Conditions de sol	pH de 5,2 à 7,2	(Calflora, 2019)

Utilisations

Artemisia vulgaris

Conditions climatiques	Milieus rudéraux (friches, bord de routes, décombres, carrières, chemins et gravières) Climat moyennement sec de l'étage collinéen Milieu plutôt lumineux	(Gygax et al., 2018 ; Landolt et al., 2010)
Conditions de sol	Sols riches en minéraux pH légèrement acide à neutre, Texture limoneuse	(PIFH, 2019 ; Julve, 2017)

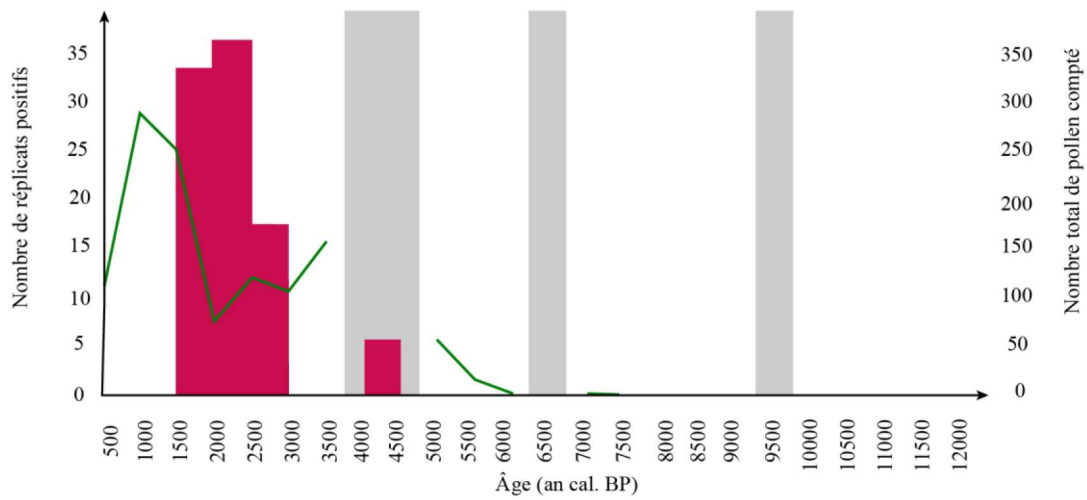
Utilisations

Synthèse et hypothèses : Le taxon *Artemisia* a besoin de lumière. Les espèces recherchent en majorité des sols limoneux à sableux, au pH basique. Le climat optimal est chaud et le sol rocheux (éboulis, moraines). *Artemisia norvegica* demande des températures plus fraîches et des précipitations importantes. Tandis qu'*Artemisia vulgaris* est présente dans les milieux rudéraux et les sols acides à neutre riches en minéraux.

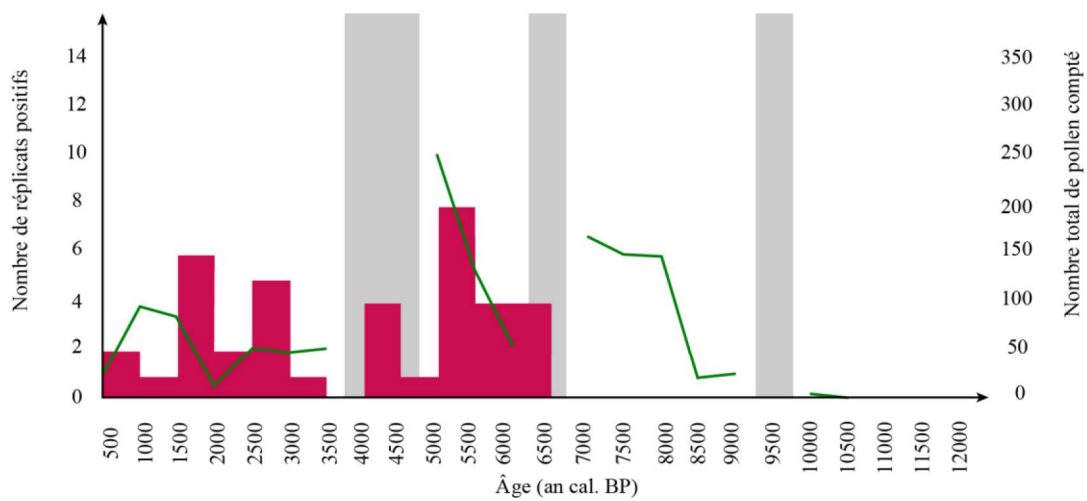
La teneur en **sable** a une influence positive sur la colonisation. Les **précipitations** influent positivement la colonisation des espèces de ce taxon. La **densité de population** est positive pour la colonisation de ce taxon car les activités humaines de pastoralisme ou déforestation permettent une ouverture du milieu propice au développement de ces espèces.

ANNEXE L : Comparaison des données ADN et pollen pour chaque taxon.

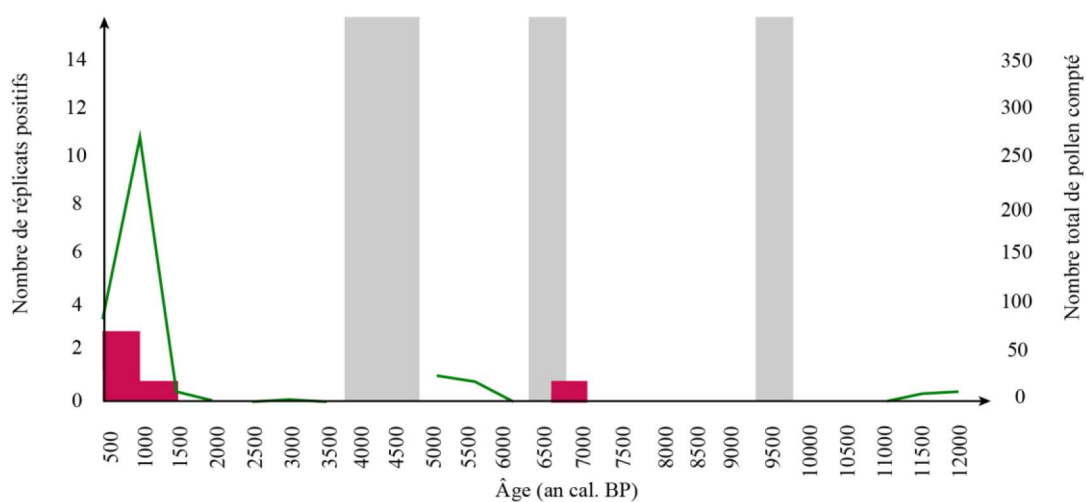
Pollens et ADN de *Fagus* enregistrés au lac de La Thuile



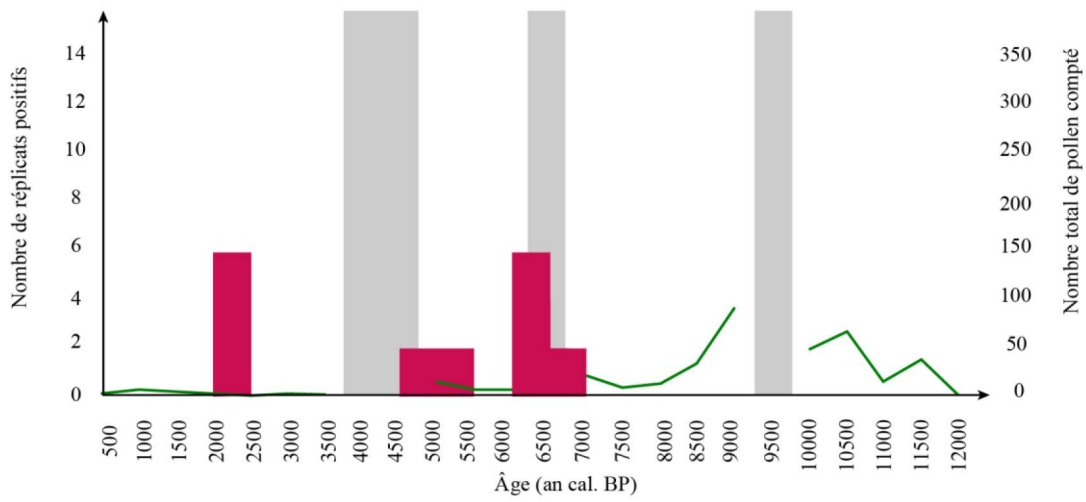
Pollens et ADN d'*Abies* enregistrés au lac de La Thuile



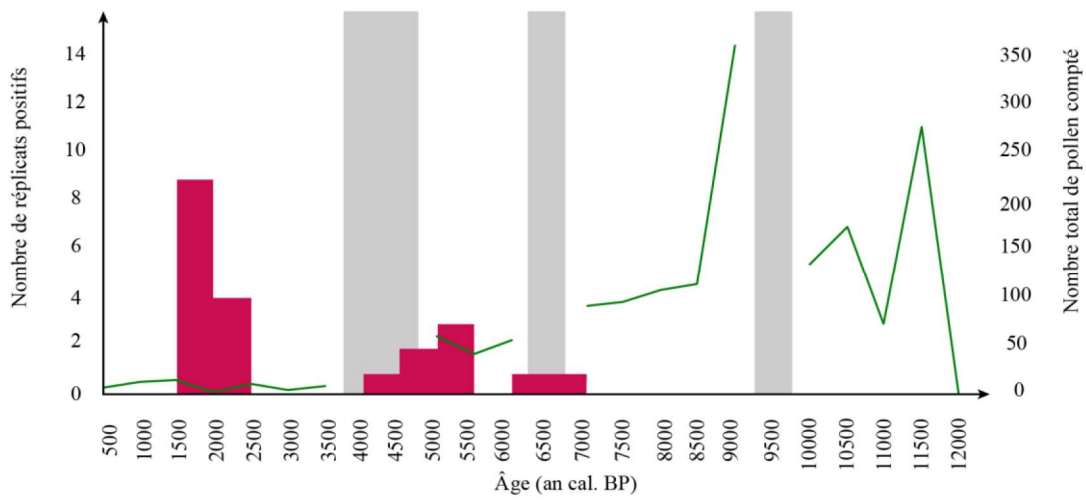
Pollens et ADN de *Juniperus* enregistrés au lac de La Thuile



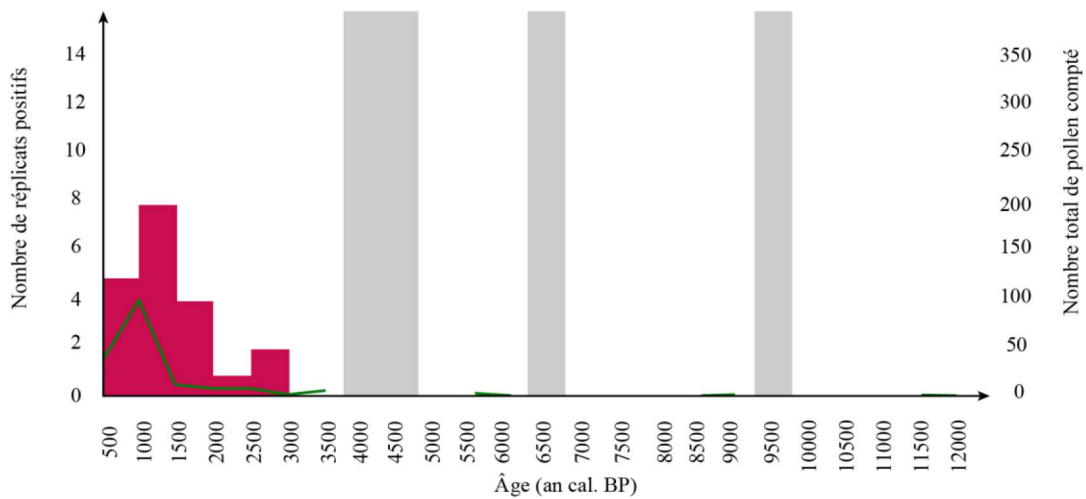
Pollens et ADN de *Tilia* enregistrés au lac de La Thuile



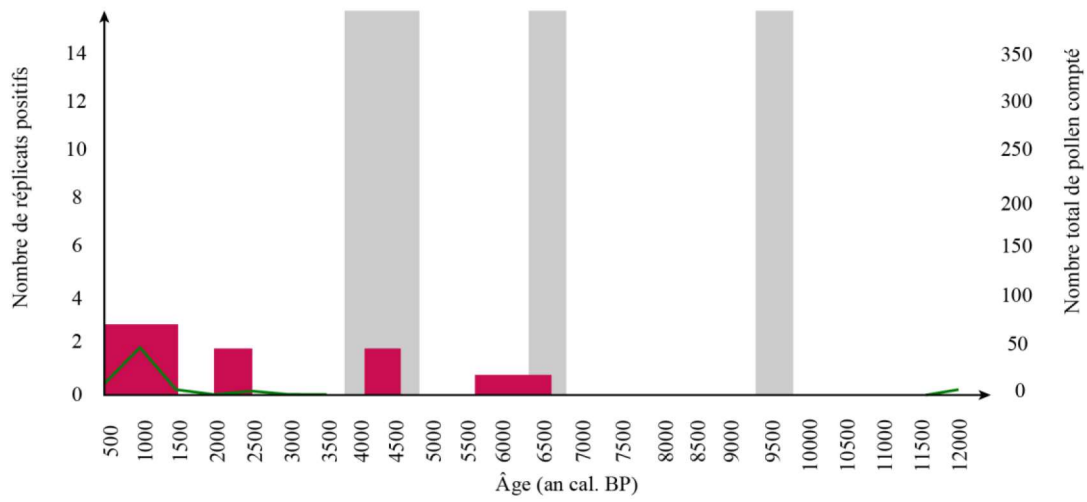
Pollens et ADN d'*Ulmus* enregistrés au lac de La Thuile



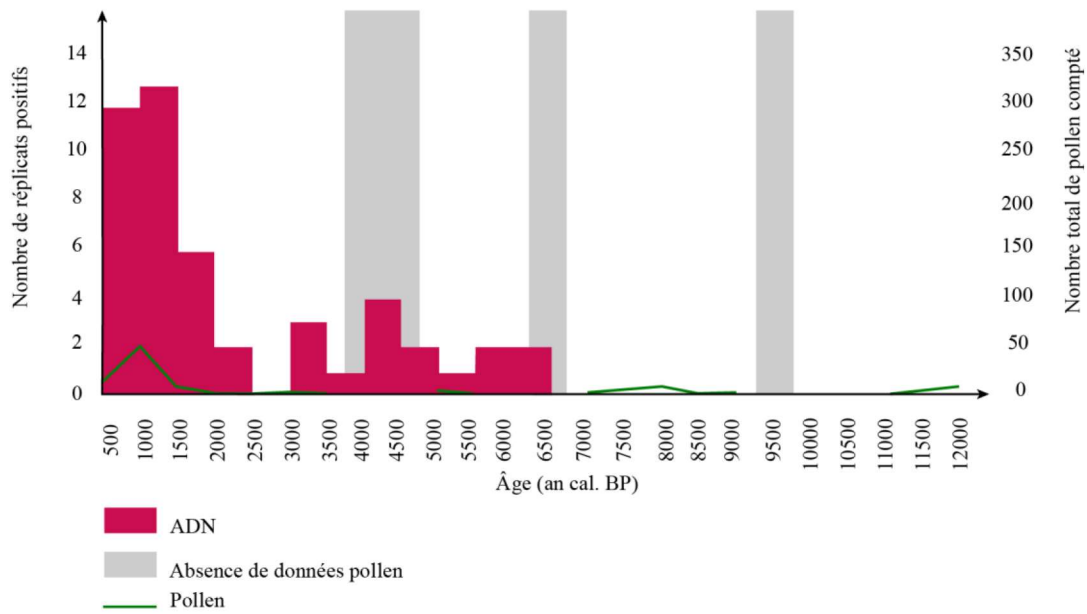
Pollens et ADN de *Plantago* enregistrés au lac de La Thuile



Pollens et ADN de *Rumex* enregistrés au lac de La Thuile



Pollens et ADN d'*Artemisia* enregistrés au lac de La Thuile



- ADN
- Absence de données pollen
- Pollen