

## Utilisation de logiciels en biologie de la conservation

Stéphane Legendre

---

### Citer ce document / Cite this document :

Legendre Stéphane. Utilisation de logiciels en biologie de la conservation . In: Revue d'Écologie. Supplément n°7, 2000. pp. 123-125;

doi : <https://doi.org/10.3406/revec.2000.6297>;

[https://www.persee.fr/doc/revec\\_1168-3651\\_2000\\_sup\\_55\\_7\\_6297](https://www.persee.fr/doc/revec_1168-3651_2000_sup_55_7_6297);

---

Fichier pdf généré le 20/04/2024

## UTILISATION DE LOGICIELS EN BIOLOGIE DE LA CONSERVATION

Stéphane LEGENDRE\*

Les modèles démographiques permettent de faire des prédictions pour la gestion et la conservation des populations (effectifs, paramètres sensibles, probabilité d'extinction). L'étude de ces modèles nécessite en général d'avoir recours à l'ordinateur. Pour cela, il est possible de développer ses propres programmes, ou d'utiliser des logiciels généraux comme Mathematica ou Matlab. Cependant, pour le gestionnaire ou le biologiste, des logiciels spécifiques sont mieux adaptés. Tous les logiciels de dynamique des populations sont basés sur le modèle du cycle de vie, qui synthétise la vie d'un organisme en stades (jeune, adulte) et paramètres démographiques (survie, fécondité). Divers facteurs affectant le devenir des populations peuvent être pris en compte. Ainsi, les paramètres démographiques sont régulés par les relations compétitives entre les individus (densité-dépendance), ou altérés par les fluctuations aléatoires de l'environnement (stochasticité environnementale). Pour les petites populations, d'autres facteurs interviennent : la stochasticité démographique, qui tient à la réalisation aléatoire des destins individuels, et la dépression de consanguinité, qui vient de l'accumulation des mutations défavorables.

Les logiciels populationnels sont de deux types. Dans les logiciels 'matriciels', le cycle de vie est représenté par une matrice (Caswell, 1989), ce qui donne accès à des quantités démographiques importantes (taux de croissance, distribution stable des âges, sensibilités). Dans les logiciels 'individu-centrés', chaque individu est simulé explicitement, ce qui est mieux adapté aux petites populations et à la prise en compte des aspects génétiques. Les modèles où intervient le hasard sont étudiés par simulation de Monte Carlo : un grand nombre de trajectoires sont calculées, et des statistiques sont faites sur cet ensemble de trajectoires, permettant par exemple d'estimer la probabilité d'extinction.

La question de la validité des résultats fournis par les logiciels se pose. À titre d'exemple, plusieurs logiciels des deux types sont comparés sur un modèle réaliste (Grizzly, Tab. I). Les résultats sont globalement cohérents, mais des différences non négligeables apparaissent. Ces différences ont deux raisons principales. La première est que chaque logiciel a ses spécificités, qui conduisent à des descriptions différentes d'un même modèle. Par exemple, le taux de croissance intrinsèque de la population varie selon les logiciels, ce qui affecte la probabilité d'extinction. La deuxième raison est inhérente aux modèles démographiques. Des

---

\* Laboratoire d'Écologie, CNRS UMR 7625, École normale supérieure, 46, rue d'Ulm, 75230 Paris cedex 05. E-mail : legendre@ens.fr.

TABLEAU I

Résultats de divers logiciels populationnels pour un modèle du Grizzly intégrant stochasticité démographique et stochasticité environnementale. Les simulations de Monte Carlo (500 trajectoires sur 48 ans) donnent des prédictions pour une population en croissance (taux de croissance  $\lambda = 1,02$ ) et une population en décroissance ( $\lambda = 0,93$ ), avec un effectif initial de 125 mâles et 125 femelles : taille moyenne de population, probabilité d'extinction (probabilité qu'il ne reste que 0 ou 1 individu), et probabilité de quasi-extinction (probabilité qu'il reste moins de 100 individus).  
D'après Mills et al. (1996).

Population	INMAT <sup>a</sup>	RAMAS <sup>a</sup>	VORTEX <sup>b</sup>	GAPPS <sup>b</sup>	ULM <sup>a</sup>
<i>croissante</i>					
taille moyenne (ES) <sup>c</sup>	907,7 (72,1)	845,9 (54,1)	1 832,9 (44,0)	—	365,7 (22,9)
proba d'ext.	0,008	0,02	0	—	0,03
proba < 100	0,40	0,35	—	—	0,34
<i>décroissante</i>					
taille moyenne (ES) <sup>c</sup>	32,0 (2,3)	34,9 (2,6)	13,7 (0,4)	4,8 (0,3)	6,3 (0,6)
proba d'ext.	0,13	0,31	0,26	0,74	0,58
proba < 100	0,95	0,96	—	1,0	1,0

<sup>a</sup> logiciels matriciels, <sup>b</sup> logiciels individu-centrés ; <sup>c</sup> ES = erreur standard.

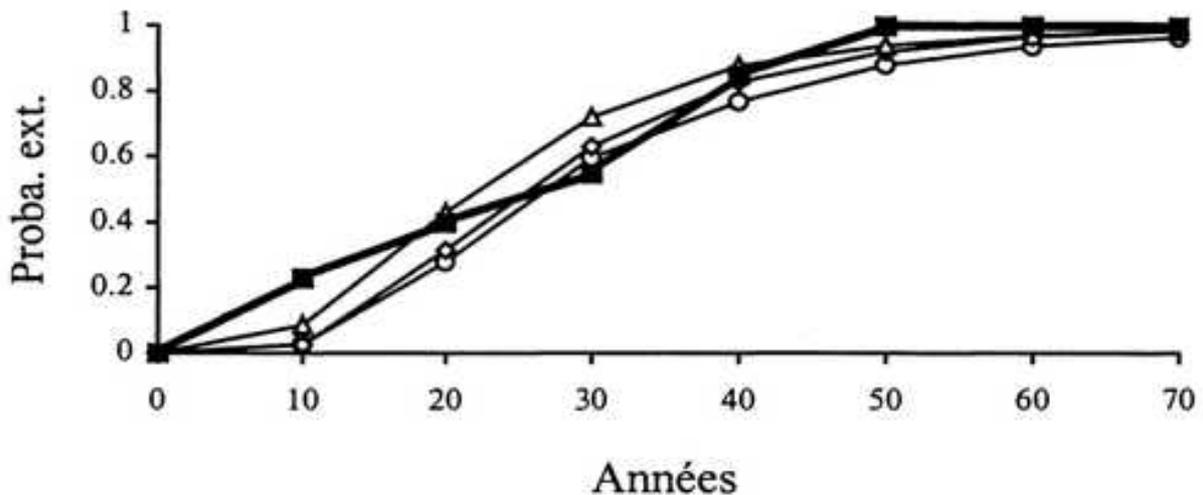


Figure 1. — Modèle démographique du Mouflon des Rocheuses étudié avec le logiciel ULM. Probabilités d'extinction au cours du temps pour un effectif initial de 10 individus, 2 mâles et 8 femelles adultes (traits fins), avec plusieurs facteurs cumulés : stochasticité démographique (ronds), dépression de consanguinité (losanges), et stochasticité environnementale (triangles). Probabilités d'extinction observées pour un effectif initial de moins de 15 individus (trait épais), d'après Berger (1990).

fluctuations même faibles de certains paramètres ont une forte incidence sur la dynamique, conduisant à une grande disparité des trajectoires. De plus, ces paramètres sensibles — par exemple la survie juvénile chez des espèces non longévives comme les passereaux — sont souvent les plus mal connus. Il faut donc interpréter les résultats des simulations en ayant conscience de leurs limites.

D'un autre côté, les modèles permettent d'extraire des informations pertinentes, voire imprévues, des observations, et celles-ci permettent en retour de valider les modèles. Concernant les extinctions, les jeux de données suffisamment complets pour être confrontés à des résultats de simulation sont rares. En effet les extinctions sont de nature probabiliste, le nombre de trajectoires observées est faible et certains traits d'histoire de vie sont mal connus. Nous donnons ici un exemple pour le Mouflon des Rocheuses. Pour cette espèce polygyne menacée d'extinction, les cycles de vie mâle et femelle diffèrent. Un modèle à deux sexes a été construit à partir de données publiées, et étudié avec le logiciel ULM (Ferrière *et al.*, 1996) en intégrant divers facteurs (Fig. 1). De telles études mettent en avant des déterminants importants de la persistance des petites populations comme le temps de génération, le système d'appariement, ou les aspects génétiques.

La modélisation et les simulations sur ordinateur sont un complément indispensable de l'observation, pour le gestionnaire comme pour le biologiste. La modélisation requiert des connaissances théoriques. Cependant, l'expérience montre que l'intuition biologique est le principal atout, et qu'il est possible de développer rapidement des modèles pertinents et utiles.

## RÉFÉRENCES

- BERGER, J. (1990). — Persistence of different-sized populations : an empirical assessment of rapid extinction in bighorn sheep. *Conservation Biology*, 4 : 91-98.
- CASWELL, H. (1989). — *Matrix population models*. Sinauer, Sunderland, Mass.
- FERRIÈRE, R., SARRAZIN, F., LEGENDRE, S. & BARON, J.-P. (1996). — Matrix population models applied to viability analysis and conservation : Theory and practice using the ULM software. *Acta Oecologica*, 17 : 629-656.
- MILLS, L.S., HAYES, S.G., BALDWIN, C., WISDOM, M.J., CIITA, J., MATTSON, D.J. & MURPHY, K. (1996). — Factors leading to different viability predictions for a Grizzly bear data set. *Conservation Biology*, 10 : 863-873.