

Fonds commun INRA/CIRAD
année 2001 - Projet n°25

**Une approche intégrée de la dynamique forestière :
reproduction et dispersion, croissance et compétition.**
— modélisation mathématique, simulation informatique, évaluation —

Philippe Dreyfus*

Les travaux ont consisté en :

- l'élaboration d'un modèle démo-génétique, théorique et général, inspiré des modèles ou relations (mis au point par le partenaires) portant sur les flux de gènes et sur la dynamique forestière, et prenant ainsi en compte simultanément les processus de reproduction en lien avec la phénologie, de production et dispersion des graines et du pollen, de régénération ou recrutement, de croissance, compétition et mortalité ;
- l'implémentation informatique d'un tel modèle et l'intégration des relations disponibles pour un panel varié de situations forestières ;
- la simulation en vue de tester les modèles et de comparer divers modes de gestion forestière pour déboucher à terme sur des indicateurs.
- l'acquisition de données nouvelles en vue d'évaluer et d'améliorer les modèles.

Situations forestières concernées	Espèces étudiées
Forêt dense tropicale humide en constante évolution, soumise à l'exploitation pour le bois d'œuvre (Guyane française)	Angélique (<i>Dicorynia guianensis</i>) Wacapou (<i>Vouacapoua americana</i>)
Parcs agro-forestiers intégrés dans le cycle [champ - jachère - forêt reconstituée] (Mali)	Karité (<i>Vitellaria paradoxa</i>)
Évolution de plantations monospécifiques vers des forêts mélangées (Mont-Ventoux)	Sapin pectiné (<i>Abies alba</i>)
Peuplement mono-spécifique en expansion (Luberon)	Cèdre de l'Atlas (<i>Cedrus atlantica</i>)

Analyse scientifique - Outil informatique

Partie commune avec le projet BRG. À partir de la plate-forme Capsis (<http://capsis.free.fr>, en langage Java, structure modulaire autour d'un noyau ...) intégrant divers modèles de croissance et de dynamique forestière, a été élaboré un outil évolutif et pérenne, offrant de bonnes garanties aux équipes de recherche (ouverture et développement partagé à bénéfices réciproques) et aux utilisateurs.

* INRA, Unité de recherches forestières méditerranéennes, avenue Vivaldi, 84000 Avignon

Projet mené par l'INRA Avignon (Unité de Recherches Forestières Méditerranéennes) et le Cirad-Forêt Montpellier (Programme Forêts Naturelles, équipe « Étude et modélisation de la dynamique forestière » et Programme Arbres et Plantations, équipe « Évaluation, conservation et valorisation des ressources génétiques ») autour du couplage de modèles de dynamique forestière et de modèles de flux de gènes (en parallèle avec une étude cofinancée par le Bureau des Ressources Génétiques).

Contact : Philippe Dreyfus, INRA, dreyfus@avignon.inra.fr

L'ensemble des processus du modèle démogénétique général ont été intégrés : enrichissement des structures de données, mise au point de nouvelles fonctionnalités génériques, adaptation des interfaces.

Simulations

Des simulations réalisées selon un plan pré-déterminé ont permis (i) de tester le fonctionnement des modèles résultant du couplage démogénétique pour les modèles biologiques sélectionnés, et leur sensibilité pour certains processus, (ii) d'explorer l'effet de divers modes de gestion sylvicole (réels et alternatifs) sur la structuration et l'évolution des ressources génétiques.

Outre leur intérêt pour tester le fonctionnement des modèles résultant du couplage démogénétique et pour détecter les processus qui nécessitent en priorité des améliorations, cette étude ouvre de larges perspectives pour la mise au point d'indicateurs de l'effet de la gestion sur les ressources génétiques ; quelques indications peuvent d'ores et déjà en être déduites (effet de la gestion sur l'évolution démographique et l'érosion génétique par perte d'allèles rares).

Évaluation – Complément et Amélioration des modèles

Les simulations ont montré que la validation d'orientations de gestion adaptées avec précision à différentes situations nécessite l'amélioration de composantes des modèles pour certaines espèces : croissance et survie pour les stades de régénération des structures mélangées et multi-strates, dispersion efficace (semis recrutés résultant de la dispersion des graines, des conditions d'accueil du milieu, de la compétition, etc.), dispersion du pollen, mortalité naturelle à divers stades.

Certaines relations constitutives des modèles étant manquantes ou trop simplistes, l'acquisition de données nouvelles a le plus souvent eu pour but de les établir ou de les consolider, plutôt que les valider. Soit la relation a pu être établie/améliorée à partir de nouvelles données dans le cadre de ce projet, soit la calibration requiert des données qui ne peuvent être obtenues qu'à l'issue d'un suivi et les opérations réalisées ici ont consisté à mettre en place des dispositifs qui donneront les informations recherchées d'ici quelques années.

Diffusion des résultats

Un article général (titre : « Couplage de modèles de flux de gènes et de modèles de dynamique forestière ») a été rédigé et proposé pour publication. D'autres articles (scientifiques ou de vulgarisation) portant sur telle ou telle situation forestière sont envisagés.

Les modèles améliorés ou mis au point sont disponibles au sein de modules informatiques de la plate-forme de simulation Capsis.

Rapprochement INRA-CIRAD : analyse

Le couplage (théorique et informatique) de modèles démographiques et de modèles de flux de gènes, puis l'application aux situations forestières citées plus haut ont impliqué conjointement les partenaires INRA et CIRAD. Ce schéma de fonctionnement en commun s'est poursuivi au-delà du projet (thèse sur le Sapelli, en cours au Cirad-Forêt).

À partir de contextes forestiers bien différents et sur des échelles de temps également très différentes, ce projet a permis de développer entre nos équipes des discussions de fond sur la prise en compte simultanée de la dynamique démographique et de la dynamique des gènes. Des contacts, jusqu'alors épisodiques et ponctuels, ont été réactivés à propos des méthodes de modélisation des processus (recrutement, croissance, mortalité) en forêts mélangées.

Perspectives et conclusions

Les collaborations initiées ou renforcées entre nos deux unités ont permis des « économies » notamment via le développement et la mise en commun d'un outil de simulation comportant des fonctionnalités génériques dont l'utilisation est déclinée pour chacun des modèles biologiques étudiés par les uns ou les autres.

Nous comptons poursuivre notre collaboration sur tout un ensemble de questions méthodologiques, scientifiques et techniques communes, même si le plein essor d'une telle collaboration reste limité par la surcharge des équipes impliquées, surcharge qui ne peut pas être palliée intégralement par ce travail en commun.