

Alexis
Bonnet

Stage de fin de master 2020-2021
Master Parcours BEE



Estimation de la biomasse des arbres par LiDAR dans un système agroforestier



Source : photo personnelle / *Juglans regia* × *J. nigra*

SOMMAIRE

Remerciements:.....	4
Liste des figures.....	5
I. Introduction.....	8
Contexte général.....	8
Contexte du stage.....	11
Le CIRAD.....	11
Département Bios.....	12
UMR AMAP.....	13
II. Matériels et méthodes.....	14
Site.....	14
Matériel végétal.....	14
Méthode de description des branches.....	14
Format MTG.....	16
Méthode indirecte LIDAR.....	17
LIDAR.....	17
Acquisition LiDAR.....	19
Reconstruction à partir de nuages de points.....	21
Estimation des diamètres.....	25
Challenge.....	25
Pipe-Model.....	26
Stat. model.....	26
Méthode directe: mesure manuelle destructive.....	27
Correspondance entre les méthodes.....	29
Programmation et modèle.....	30
III. Résultats.....	31

Étape 1 : Vérification de l'intégrité des mesures manuelles	31
Étape 2 : évaluation des longueurs estimées par méthode indirecte	32
Étape 3 : vérification de l'estimation de la longueur à partir du LiDAR.....	33
Étape 4 : estimation du volume des branches et de la biomasse	34
Echelle branche	34
Echelle des axes.....	36
IV. Discussion	40
V. Conclusion	44
Bibliographie	46
Annexes	48

Remerciements:

Je tiens à remercier toutes les personnes qui ont contribué à la réalisation de mon stage et qui m'ont aidé lors de la rédaction de ce rapport de recherche.

Je voudrais dans un premier temps remercier mon maître de stage, Rémi Vézy, chercheur au Cirad de Montpellier, pour sa bienveillance et sa pédagogie face à un sujet assez complexe. Il a su m'impliquer dans ce projet en me faisant confiance sur beaucoup d'étapes, et sa positivité m'a fait passer un très bon stage au sein du Cirad.

Merci également à Jean Duzat pour ses conseils et son analyse, malgré son départ à la retraite anticipée au cours de mon stage.

Je voudrais naturellement remercier toutes l'équipe d'AMAP, Chantal GENIEZ, Quentin LE BLAYE, Sophie NOURISSIER-MOUNTOU, Stéphane FOURTIER et surtout Merlin RAMEL, pour leur aide précieuse sur le terrain mais également pour les mesures et les modélisations des données.

Je remercie également toute l'équipe pédagogique et les intervenants professionnels responsables de ma formation de l'université Champollion d'Albi et de Paul Sabatier à Toulouse pour avoir assuré la partie théorique de celle-ci.

Bien sûr je remercie Mathilde Millan, même si nous n'avons pas eu l'occasion de nous rencontrer, pour son travail sur le projet et ses comptes rendus réalisées qui m'ont beaucoup aidé à démarrer mon stage et à poursuivre le sien.

Enfin je remercie Sabine Giron, ainsi que Flavie Brochier et encore une fois Rémi Vézy, pour les nombreuses corrections et relectures apportées à ce rapport de recherche, sans qui il serait sûrement encore rempli de fautes et de mauvaises tournures de phrases.

Liste des figures

Figure 1: Schéma d'une branche simple(A), Représentation des nœuds sur une branche(B), Représentation des segments sur une branche(C), Représentation des axes sur une branche(D).....	15
Figure 2 : Données topologiques d'une branche mesurée sur le terrain au format MTG (Excel). Les cases jaunes notées +A1, +A2 etc. correspondent aux différents ordres d'axes auxquels sont associés des segments. Les segments sont notés ^/S1 ou ^<S2 etc. Leurs chiffres correspondent à leurs positions sur leur Axe, S1 étant le premier segment sur un axe donné.....	17
Figure 3 : Le LiDAR Riegl VZ-400 (gauche) et la représentation de son fonctionnement (droite).....	18
Figure 4: Bout de branche bien scannée avec le LiDARdar, les volumes sont bien définies(A), et un bout de branche mal scanné par plantscan3D, la reconstruction et le calcul de la biomasse seront plus difficile(B)	19
Figure 5: Scans LiDAR effectués sur la zone. Chaque petit carré avec deux barres représentent deux scans effectués, l'un à la verticale et l'autre à l'horizontale, au même endroit.	20
Figure 6: Vue du dessus des résultats d'un scan LiDAR. Chaque point est issu d'un tir laser intercepté par un objet et re-capté par le LiDAR. La zone sombre au centre de l'image correspond à la zone d'angle mort du scanner. Une zone équivalente se retrouve à la verticale au-dessus du LiDAR.	21
Figure 7: Traitement des scans bruts sur CloudCompare, de la scène entière à la branche isolée.....	21
Figure 8: Modélisation d'une branche sur plantscan3D, les points sont d'abord importés (A), puis le squelette reconstruit et caractérisé par les petites sphères reliées entre elles, appelées nœuds (B), ensuite une enveloppe (orange) est créée grâce aux rayons estimés	23
Figure 9: Rayon estimé par plantscan3D (cercle blanc autour des nœuds). Les rayons sont calculés à partir des points LiDAR situés à proximité du nœud.....	24
Figure 10: Correction effectuée sur le MTG brut(A), afin d'obtenir une version corrigée(B)	24

Figure 11: Calcul du volume grâce à la poussée d'Archimède, nous immergeons nos échantillons dans l'eau et le volume d'eau déplacé est indiqué par la balance en gramme, correspondant à des cm³(A). Séchage des échantillons à l'étuve à 100° pendant au moins 4 jours 29

Figure 12: Correspondance des A2 identifiés (ID) entre le MTG issus de la méthode indirecte (A) et celui de la méthode directe (B). L'axe 2 numéroté 0 sur un MTG sera numéroté également 0 sur le MTG obtenu avec l'autre méthode..... 30

Figure 13: Biomasse fraîche mesurée à l'aide de la balance pour tous les A1 seuls, mais aussi les axes 2 avec leurs ramifications (x) en fonction de la biomasse recalculée à partir de la densité fraîche moyenne et du volume calculé depuis les dimensions mesurées de façon directe (y). Chaque point est un axe. La biomasse de l'axe du premier ordre est définie comme la somme de la biomasse de ses segments, à l'exclusion de l'axe d'ordre supérieur, et la biomasse de l'axe du second ordre est définie comme la somme de tous les segments qu'elle porte. RMSE : 106,42 g, nRMSE : 0,01, EF : 0,99 31

Figure 14: Comparaison entre longueurs cumulées de chaque branches prédites grâce aux MTG LiDAR corrigés et non corrigées (y) en fonction des longueurs cumulées mesuré sur le terrain de chaque branche (x). Chaque point est une branche. 32

Figure 15:Longueur calculé par plantscan3D corrigé des A2 identifiés(ID) de chaque branche(y) en fonctions des longueurs des A2 mesurés sur le terrain (x). Chaque point représente un axe 2 avec tous les segments qu'il porte. RMSE :0.367m, nRMSE :0.01 , EF : 0.99 nBias :0.0 33

Figure 16: Volume calculé par plantscan3D, le modèle stat et le pipe model pour les MTG corrigés et non corrigés de chaque branche (y) en fonction du volume mesuré manuellement sur le terrain (x). Chaque point représente une branche entière..... 35

Figure 17: Biomasse calculée par plantscan3D, le modèle stat et le pipe modèle pour les MTG corrigés et non corrigés de chaque branche (y) en fonction de la biomasse mesurée manuellement sur le terrain (x). Chaque point représente une branche entière. 36

Figure 18: Volumes mesurés avec le pipe modèle, le stat modèle et plantscan3D (y) en fonction des volumes réels mesurés des A2 identifiés (x). Chaque point représente un A2 identifié ainsi que tous les segments qu'il porte. 37

Figure 19: Biomasse fraîche mesurés avec le pipe modèle, le stat modèle et plantscan3D(y) en fonction des biomasses fraîches réelles mesurées des A2 identifiés (x). Chaque point représente un A2 identifié ainsi que tous les segments qu'il porte. 38

Figure 20: Biomasse fraîche mesuré avec le pipe modèle, le stat modèle et plantscan3D (y) en fonction des biomasses fraîches réelles mesurées des A2 identifiés cumulés pour chaque branche (x). Un point représente les A2 identifiés cumulés pour une branche. 39

Figure 21: Un exemple de surestimation de la longueur dans plantscan3D dans une structure de grand diamètre. 41

I. Introduction

Contexte général

Le bois est depuis toujours une matière première essentielle pour l'homme autant pour se chauffer que pour construire des bâtiments ou concevoir des objets.

Nous estimons que le bois est indispensable pour 2 milliards de personnes sur terre pour la cuisson des aliments et que 1,6 milliard de personnes dépendent de la forêt pour vivre (*Cardona Calle, 2017*). Le bois est aussi utilisé de façon industrielle car il est peu coûteux, facile à travailler, avec un coup énergétique de transformation très faible et il est de plus un matériau renouvelable.

Depuis l'apparition de l'homme sur terre ses besoins en bois n'ont cessé d'augmenter, mais au milieu des années 80 nous avons assisté à une stabilisation de la production mondiale autour de 3,2 à 3,4 milliards de m³ par an (*Ramage H, et al, 2017*).

La part du bois de combustion, peu efficace, est à peu près égale à la part de bois destiné à l'industrie, mais la répartition de ces deux utilisations est très inégale dans le monde. En effet, les pays du Nord utilisent majoritairement (plus de 75 %) le bois pour l'industrie tandis que les pays du Sud au contraire l'utilisent majoritairement comme bois de combustion (environ 75 %) (*Ramage H, et al, 2017*).

Il est toutefois à noter que la part du bois, dit industrialisé, est de plus en plus importante dans les pays du Sud, allant de pair avec leur industrialisation progressive ainsi que l'expansion des villes. La demande étant à peu près stable, la part de bois de combustion est quant à elle en diminution (*FAO, 2020a*).

En 2021 par exemple (*Trading view, 2021*), le prix du bois de construction a atteint des sommets devant une demande exceptionnellement forte. Nous pourrions dans cette optique assister à une augmentation de la production et donc de la déforestation.

Malgré la relative stabilisation de la demande en bois des décennies précédentes (hors année 2021), le monde fait face à un autre problème de taille. En effet, la majeure partie des ressources en bois dit « exotique » sont issues de forêts naturelles, non gérées en provenance d'Afrique, d'Amérique du Sud ou d'Asie. Les friches devenant alors des terres cultivables ou des pâturages qui ne remplissent plus leurs fonctions de puits de carbone ou de réservoirs de biodiversité.

La superficie forestière mondiale est estimée à 4,06 milliards d'hectares aujourd'hui soit environ 31 % des terres émergées de la planète. Entre 1990 et 2020, nous avons perdu l'équivalent de 178 millions d'hectares soit environ 6 millions chaque année. Toutefois malgré une déforestation très forte des forêts tropicales nous assistons à un ralentissement progressif de cette déforestation à l'échelle mondiale surtout dans les pays du Nord qui mettent en place des programmes de reboisement et de gestions de leurs forêts (FAO, 2020b).

L'Europe fait partie des bons élèves en matière de gestion des forêts avec un solde de reboisement positif chaque année (cf. graphique). Mais ce chiffre ne prend pas en compte les imports de bois en grande partie exotique issue des forêts tropicales.

Il y a donc deux enjeux majeurs à venir. Le premier étant de trouver de nouveaux moyens pour subvenir à la demande en bois tout en réduisant la part de la ressource issue de forêts naturelles afin de stopper la déforestation, mais sans réduire la production agricole pour garantir la sécurité alimentaire. Le deuxième enjeu est d'optimiser la ressource en bois pour éviter le gaspillage et les usages peu efficaces, et potentiellement permettre de réduire les émissions de gaz à effet de serre grâce à cette ressource durable. La Science s'efforce depuis des années de répondre aux problèmes liés au commerce du bois, en cherchant des solutions plus durables sans nuire aux acteurs et en impactant le moins possible la biodiversité.

L'une des solutions les plus prometteuses est l'agroforesterie, qui se base sur l'association d'arbres et de cultures ou d'élevage au sein d'une même parcelle. Par rapport à son équivalent en monoculture, l'agroforesterie permet de bénéficier des complémentarités de niches entre espèces pour obtenir une meilleure utilisation des ressources et un renforcement des services écosystémiques tels qu'une meilleure régulation du microclimat, une présence accrue d'insectes auxiliaires limitant l'attaque de ravageurs, une plus faible demande en nutriments et en pesticides, une augmentation de la biodiversité ainsi qu'une réduction de l'érosion des sols ou encore un plus fort stockage de carbone (Dubois, 2017).

L'avantage majeur de l'agroforesterie pour la production de bois est sans aucun doute d'espèce, si elle est bien étudiée, permet de maintenir la production agricole, voire de l'augmenter, et donc de produire plus de bois sans exercer de pression sur les surfaces agricoles.

Cependant, mettre en place un système agroforestier peut représenter un coût élevé lors de la plantation. L'investissement dans le système se fait généralement sur le long terme, tout au moins pour les essences sélectionnées pour le bois qui sont généralement récoltées après plusieurs décennies de croissance. La conduite agroforestière exige aussi généralement des tailles régulières pour le contrôle de l'ombrage ou de l'emprise des arbres. Les branches constituant ainsi une potentielle ressource mobilisable tout au long de la vie des arbres. Mais le bois issu de ces tailles est généralement sous-exploité car peu de débouchés permettent leur utilisation de façon rentable.

Ces dernières années, de nouveaux procédés ont permis de découvrir de nouvelles utilisations du bois, notamment dans le domaine des nouveaux matériaux ou de la chimie verte (*Flourat, 2020*).

Le projet « Agrobranche » vise justement à répondre à ces enjeux de valorisation du bois issu de la taille en système agroforesterie, notamment via les filières actuelles comme Bois Energie, Bois Raméal Fragmenté (BRF, mais aussi via ces nouvelles filières tel que les matériaux ou la chimie biosourcés, à caractère plus innovant (*Marchal et al., 2019*).

Le projet est financé par l'ADEME, l'Agence de la transition écologique. Il regroupe huit partenaires : la SCOOP AGROOF, le CIRA (BioWooEB, AMAP), l'école des Mines d'Alès, l'INRA (UMR SPO), la Chambre d'Agriculture de Bretagne, l'Université de Lorraine (LERMAB), et la société FRD (Fibres Recherche Développement).

L'atout principal d'Agrobranche est le souci de connecter les besoins des filières industrielles avec un produit agroforestier à fort potentiel de valeur ajoutée, non concurrent des productions agricoles.

C'est une étape importante pour répondre aux enjeux du projet afin d'être capable d'estimer la biomasse disponible par la taille dans un système agroforestier.

Diverses études ont montré l'intérêt du LiDAR terrestre (TLS) pour évaluer la biomasse des troncs et des branches charpentières (*Calders et al, 2015, Hackenberg et al, 2015*) grâce à la reconstruction des diamètres, des longueurs de ces structures qui permettent le calcul des volumes et in fine de la biomasse en utilisant la densité du bois.

Il est de manière générale admis que le LiDAR permet une estimation correcte pour les longueurs mais imprécise pour les petits diamètres. L'erreur de mesure induite ne permet donc pas d'évaluer avec suffisamment de précision la biomasse des branches plus fines qui représentent pourtant une part substantielle de la biomasse totale (*Ploton et al., 2016*). Cette difficulté d'estimation est d'autant plus contraignante considérant notre objectif d'évaluation de la biomasse exploitable par la taille.

Des travaux précédents ont été entrepris afin de mettre au point des méthodes de modélisation pour recalculer le diamètre des petites structures à partir de données fournies par le LiDAR et d'un jeu de données d'entraînement (*Millan, 2020*). Cependant cette méthode n'a ni été appliquée, ni évaluée sur des données LiDAR en conjonction avec des mesures directes.

L'objectif principal de ce stage est donc d'évaluer l'erreur d'estimation des volumes et de la biomasse par reconstruction issue de données LiDAR (ci-après dénommée méthode indirecte) en comparaison avec des mesures manuelles (ci-après dénommée méthode directe).

L'objectif principal se décline en sous objectifs :

- 1/ Évaluer la possibilité de calculer la biomasse d'une branche à partir de données dimensionnelles simples (longueurs et diamètres) et d'une densité de bois moyenne ;
- 2/ Comparer l'estimation des longueurs à l'échelle branche entre jeux de données corrigés et non corrigés afin d'évaluer l'impact de la correction manuelle (voir paragraphe « Reconstruction à partir de nuages de points »).
- 3/ Evaluer l'hypothèse d'estimation correcte des longueurs par la méthode indirecte.
- 4/ Evaluer les différents modèles pour l'estimation des volumes et des biomasses à l'échelle de la branche et des axes.

Contexte du stage

Le CIRAD

Le **C**entre de coopération **I**nternationale en **R**echerche **A**gronomique pour le **D**éveloppement (CIRAD), œuvre pour le développement durable des régions

tropicales et méditerranéennes. Son but est de penser une agriculture résiliente dans un monde plus durable et solidaire. Il mobilise la science, l'innovation et la formation afin d'atteindre les objectifs de développement durable.

Ses objectifs sont de protéger la biodiversité, d'accompagner la transition agroécologique, de penser à la durabilité des systèmes alimentaires, de veiller à la bonne santé des plantes, des animaux et des écosystèmes et enfin d'accompagner le développement durable des territoires ruraux et leur résilience face aux changements climatiques.

Créé en 1984, le CIRAD est placé sous la double tutelle du ministère de l'Enseignement supérieur, de la Recherche et de l'Innovation, et du ministère de l'Europe et des Affaires étrangères.

Présent sur tous les continents dans une cinquantaine de pays, le CIRAD s'appuie sur les compétences de ses 1 650 salariés, dont 1 140 scientifiques, ainsi que sur un réseau mondial d'environ 200 partenaires. Le CIRAD est organisé en 29 unités de recherche réparties au sein de trois départements scientifiques : environnements et sociétés (ES), performances des systèmes de production et de transformation tropicaux (Persyst), et systèmes biologiques (Bios), dans lequel j'ai été accueilli.

Département Bios

Le département scientifique Systèmes Biologiques mène des recherches sur le vivant, sa caractérisation et son exploitation. Il aborde la diversité, la biologie, le fonctionnement des organismes, des populations ainsi que les relations qu'ils entretiennent entre eux, avec leur milieu hors et sous pression anthropique.

Ces travaux s'effectuent à l'échelle du génome, de la cellule, de l'organisme et de la population. Ils reposent notamment sur les concepts et les outils de la génomique, de la physiologie, de la génétique, de la microbiologie, de l'épidémiologie, de l'entomologie et de l'écologie. Ils associent l'analyse, les statistiques et la modélisation pour mieux comprendre les systèmes biologiques.

Les thématiques abordées par les unités de recherche du département Bios incluent la diversité, l'amélioration, la sélection végétale, la santé des plantes et la santé animale, avec des approches intégrées et multidisciplinaires.

Plusieurs laboratoires de recherche sont impliqués dans le projet, dont l'unité mixte de recherche AMAP.

UMR AMAP

L'UMR AMAP, pour botanique et Modélisation de l'Architecture des Plantes et des végétations, a été mon unité d'accueil pour la durée de mon stage. Elle est une unité multidisciplinaire qui regroupe des chercheurs en botanique, agronomie, écologie, mathématiques appliquées, informatique et modélisation.

Ces disciplines et les recherches qui en découlent sont d'un enjeu scientifique et technique majeur pour l'agronomie et la foresterie moderne. Elle permet de concevoir des applications et des outils nouveaux pour identifier les plantes, conduire les cultures, les forêts, gérer l'environnement et aménager les espaces ruraux.

L'UMR AMAP développe et évalue des modèles d'analyse et de suivi des paramètres morphologiques, anatomiques et fonctionnels du développement architectural d'espèces végétales isolées ou en peuplement.

Ces grands thèmes de recherche concernent la systématique et la phylogénie de végétaux actuels et fossiles. D'une part, il s'agit de l'analyse, la modélisation et la simulation de l'organisation et d'autre part du fonctionnement des plantes et des peuplements végétaux.

Elle crée des logiciels, dont certains sont commercialisés, et diffuse ses résultats, ses connaissances, ses méthodes ou ses outils, auprès des chercheurs et des étudiants, qu'elle accueille et forme.

II. Matériels et méthodes

Site

Le site expérimental est une parcelle agroforestière à base de noyers hybrides *Juglans regia* × *J. nigra*, cultivée en maraîchage diversifié et biologique. Comprenant notamment de la culture de tomates, de salades, d'haricots verts... Cette parcelle est située sur les terres de Roumassouze (44°03'29.6"N 4°06'43.5"E), l'exploitation agricole de Denis et Virginie Florès, installée sur le domaine depuis 2010. Les arbres du site ont été plantés au carré en 1996 par l'INRAE avec un espacement de 10 mètres x 10 mètres, et sont exclusivement destinés à la production de bois.

Matériel végétal

Trois arbres d'une même rangée ont été sélectionnés pour la récolte de données. Deux branches sont étudiées pour chaque arbre. Une branche proche du sol et à port plagiotrope (i.e. horizontal) et une branche positionnée plus en hauteur dans la canopée, avec un port plus érigé. Chaque branche est identifiée par le numéro de l'arbre échantillonné ainsi que sa position dans l'arbre, notée « l » pour les branches basses (low en anglais), et « h » pour la branche haute (high). Par exemple, la branche basse de l'arbre 11 sera notée « tree11l ». Cette nomenclature est la convention choisie tout le long de ce rapport.

Méthode de description des branches

En amont une méthode de caractérisation des branches très précises a été définie. Cette méthode sert à uniformiser tous les résultats afin de faciliter les calculs et de se repérer très facilement à toutes les échelles de l'arbre. Elle est appliquée tout le long du stage.

Définition d'un axe, d'un segment et d'un nœud :

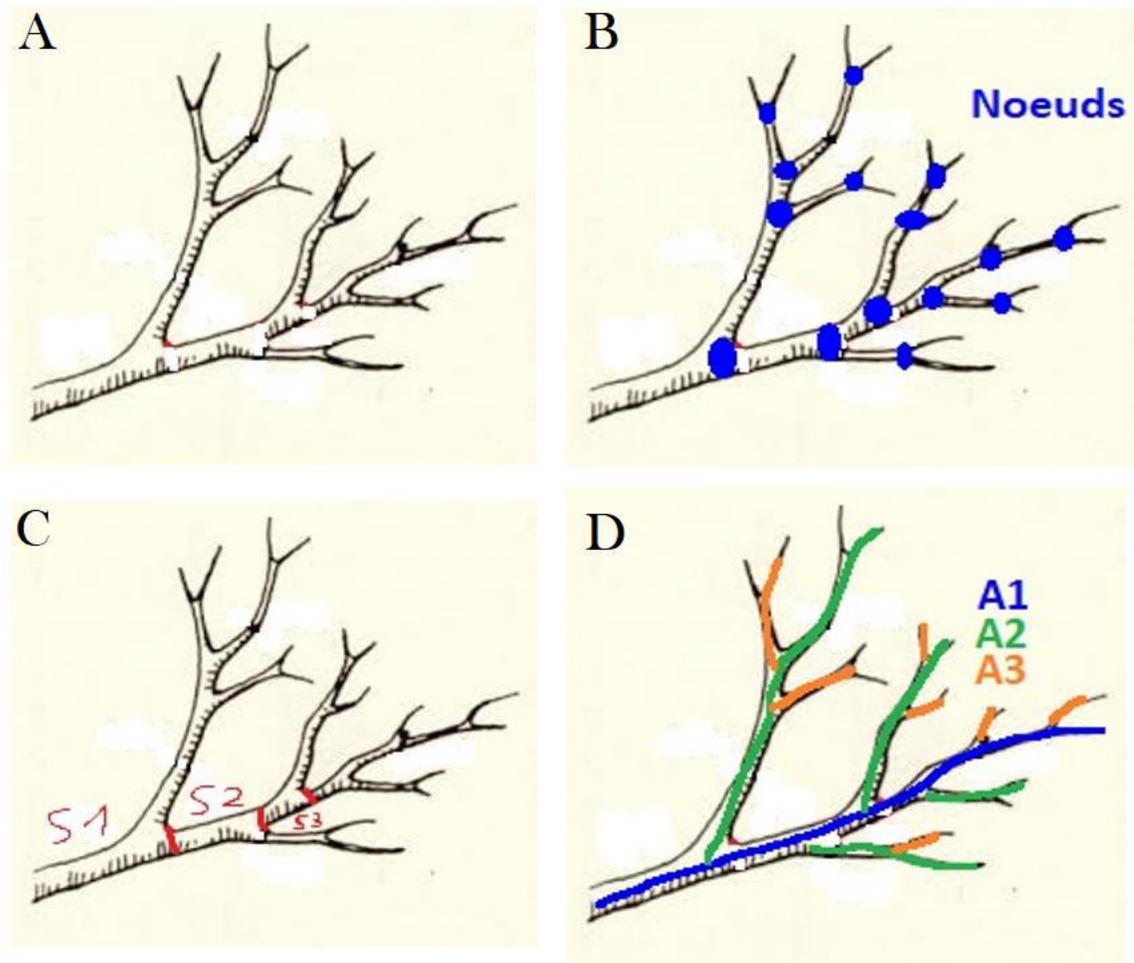


Figure 1: Schéma d'une branche simple(A), Représentation des nœuds sur une branche(B), Représentation des segments sur une branche(C), Représentation des axes sur une branche(D)

La (Figure 1A) représente une branche simple.

Nous définissons les nœuds comme tout point de ramification sur la branche, i.e. l'endroit exact où une partie de la branche « parent » se divise en 2 parties « enfants ». La base et les bouts de la branche sont également considérés comme des nœuds (Figure 1B).

Chaque morceau de branches présentes entre deux nœuds se nomme des segments (Figure 1C).

Les axes sont indexés par leurs ordres de ramification. Nous définissons l'axe principal comme étant (axe 1) la suite de segments qui suit le plus possible la linéarité le long de la branche, et présentant les plus grands diamètres de sections de branches à la ramification. La méthode est répétée pour chaque ordre d'axe. L'axe 1 est connecté aux axes 2 eux-mêmes connectés aux axes d'ordre supérieur (Figure 1D)

Format MTG

Le MTG (Multi-scale Tree Graph) est un format qui permet de retranscrire la topologie et les attributs des composants d'une plante, considérant plusieurs échelles et leurs relations. Il est donc particulièrement adapté pour notre cas d'étude car les branches sont décrites à différentes échelles (axes segments).

Ce format fut développé au sein de l'UMR AMAP pour mesurer, analyser et modéliser des architectures végétales (*Godin and Caraglio, 1998*).

La topologie est décrite grâce à l'utilisation de quatre symboles qui représente les relations entre le nœud et son parent :

- Le « + » désigne une relation de ramification
- Le « < » désigne un nœud qui suit son parent, e.g. un segment du même axe que son parent
- Le « / » désigne une relation de décomposition i.e. un changement d'échelle vers l'ordre supérieur
- Le « ^ » désigne quel est le parent du nœud. Si « ^ » est présent, le parent du nœud actuel est le nœud directement situé au-dessus dans la même colonne. Autrement le parent est le nœud directement au-dessus dans la colonne de gauche.

Nous avons également utilisé les notations A et S pour désigner respectivement les axes et les segments.

Chaque ligne représente un composant de l'arbre, tandis que les colonnes après, celle utilisée pour décrire la topologie représentent leurs attributs, e.g. longueur, diamètres et biomasse (Figure 2).

L'utilisateur peut alors explorer et éditer la topologie ainsi que les attributs, et effectuer des calculs en utilisant des programmes tels que Xplo ou des packages en R (XplorRer), Python (MTG) ou Julia (MTG.jl).

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
8														
9														
10										length_mm	diameter_5C	diameter_5C	diameter_7C	diameter_7C
11														
12														
13										5420				
14										600	59		59	
15														
16										717	5.31	5.25	3.47	3.51
17										240	56			
18														
19										276	8.71	8.28		
20														
21										335	5.64	6.79	5.49	5.19
22										177	8.25	7.97		
23														
24										211	5.52	5.58		
25										210	6.37	6.37		
26														
27										86	3.1	3.42		
28										123	4.79	4.99		
29										85	55			
30														
31										362	15.2	15.05		
32														

Figure 2 : Données topologiques d'une branche mesurée sur le terrain au format MTG (Excel). Les cases jaunes notées +A1, +A2 etc. correspondent aux différents ordres d'axes auxquels sont associés des segments. Les segments sont notés ^/S1 ou ^<S2 etc. Leurs chiffres correspondent à leurs positions sur leurs Axe, S1 étant le premier segment sur un axe donné.

Nous pouvons voir sur la Figure 2 le nom de la branche (en dessous de la ligne « ENTITY-CODE »), sa topologie avec les différents segments et axes (A et S à gauche), et des informations correspondantes à chaque segments comme sa longueur ou son diamètre.

Méthode indirecte LIDAR

LIDAR

Le LIDAR, Light Detection And Ranging, est une technique de mesure par laser qui évalue la distance entre un scanner et un objet. En pratique, un faisceau laser est émis par le scanner avec un angle connu, puis un capteur enregistre un retour potentiel de la lumière, ce qui permet ensuite de calculer la position du point d'impact à partir du temps que la lumière a mis pour parcourir le trajet, et de l'angle de tir. Cette procédure est répétée à pratiquement 360 degrés, ce qui permet d'établir un nuage de points des objets visualisés et de leur environnement (Figure 3).

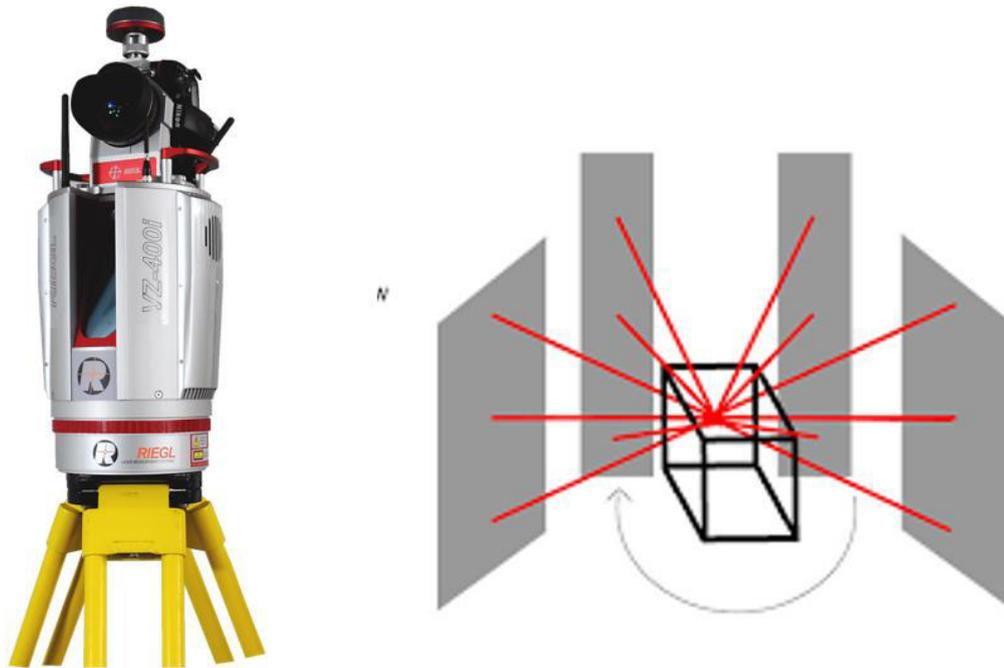


Figure 3. Le LiDAR Riegl VZ-400 (gauche) et la représentation de son fonctionnement (droite)

Aujourd'hui, les méthodes d'évaluation de la biomasse des arbres par LiDAR ne sont pas assez précises pour une bonne prise en compte de la biomasse issue des petites structures pour plusieurs raisons. Ces dernières sont la diffraction du faisceau lumineux qui rend son empreinte trop grande par rapport aux diamètres des petites structures à étudier, la densité d'échantillonnage est trop faible compte tenu de la distance et de la taille de certaines structures ce qui rend impossible toute estimation fiable de cette biomasse (Figure 4).

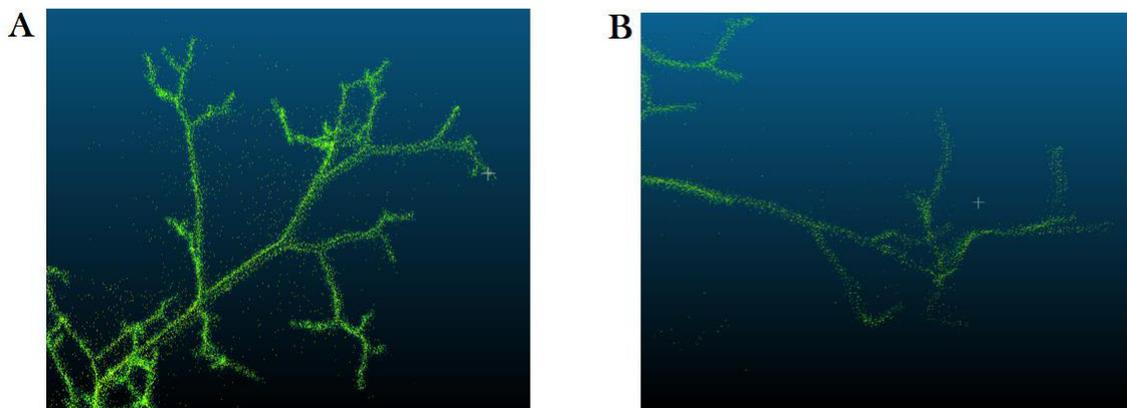


Figure 4: Bout de branche bien scannée avec le LiDAR, les volumes sont bien définies(A), et un bout de branche mal scannée par plantscan3D, la reconstruction et le calcul de la biomasse seront plus difficile(B)

Une méthode a été développée l'an dernier dans le cadre du stage de Mathilde Millan pour ré estimer les diamètres des petites structures à partir de données récupérables par LiDAR comme les relations porteur/porté, les longueurs des segments ou les diamètres des structures porteuses.

Acquisition LiDAR

En mars 2021, 41 scans « Riegl VZ-400 » ont été effectués sur les trois arbres (noyers) précédemment sélectionnées par Merlin Ramel, Jean Dautat et Rémi Vezy.

L'appareil a été réglé sur un temps de mesures de trois minutes environ soit quelques dizaines de millions de points par mesure.

Pour avoir des scans exploitables et précis, il est nécessaire de n'avoir aucun mouvement sur la zone scannée pour que les différents scans correspondent bien entre eux.

Le jour où les scans ont été effectués, les conditions étaient optimales, c'est-à-dire qu'il n'y avait ni vent, ni pluie.

Il est également nécessaire de pratiquer les scans LiDAR avant la montée de la sève, car les feuilles auraient rendu l'évaluation de biomasse plus difficile, l'appareil ne pouvant pas différencier la partie bois de la partie feuille. Une étape de traitement supplémentaire coûteuse en temps aurait donc été nécessaire.

Les scans ont été effectués de manière intensive autour des arbres en question, et positionnés de façon à limiter l'occlusion des branches liée à l'hétérogénéité spatiale (Figure 5).

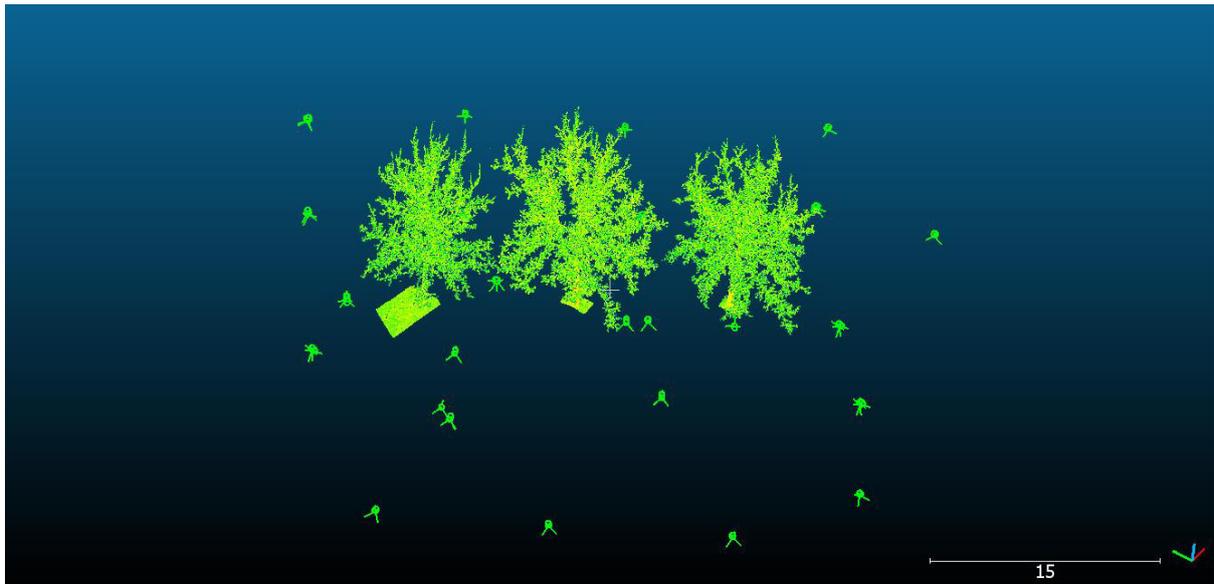


Figure 5: Scans LiDAR effectués sur la zone. Chaque petit carré avec deux barres représente deux scans effectués, l'un à la verticale et l'autre à l'horizontale, au même endroit.

Malgré sa capacité à cartographier une large part de son environnement, le LiDAR possède des zones d'angles morts formant deux zones dépourvues de points directement en dessous et au-dessus de l'appareil. Pour pallier à ce problème, deux scans ont été effectués par position, l'un à la verticale et l'autre à l'horizontale, dans le but de cartographier la zone à 360° (Figure 6).



Figure 6: Vue du dessus des résultats d'un scan LiDAR. Chaque point est issu d'un tir laser intercepté par un objet et re-capté par le LiDAR. La zone sombre au centre de l'image correspond à la zone d'angle mort du scanner. Une zone équivalente se retrouve à la verticale au-dessus du LiDAR.

Reconstruction à partir de nuages de points

Les scans LiDAR ont ensuite été co-registrés avec le logiciel RiSCAN-PRO v2.11.3, puis nettoyés en appliquant des filtres automatiques. Les arbres ont ensuite été isolés grâce au logiciel CloudCompare (Figure 7). Les branches d'intérêts ont été repérées par la pose de scotch à haute réflectance à leur base. Elles ont ensuite été isolé une par une sur chacun des 40 scans. L'idée étant de pouvoir par la suite définir le nombre et l'emplacement idéal pour réaliser le nombre minimum de scans LiDAR sans perdre en qualité de l'information.

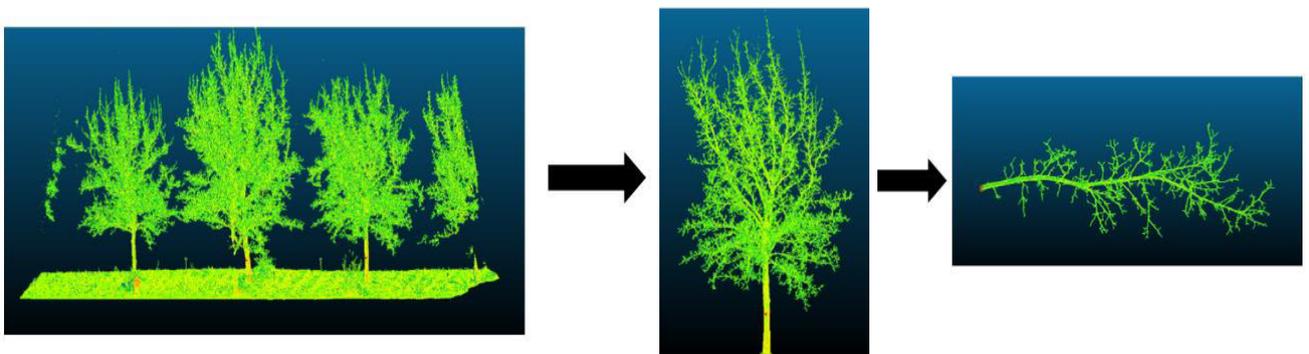


Figure 7: Traitement des scans bruts sur CloudCompare, de la scène entière à la branche isolée

À ce stade la branche n'est donc représentée que par un nuage de points, sans structuration particulière.

Un autre logiciel plantscan3D(<https://github.com/fredboudon/plantscan3d>) est ensuite utilisé pour reconstruire la topologie de la branche grâce à une squelettisation du nuage de points (Figure 8), ainsi que les diamètres associés à chaque nœud du squelette à partir des points LiDAR à proximité (Figure 9), avec l'algorithme de distance moyenne. Le résultat est ensuite enregistré au format MTG.

Les MTG résultants sont ensuite utilisés tels quels, ou corrigés manuellement. En effet, le squelette reconstitué des branches comporte des erreurs qui rendent difficile la comparaison avec le MTG mesuré manuellement sur le terrain (méthode directe). Il semble donc intéressant de les corriger manuellement afin de pouvoir mieux comparer les MTG de la méthode directe et indirecte, ainsi que d'étudier l'apport de la correction manuelle sur l'estimation de la biomasse (Figure 10). La distance entre chaque nœud est ensuite utilisée pour évaluer les longueurs des segments, tandis que les radius (Figure 9) sont utilisés pour évaluer les surfaces de sections. Les deux sont ensuite utilisés pour calculer le volume de chaque segment, puis la biomasse en utilisant une densité de bois.

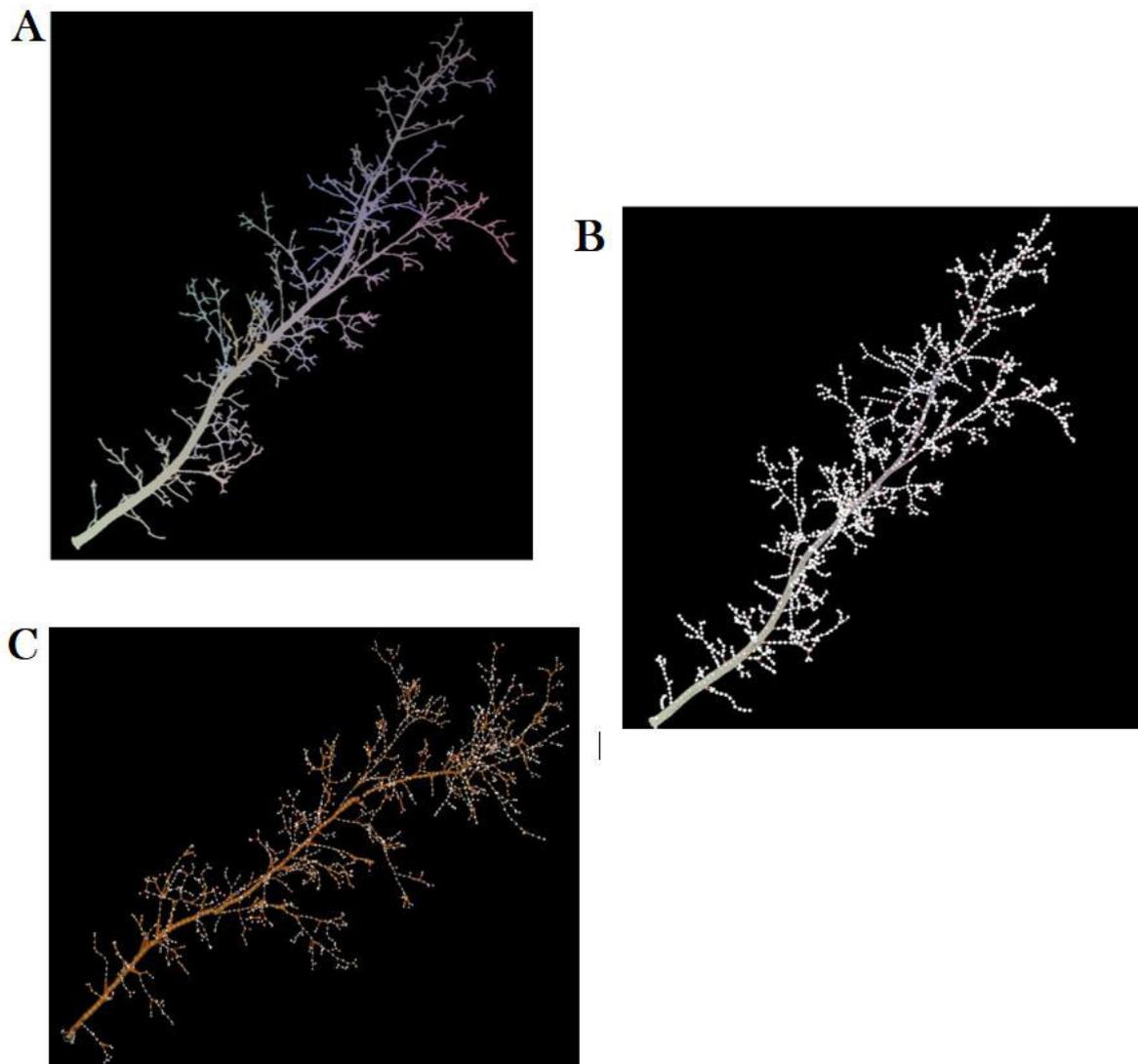


Figure 8: Modélisation d'une branche sur plantscan3D, les points sont d'abord importés (A), puis le squelette reconstruit et caractérisé par les petites sphères reliés entre elles, appelées nœuds (B), ensuite une enveloppe (orange) est créé grâce aux rayons estimé

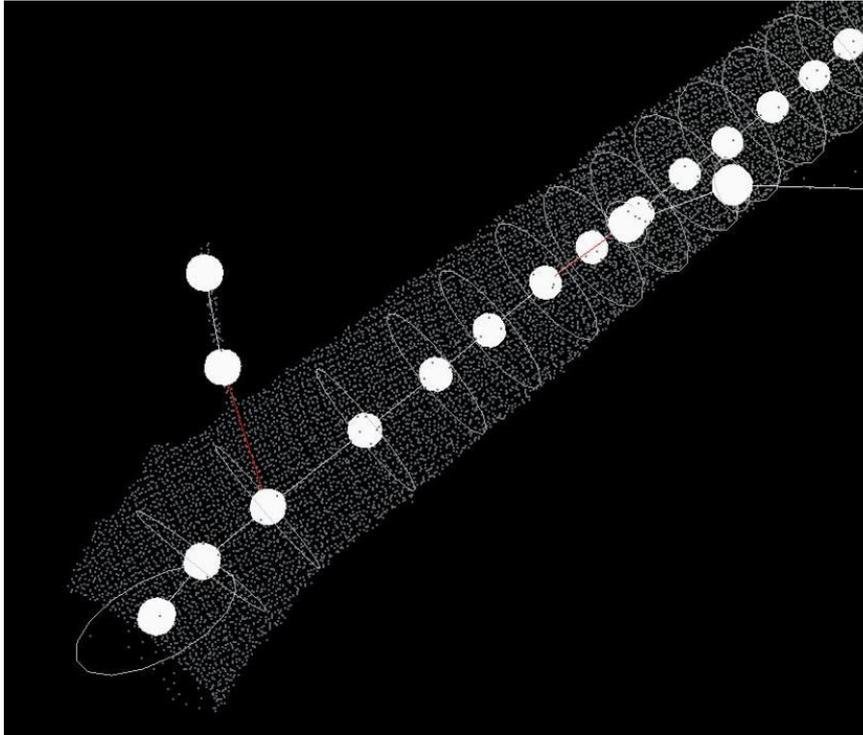


Figure 9: Rayon estimé par plantscan3D (cercle blanc autour des nœuds). Les rayons sont calculés à partir des points LiDAR situés à proximité du nœud.

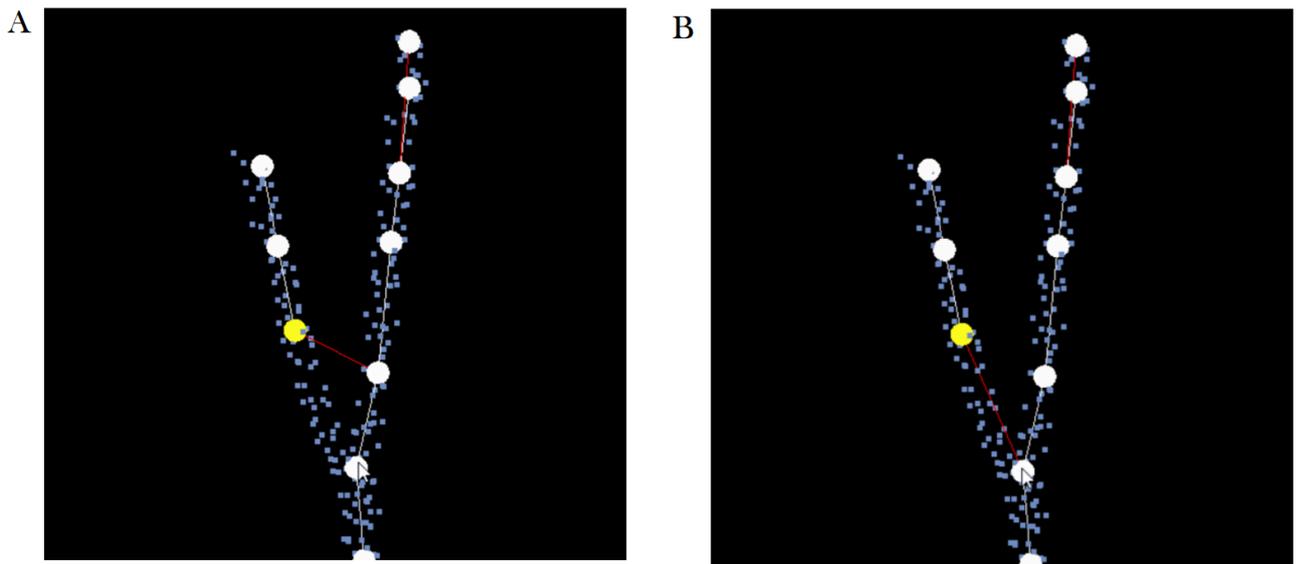


Figure 10: Correction effectuée sur le MTG brut(A), afin d'obtenir une version corrigée(B)

Il est important de noter que même après correction, les MTG issus de la méthode indirecte (LiDAR) diffèrent de la méthode directe (mesure manuelle sur le terrain). En effet, les MTG issus de la méthode directe sont décrits à l'échelle du segment et de

l'axe (Figure 2), alors que les MTG issus de plantscan3D sont décrits à l'échelle de nœuds répartis de façon régulière le long du squelette

Les MTGs issus de la méthode directe ont donc ensuite été corrigés en utilisant le package [MTG.jl](#) comme suit (script [3-mtg_plantscan3d_to_segments.jl](#)).

Les MTG issus de plantscan3D sont importés. Seuls les nœuds qui se situent à un point de ramification sont gardés, la distance à son parent est recalculée comme la somme des distances de tous les nœuds entre les deux, ce qui permet de conserver les vraies distances entre deux points de ramification. Ensuite, chaque nœud est redéfini comme étant un segment, les axes sont calculés comme l'ensemble des segments qui se suivent (i.e. de symbole «<»).

Les MTGs, ainsi créés, sont alors identiques en structure aux MTGs obtenus par la méthode directe (mesure manuelle). Ils peuvent alors être comparés pour leurs dimensions et biomasses, à plusieurs échelles.

Estimation des diamètres

Challenge

La méthode usuelle pour estimer les diamètres des structures à partir d'un nuage de points LiDAR consiste à ajuster une forme géométrique aux points comme un cylindre (TreeQSM) ou un cercle (plantscan3D). Cette méthode a l'avantage d'être automatisée et de se baser directement sur la mesure.

Cependant, cette méthode ne permet pas d'estimer de façon correcte les diamètres des petites structures à cause de leur petite dimension qui premièrement réduisent le nombre de points d'échantillonnage, dans un second temps augmente l'erreur sur la position des points autour de la structure à cause de sa petite dimension comparativement à l'empreinte du laser. Ces phénomènes sont d'autant plus vrai pour les structures plus éloignées, comme celles du haut de la canopée.

Pour remédier à cette forte erreur d'estimation, nous avons développé deux méthodes pour ré-estimer les diamètres : une méthode standard, dite du pipe modèle, et une seconde, basée sur un modèle statistique.

Pipe-Model

Le pipe model (*Valentine, 1985*) stipule que chaque surface de section (cross-section) est égale aux surfaces de section cumulées de ses enfants.

En théorie dans ce modèle, la surface de section du plus gros segment, soit le tronc ou dans notre cas la base de la branche, doit être à peu près égale à toutes les surfaces de section cumulées des segments terminaux. Dans ce modèle, le segment d'un nœud présente donc forcément une surface de section égale ou plus petite que celle de son parent. Le pipe model a donc été appliqué sur nos MTG issus de la méthode indirecte en utilisant la surface de section estimée par plantscan3D à la base de la branche comme référence. À noter que le pipe model a été appliqué sur les MTG corrigés et non corrigés.

L'avantage de cette méthode réside dans le fait qu'elle ne demande aucun paramètre, qu'elle est simple et très rapide à utiliser, qu'elle semble robuste. Cependant, il est admis que le pipe model, bien que robuste n'est pas précis et tend à présenter une erreur relative élevée.

Stat. model

La deuxième méthode se base sur un modèle statistique dont les paramètres sont ajustés sur le jeu de données issu de la mesure directe (Équation 1). Le modèle est construit pour n'utiliser comme variable explicative de la surface de section, que des variables que nous pouvons recalculer à partir de scans LiDAR. Ces variables sont la longueur totale du sous-arbre porté par un segment (*pathlength_subtree*), l'ordre de ramification du segment (*branching_order*), la position acropétale (*i.e.* en partant des extrémités) relative du segment sur son axe (*segment_index_on_axis*), le nombre total de segments terminaux portés par le segment (*number_leaves*), le nombre de segments portés (*segment_subtree*), le nombre total de segments sur l'axe (*n_segments_axis*) ou encore la longueur totale de l'axe (*axis_length*).

Équation 1:

$$\begin{aligned} CS_i = & 0.0416291 \cdot pathlength_{subtree} + 5.83775 \cdot branching_{order} \\ & + 10.7246 \cdot segment_{index_on_axis} - 0.00588964 \\ & \cdot axis_{length} - 18.945 \cdot number_{leaves} + 10.0918 \\ & \cdot segment_{subtree} - 1.15572 \cdot n_{segment_axis} \end{aligned} \quad (1)$$

L'hypothèse est que cette méthode donne de meilleurs résultats de prédiction que le pipe model grâce à l'ajustement des paramètres sur des données de terrain. Cependant, cette méthode est plus intensive en travail car elle requiert des mesures de terrain, qui plus est, destructives.

Méthode directe: mesure manuelle destructive

La méthode directe vise à fournir un jeu de données qui servira, premièrement pour l'estimation des paramètres du modèle de ré-estimation des surfaces de section (et donc par extension, des diamètres), et deuxièmement comme référence pour l'évaluation de la méthode indirecte.

Les six branches précédemment marquées lors des acquisitions LiDAR ont été prélevé afin de mesurer leur biomasse totale, les longueurs et les diamètres de chaque segment et chaque axe, ainsi que la densité du bois frais et sec.

Une équipe par branche est nécessaire pour optimiser le protocole mis en œuvre (Annexe 1). Chaque équipe est composée généralement de quatre personnes, une entre les données sur ordinateur pour constituer le MTG, une autre prend les mesures de longueurs de chaque segment, une personne détermine le diamètre de chaque segment, la dernière coupe et pèse les gros Axes (axe 2) au fur et à mesure (Voir Annexe 1 protocole). La mesure directe des branches sur le terrain a nécessité une journée entière par branche et par équipe.

Quatre branches ont été mesuré sur le terrain en avril 2021, puis à cause du Covid19, il a fallu attendre le mois de juin 2021 pour que les deux branches restantes soient enfin mesurées et décrites au format MTG.

Ce délai entre les mesures permet une comparaison entre les branches avant et après la montée de sève, ce qui au final produit des données potentiellement intéressants (non traité dans mon stage).

Une fois les branches mesurées et pesées, une dizaine d'échantillons sont découpés aléatoirement le long de l'axe principal afin de mesurer la densité du bois, d'une part pour vérifier sa variabilité le long de la branche et d'autre part pour calculer les biomasses à partir des volumes.

Des échantillons ont donc été ramenés à l'UMR AMAP, pour effectuer les mesures dans une salle équipée. Une méthode utilisant la poussée d'Archimède a été employé pour évaluer le volume des échantillons.

« Tout corps plongé dans un fluide au repos, entièrement mouillé par celui-ci ou traversant sa surface libre, subit une force verticale, dirigée de bas en haut et égale et opposée au poids du volume de fluide déplacé ».

L'échantillon est maintenu attaché à un socle externe à l'aide d'une aiguille, puis immergé dans un volume d'eau pesé par une balance de précision (Figure 11A). La balance mesure donc la masse d'eau déplacée par le volume de l'échantillon avec une densité similaire à celle de l'eau, ce qui permet ensuite de recalculer le volume de l'échantillon. En effet, 1 gramme d'eau déminéralisée correspond à 1 cm³, car la densité de l'eau est de 1g/cm³.

Le volume ainsi que la masse fraîche pesée sur le terrain permettent de calculer la densité fraîche des échantillons. Par la suite chaque échantillon a été mis à l'étuve à environ 100° pendant 4 jours pour obtenir la masse sèche (Figure 11B), qui nous permet ensuite de calculer la densité sèche.

A**B**

Figure 11: Calcul du volume grâce à la poussée d'Archimède, nous immergeons nos échantillons dans l'eau et le volume d'eau déplacé est indiqué par la balance en gramme, correspondant à des cm^3 (A). Séchage des échantillons à l'étuve à 100° pendant au moins 4 jours

Correspondance entre les méthodes

Lors de la reconstruction des branches par plantscan3D, l'axe principal identifié de façon automatique par le logiciel peut ne pas correspondre à celui identifié par la méthode directe, surtout lorsque nous nous rapprochons de l'extrémité de la branche.

La topologie de l'axe 1 des MTG issus de la méthode indirecte a donc été vérifiée et corrigée le cas échéant pour correspondre à celui des MTG de la méthode directe, afin de pouvoir comparer les deux. Ensuite, les MTG de la méthode directe et de la méthode indirecte ont été comparés pour identifier les axes 1 et les axes 2 qui désignent les mêmes structures. Ces axes ont été numérotés avec un identifiant unique de façon à les comparer par la suite (Figure 12). Cette étape est cruciale car le MTG mesuré avec la méthode directe présente des mesures manquantes par rapport à celui mesuré de façon indirecte. Cela provient principalement de deux causes :

- la mesure manuelle ne s'est pas effectuée au même moment que la mesure LiDAR c'est-à-dire qu'il a fallu un mois pour les quatre premières branches et trois mois pour les deux dernières à cause de la pandémie du Covid19. Ainsi, il peut y avoir une casse de certaines structures entre les deux mesures liées au vent ou du au passage pour les branches basses

- la récolte de la branche a entraîné de la casse irrécupérable

A		ENTITY-CODE	YY	radius	ZZ	XX	length	id_cor
		/tree13l						
		+A1						
		^/S1	2.11487689	0.03675066	-0.4390396	0.17500997	0	
		^<S2	1.87930332	0.02649937	-0.3807146	0.16426069	245.605032	0
		+A2						1
		^/S1	1.87222455	0.00449996	0.20515237	-0.1910071	690.714705	
		^<S3	1.66575999	0.02649937	-0.3355863	0.12942781	221.274277	2
		+A2						
		^/S1	1.55682444	0.00770822	-0.0885122	0.10000746	274.795259	
		+A3						
		^/S1	1.74916562	0.00770822	0.08267339	0.10046132	281.336159	

B		ENTITY-CODE	id_cor	length_mm	diameter_50	diameter_50	diameter_70	diameter_70	comment	mass_g	fre
		/A3BL								10825	
		+A1		5420							
		^/S1		0	600	59		59			
		+A2		1						11.1	
		^/S1		717	5.31	5.25	3.47	3.51			
		^<S2		240	56						33
		+A2		2							
		^/S1		276	8.71	8.28					
		+A3									
		^/S1		335	5.64	6.79	5.49	5.19			
		^<S2		177	8.25	7.97					
		+A3									
		^/S1		711	5.52	5.58					

Figure 12: Correspondance des A2 identifiés (ID) entre le MTG issus de la méthode indirecte (A) et celui de la méthode directe (B). L'axe 2 numéroté 0 sur un MTG sera numéroté également 0 sur le MTG obtenu avec l'autre méthode.

Il est important de noter que ces étapes de correction de la topologie et d'identification des structures entre MTG de différentes méthodes ne vise qu'à leur comparaison pour l'évaluation de la méthode indirecte, et n'a aucune influence sur l'estimation des volumes calculés par la méthode indirecte à l'échelle de la branche.

Programmation et modèle

La reconstruction du MTG à partir des données LiDAR a été effectuée grâce au logiciel plantscan3D (<https://github.com/openalea/plantscan3d>). Le traitement des MTG a été réalisé grâce au package MTG.jl (<https://github.com/VEZY/MTG.jl>). Le code développé pour notre travail est disponible en open-source sous GitHub (https://github.com/VEZY/Biomass_evaluation_LiDAR). Le code est développé dans le langage de programmation Julia (Bezanson et al., 2017).

III. Résultats

La densité fraîche moyenne calculée à partir de la totalité des échantillons prélevés est d'environ 0.96 g cm^{-3} .

Étape 1 : Vérification de l'intégrité des mesures manuelles

La biomasse estimée à partir des mesures directes des dimensions et d'une simple densité fraîche moyenne est proche de celle mesurée de façon directe avec une balance de précision, avec une erreur de 1%, soit un RMSE (Root Mean Squared Error, la racine de l'écart quadratique moyen) de 106 grammes (Figure 13). Certains axes présentent cependant des erreurs supérieures à d'autres, notamment les axes 1 de tree11l ou celui de tree13l qui présentent une sous et une surestimation respectivement. Nous pouvons aussi voir que l'erreur semble contenue pour les plus gros comme les plus petits échantillons.

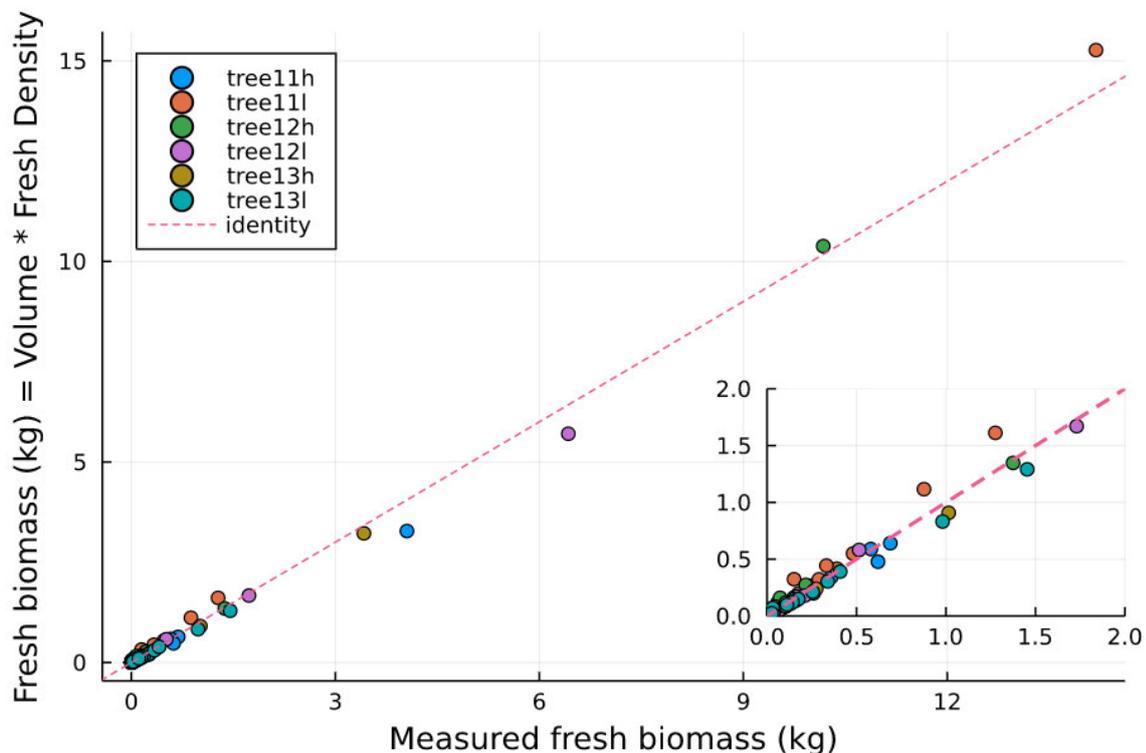


Figure 13: Biomasse fraîche mesurée à l'aide d'une balance pour tous les A1 (axe principal isolé, excluant les axes d'ordre supérieur) et les A2 incluant tous les segments et axes d'ordre supérieur qu'ils portent (x) en fonction de la biomasse recalculée à partir de la densité fraîche moyenne et du volume calculé depuis les dimensions mesurées de façon directe (y). Chaque point est un axe. RMSE : 106,42 g, nRMSE : 0,01, EF : 0,99

Étape 2 : évaluation des longueurs estimées par méthode indirecte

De façon surprenante, les longueurs des branches calculées par plantscan3D de manière automatique (raw) sont plus proches en moyenne de 17 % (Tableau 1) des mesures directes que celles obtenues à partir des MTG corrigés manuellement (Figure 14). Certaines branches comme tree11h, tree12h et surtout tree11l présentent une surestimation plus forte que les autres pour les estimations de plantscan3D corrigé.

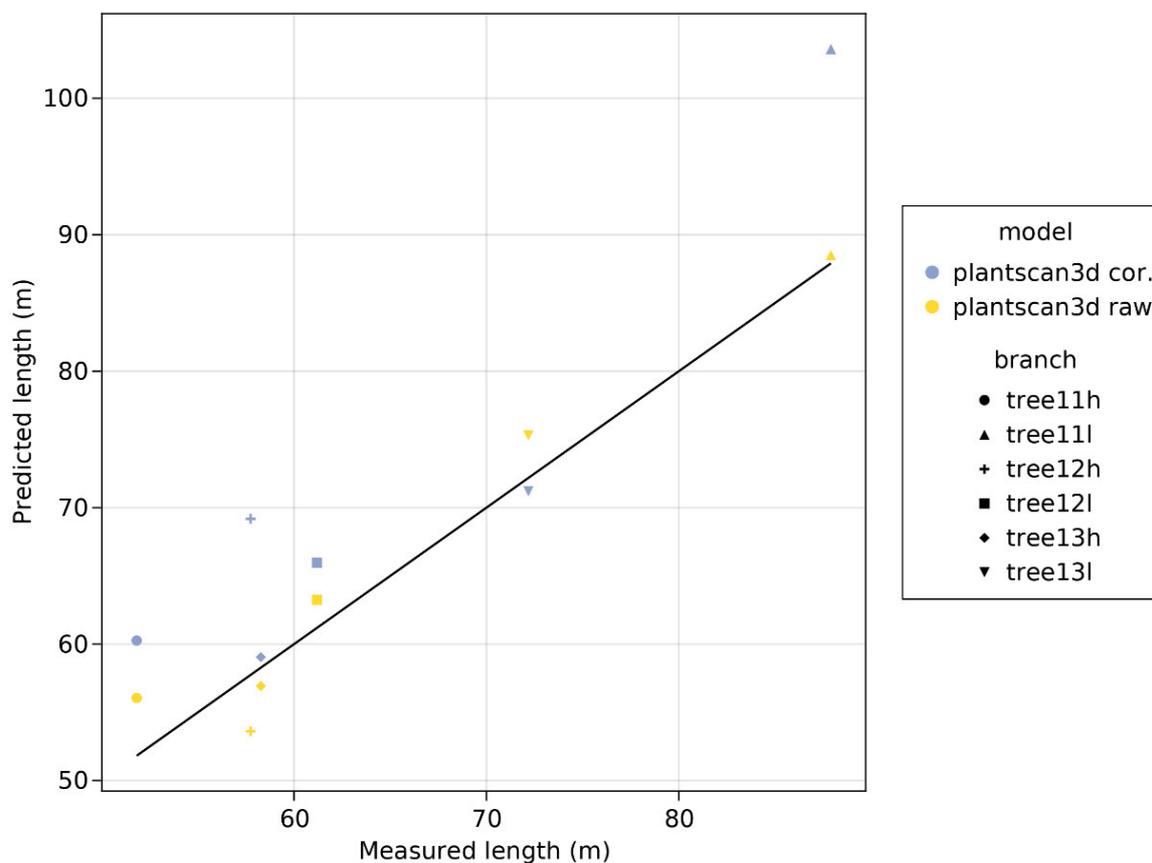


Figure 14: Comparaison entre la longueur cumulée estimée par méthode indirecte (y), sur MTG corrigé (cor.) et non corrigé (raw) en fonction de la longueur cumulée mesurée par méthode directe (x). Chaque point est une branche.

Enfin plantscan3D corrigé surestime presque systématiquement les longueurs cumulées des branches, alors que plantscan3D est assez constant.

Tableau 1: Statistiques liées à la Figure 14

	RMSE	nRMSE	EF
"plantscan3d cor."	8.88	0.25	0.45
"plantscan3d raw"	2.91	0.08	0.94

Étape 3 : vérification de l'estimation de la longueur à partir du LiDAR

Les mesures de longueur à l'échelle des Axes 2 identifiés sont correctement estimées par plantscan3D (MTG corrigé) par rapport aux mesures de terrain, avec un RMSE de 0.367 m et un nRMSE de 0.01 soit 1 % d'erreur (Figure 15).

Malgré une bonne estimation générale, les axes 2 identifiés de tree11l sont légèrement plus éloignés de la droite d'identité que les autres branches.

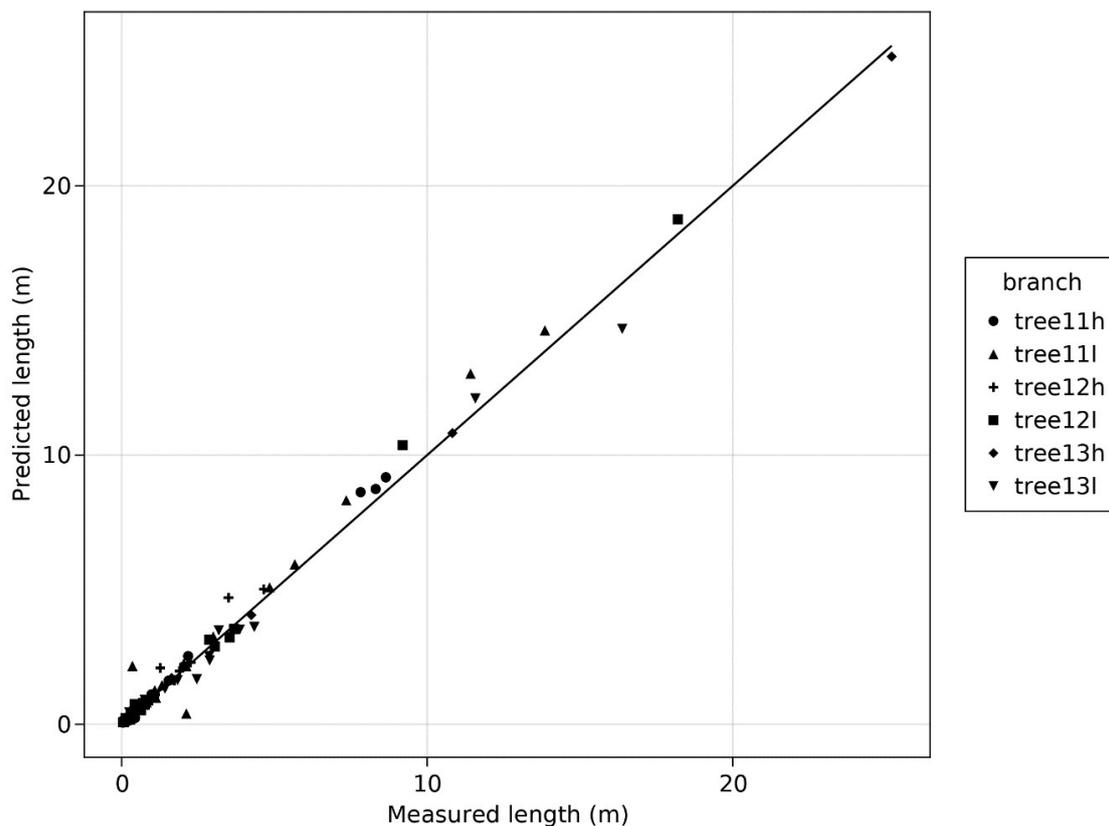


Figure 15: Longueur des A2 issu de la méthode indirecte (y, plantscan3D corrigé et identifié) en fonction des longueurs des A2 mesurés par méthode directe (x). Chaque point représente un axe 2 avec tous les segments qu'il porte. RMSE : 0.367m, nRMSE : 0.01, EF : 0.99 nBias : 0.0

Étape 4 : estimation du volume des branches et de la biomasse

Echelle branche

Les Volumes (Figure 16) ainsi que les biomasses (Figure 17) calculées par plantscan3D, par le pipe model et le modèle statistique diffèrent de façon importante des mesures effectuées sur le terrain. L'erreur moyenne oscille entre 16 et 51 % pour les volumes calculés (Tableau 2) et entre 17 et 54 % pour les biomasses calculées (Tableau 3). Les erreurs sont assez similaires entre volume et biomasse.

Tableau 2: Statistiques liés à la Figure 16 Volumes estimés par plusieurs méthodes de calcul des surfaces de section des segments. raw: estimation à partir des MTG bruts issus de plantscan3d, et cor. Les mêmes MTG, corrigés manuellement.

		RMSE	nRMSE	EF
volume	plantscan3d cor.	0	0.28	0.15
volume	plantscan3d raw	0.01	0.51	-1.9
volume	stat. model cor.	0	0.16	0.7
volume	pipe model cor.	0	0.16	0.73
volume	stat. model raw	0	0.18	0.65
volume	pipe model raw	0	0.39	-0.66

Cependant certains modèles présentent une erreur plus modérée que d'autres. C'est le cas du modèle statistique corrigé (stat. model cor.) et du pipe model corrigé (pipe model cor.) pour le calcul des volumes, tous deux à 16 % d'erreur (Figure 16), et de plantscan3D corrigé et toujours du pipe modèle corrigé pour les biomasses avec respectivement 17 et 19 % d'erreur (Figure 17). Il est à noter que le modèle statistique présente une valeur surestimée presque aberrante pour la branche tree11l dans les deux figures, ce qui participe fortement à l'erreur moyenne observée. Le volume de la branche tree11h quant à elle est surestimé par tous les modèles.

Il semble qu'aucune méthode ne donne des volumes ou des biomasses correspondantes aux mesures de terrains à l'échelle de la branche. En revanche les estimations sur les MTG corrigés semblent, à modèle identique, meilleurs que celles des MTG non corrigés.

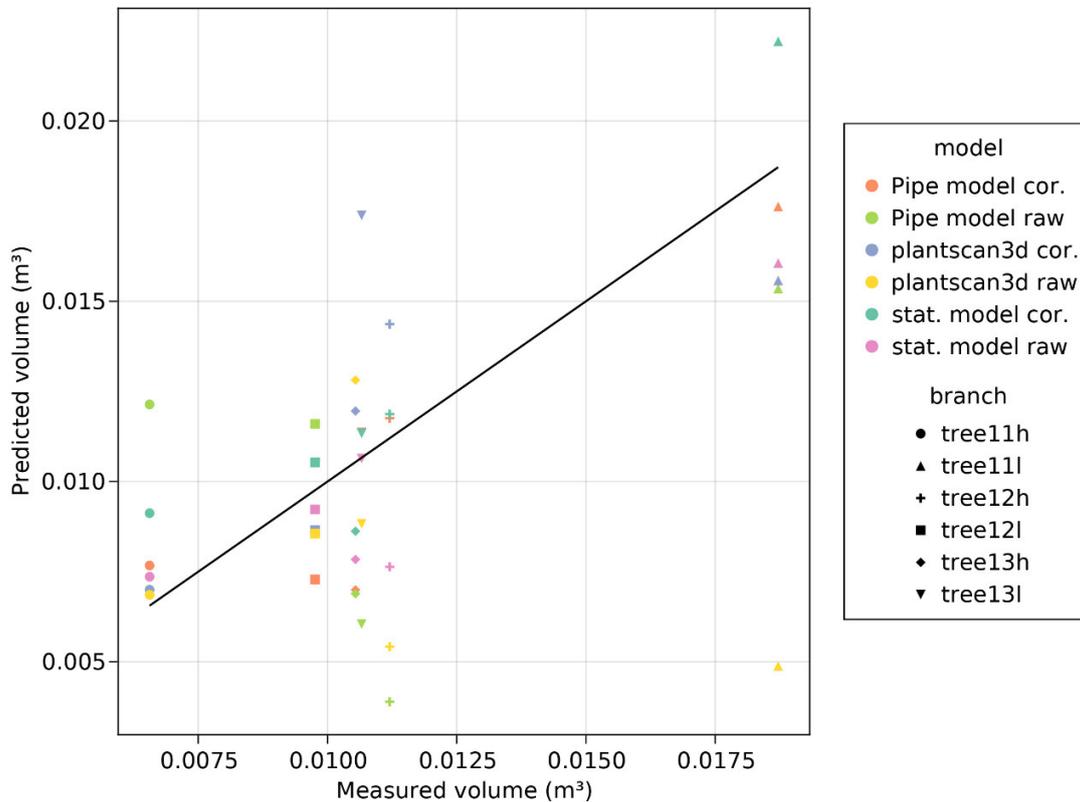


Figure 16: Volume calculé par plantscan3D, le modèle stat et le pipe modèle pour les MTG corrigés et non corrigés de chaque branche(y) en fonction du volume mesuré manuellement sur le terrain(x). Chaque point représente une branche entière.

Tableau 3: Statistiques liées à la Figure 17: Biomasse estimée par méthode indirecte (y) à partir de différentes méthodes d'estimation des surfaces de section sur les MTG issus de plantscan3d corrigés et non corrigés (y) en fonction de la biomasse issue de la méthode directe (x). Chaque point représente une branche entière., i.e. comparaison entre volume issu de la méthode directe et indirecte, en utilisant plusieurs méthodes de prédiction des surfaces de section.

	RMSE	nRMSE	EF
plantscan3d cor.	2.09	0.17	0.7
plantscan3d raw	6.66	0.54	-2.06

stat. model cor.	2.96	0.24	0.4
pipe model cor.	2.32	0.19	0.63
stat. model raw	2.92	0.24	0.41
pipe model raw	5.13	0.42	-0.82

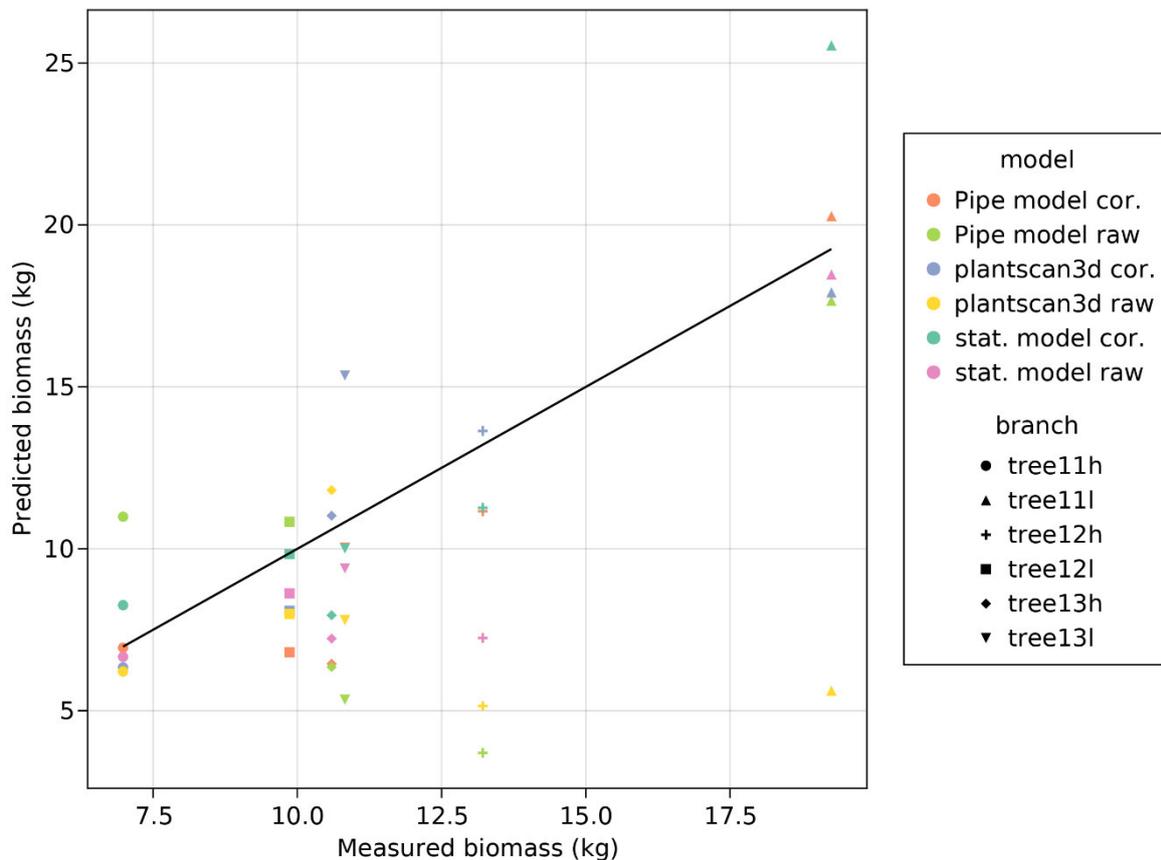


Figure 17: Biomasse estimée par méthode indirecte (y) à partir de différentes méthodes d'estimation des surfaces de section sur les MTG issus de plantscan3d corrigés et non corrigés (y) en fonction de la biomasse issue de la méthode directe (x). Chaque point représente une branche entière.

Echelle des axes

Les volumes et les biomasses calculées par plantscan3D, le pipe model et le modèle statistique avec les MTG corrigés pour les A2 identifiés sont proches des valeurs mesurées.

Les nRMSE calculés pour les biomasses fraîches ou uniquement les volumes sont identiques. Ainsi, plantscan3D fait en moyenne une erreur de 8% pour l'estimation de

la biomasse et des volumes tandis que le pipe model affiche 4% et le modèle statistique 2%.

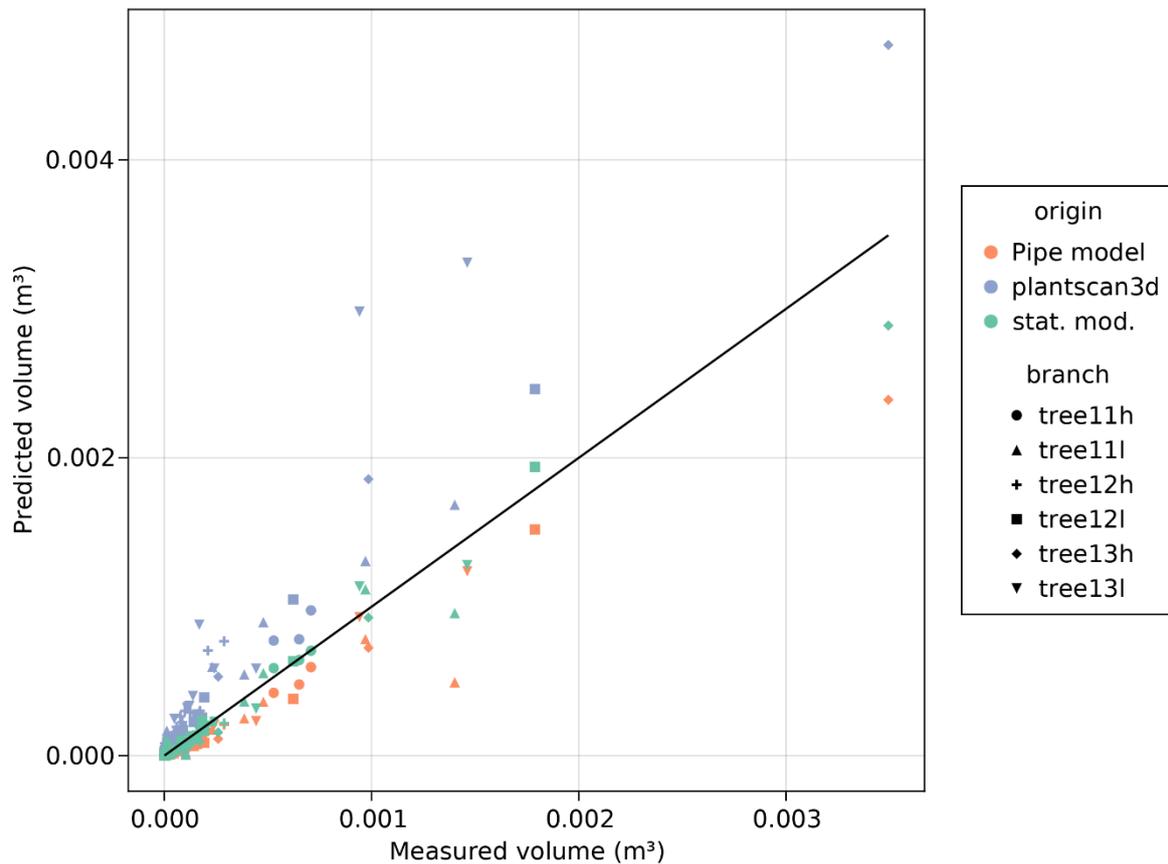


Figure 18: Volumes estimés avec le pipe modèle, le stat modèle et plantscan3D (y) en fonction des volumes réels mesurés des A2 identifiés (x). Chaque point représente un A2 identifié ainsi que tous les segments qu'il porte.

L'estimation est donc excellente pour le stat modèle qui vient confirmer ce que nous pouvions voir visuellement sur les Figure 18 et Figure 19. Le pipe modèle quant à lui donne des résultats proches des mesures, mais souffre d'un léger biais négatif.

Quant aux résultats issus directement de plantscan3D ils donnent souvent lieu à une surestimation et présentent une erreur plus élevée que celles observées pour les deux modèles.

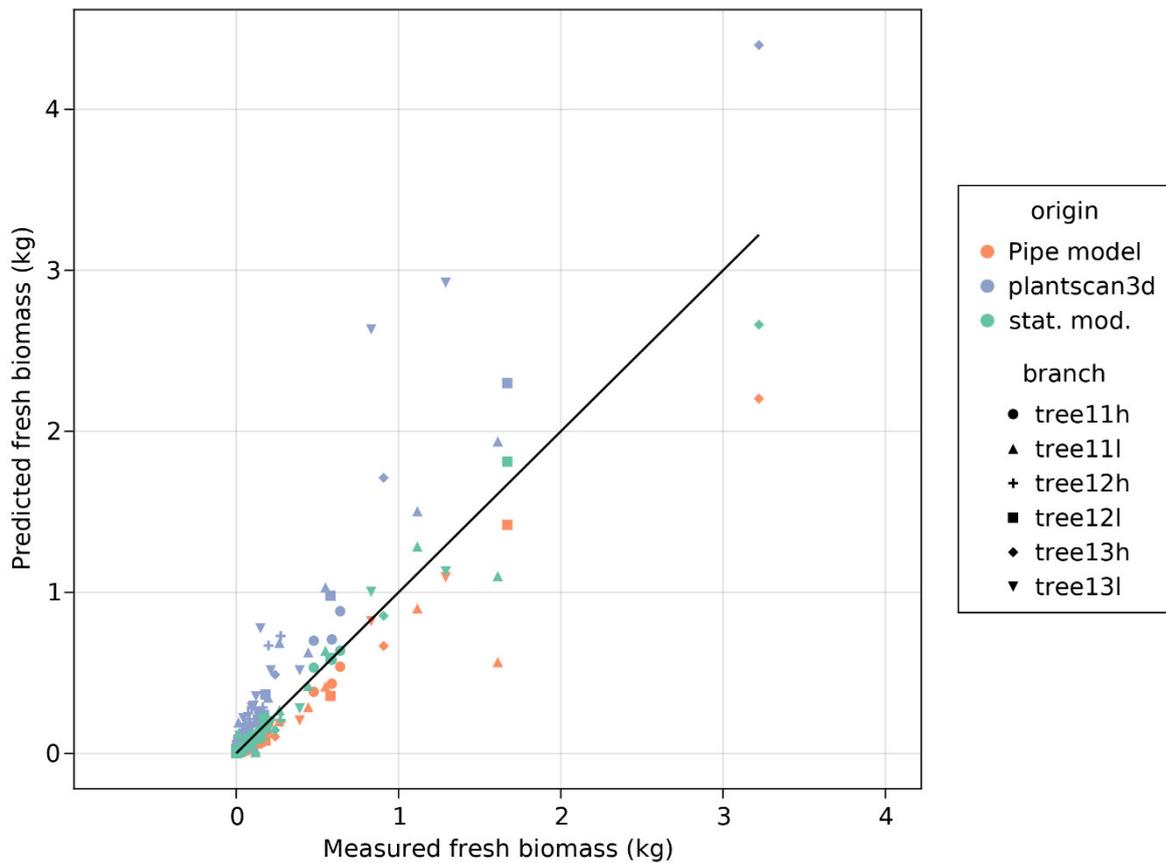


Figure 19: Biomasse fraîche issue de la méthode indirecte estimée avec le pipe model, le modèle statistique (stat. mod.) et plantscan3D (y) en fonction des biomasses fraîches issues de la méthode directe (x). Chaque point représente un A2 identifié ainsi que tous les segments qu'il porte.

Tableau 4: Statistiques pour l'estimation des volumes des modèles utilisés ainsi que les biomasses fraîches (volume x densité fraîche) de la Figure 18 et Figure 19.

	nRMSE_volume	nRMSE_fresh_mass	EF_volume	EF_fresh_mass
stat. mod.	0.02	0.02	0.97	0.96
plantscan3D	0.08	0.08	0.41	0.46
pipe model	0.04	0.04	0.89	0.87

Enfin, les biomasses fraîches calculées par plantscan3D, le pipe model et le modèle statistique avec les MTG corrigés pour les A2 identifiés et cumulées pour chaque branche (Figure 20) sont bien estimées pour le modèle statistique avec un nRMSE de 11%, un biais de -8% et une efficacité de modélisation de 90%. Le pipe model

présente une erreur supérieure, avec un nRMSE de 31%, un biais de -27% et une efficacité de modélisation de 21% (Tableau 5).

Plantscan3D surestime beaucoup les biomasses, surtout pour la branche tree13l alors que le pipe model, à l'inverse, les sous-estime un peu.

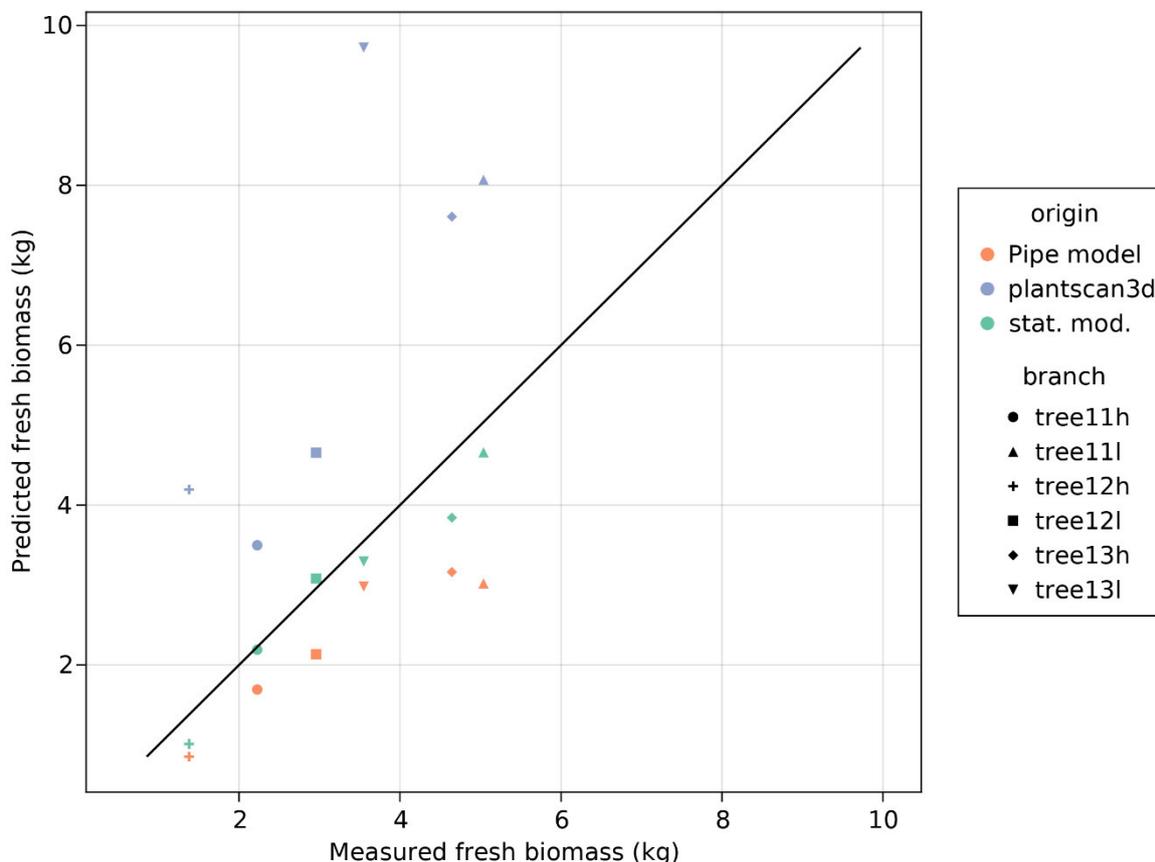


Figure 20: Biomasse fraîche issue de la méthode indirecte et estimée avec le pipe modèle, le modèle statistique (stat. mod.) et plantscan3D (y) en fonction des biomasses fraîches issues des mesures directes (x). Chaque point représente la biomasse cumulée des A2 identifiés pour une branche.

Tableau 5. Statistiques pour l'estimation des biomasses fraîches (voir Figure 20).

origin	RMSE	nRMSE	EF	Bias	nBias
"plantscan3d"	3.38	0.92	-5.95	2.99	0.82
"Pipe model"	1.14	0.31	0.21	-0.99	-0.27
"stat. mod."	0.41	0.11	0.9	-0.29	-0.08

IV. Discussion

Dans la première figure (Figure 13), nous pouvons voir que les branches et les axes 2 suivent assez bien la droite d'identité avec environ 1 % d'erreur ce qui signifie que les mesures de longueurs et de diamètres ainsi que la densité moyenne mesurée permettent une bonne estimation des volumes puis biomasses. Nous pouvons donc les utiliser comme valeurs de référence pour la suite, ainsi qu'utiliser les densités moyennes et les volumes comme estimateur fiable de la biomasse. Les axes 1 issus de tree13l et tree11l présentent cependant une plus grande erreur par rapport aux autres A1, sans pour autant donner des résultats aberrants.

En regardant la Figure 14 nous serions tentés d'affirmer que les MTG non corrigés ont des estimations de longueur cumulées meilleures que les MTG corrigés, car il semble être plus proche de la valeur réelle.

Cependant, cette apparente erreur, moins élevée des MTG non corrigés provient d'une compensation d'erreurs cumulées liée à deux facteurs :

- une surestimation des longueurs calculées sur le squelette (Figure 21). En effet, à chaque nœud présentant une ramification, les longueurs des segments suivants sont calculées partant directement du squelette, ce qui ajoute l'épaisseur de la branche pour chaque premier segment.
- la casse de structures engendrée par le vent, le passage puis par le prélèvement de la branche, qui engendre une différence entre les structures mesurées par LiDAR (mesures en mars 2021) et manuellement (mesures en avril puis juin 2021), et donc une surestimation par méthode indirecte comparativement à la méthode directe. Cet effet est particulièrement important pour la branche tree11h où il a été observé qu'un A2 de taille importante est manquant sur les mesures terrain.

De ces deux erreurs, probablement la plus importante est celle provenant de la casse engendrée par la mise au sol des branches. Malgré toutes les précautions prises, l'enchevêtrement des branches à parfois causé des casses sur les petites structures plutôt fragiles, n'impactant que peu la biomasse, mais plus les longueurs cumulées mesurées par la suite. Sur le terrain, nous avons noté que tree11l a été de loin la branche avec le plus de casse observée, principalement à cause de son poids assez

important, et d'une mauvaise manipulation le jour où elle a été mesurée. Sur la Figure 14, nous nous apercevons que tree11l est la branche qui a le plus d'erreur par rapport à la mesure de terrain.

En résumé, ces erreurs vont toutes dans le sens d'une surestimation. Il est donc normal que plantscan3D corrigé surestime les longueurs à l'échelle de la branche. La comparaison des longueurs à l'échelle des axes (Figure 15) confirme cette hypothèse en montrant que l'erreur d'estimation par méthode indirecte est faible (nRMSE : 1%) lorsque nous nous assurons que les axes comparés sont identifiés dans les deux MTG. Nous pouvons aussi encore observer que certains A2 de tree11l présentent une erreur plus élevée que la moyenne, ayant subi un peu plus de casse que les autres branches.

Ces résultats nous donnent donc confiance en l'estimation des longueurs des petites sections par plantscan3D corrigé.

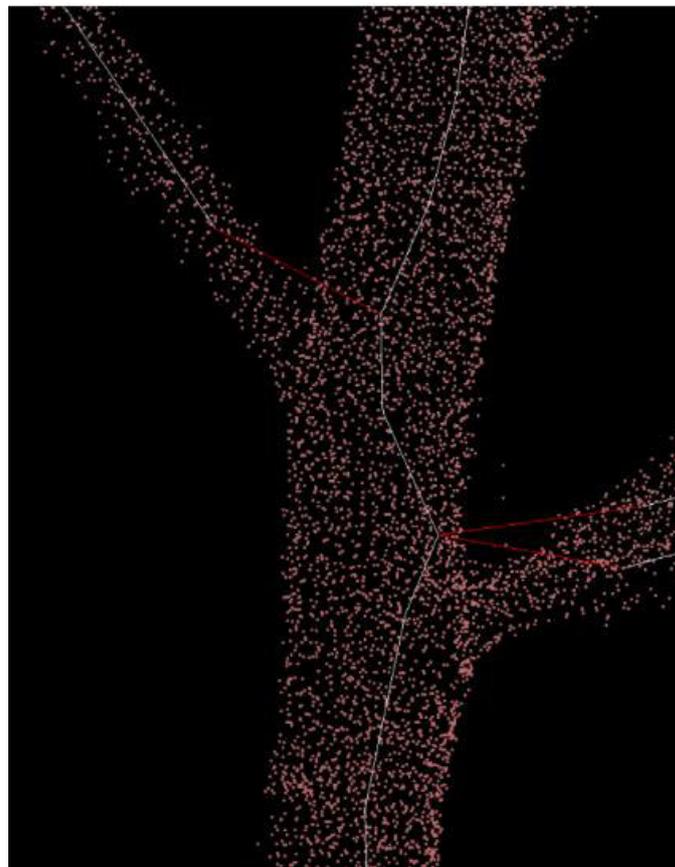


Figure 21: Un exemple de surestimation de la longueur dans plantscan3D dans une structure de grand diamètre.

Dans les Figure 16 et Figure 17, nous voyons que les volumes et les biomasses à l'échelle de la branche sont mal calculés, mais puisque nous avons montré que les MTG à l'échelle de la branche ne correspondent pas entre la méthode directe et indirecte, nous nous attendons à une erreur apparente élevée. Et en effet nous notons une forte surestimation du modèle statistique corrigé pour tree11h et surtout tree11l, qui vient donc confirmer une répercussion des erreurs rencontrées sur la figure précédente.

Le calcul effectué par plantscan3D corrigé donne aussi des surestimations, mais le pipe model corrigé semble centré sur la droite d'identité. Il semble dommage d'avoir eu autant de casse sur le terrain sur au moins deux branches sur les six que comptait l'échantillonnage, car il est difficile d'estimer l'erreur d'estimation des modèles à partir d'un jeu de données biaisé.

Afin de tester le modèle sans être trop impacté ni par la casse, ni la mauvaise reconstruction de la topologie de plantscan3D, nous avons donc comparé les estimations des trois modèles corrigés sur les axes 2 identifiés, c'est-à-dire les sections où nous sommes sûr qu'il n'y a pas eu trop de casse et surtout qui ne manque pas sur la branche.

En prenant en compte uniquement les axes 2 identifiés avec tous les segments qu'ils portent, nous nous retrouvons avec des erreurs d'estimation bien plus faibles, surtout pour le modèle statistique et le pipe model. L'objectif est donc atteint pour les petites structures, et nous confirmons à travers ces résultats que la casse ainsi que les erreurs d'estimation de longueurs de plantscan3D ont grandement impacté nos résultats à l'échelle de la branche entière. L'évaluation des méthodes ne peut donc se faire que sur les axes identifiés.

Toutefois les estimations de volume et de biomasse de deux axes 2 identifiés assez volumineux sont assez éloignées des mesures directes. Il s'agit sans surprise d'un axe de la branche tree11l et un autre moins prévisible cette fois ci, de tree13h. Effectivement l'erreur relative de ceux-ci n'influence que très peu l'erreur relative de biomasse des axes 2 identifiés cumulé d'une branche, en sachant qu'il y en a entre 20 et 40 sur chacune d'entre elles. Mais pour la Figure 20 qui prend en compte les biomasses cumulés de tous les axes 2 identifiés de chaque branche, l'erreur est plus

importante, et nous pouvons voir que ses 2 branches entraînent une sous-estimation du pipe modèle et du stat model à elle deux.

L'erreur cumulée du modèle statistique sur les axes 2 identifiés est de 11 % sur le volume, ce qui est proche des 10% recherchés initialement pour valider la méthode, et ainsi pouvoir appliquer ce modèle à de plus grandes échelles. Quant au pipe model certes plus simple à mettre en place, présente une plus grande erreur cumulée de 31%. Les utilisateurs de la méthode développée dans nos travaux auront donc le choix entre :

- le pipe model, un modèle simple, robuste, sans paramètres et qui ne nécessite aucune mesure manuelle, mais qui donne une erreur moyenne de 31% et un biais de -27%,
- le modèle statistique, un modèle simple à utiliser, donnant une erreur moyenne plus faible de 11% et un biais contenu -8%, mais qui requiert des mesures manuelles pour son paramétrage, à faire au moins sur quelques branches.

Nous avons observé que l'erreur associée à l'estimation d'un axe 2 individuel (et tout ce qu'il porte) est plus faible que l'erreur estimée sur leur cumul. Pour le modèle statistique, on utilisera donc plutôt l'erreur de 11% lorsque l'on raisonne sur des échelles assez grandes (e.g. échelle branche), et l'erreur de 2% lorsque l'on raisonne à une plus petite échelle.

Enfin, il est aussi important de noter que l'on s'attendrait à une erreur d'estimation de la biomasse beaucoup moins importante que 11% à l'échelle d'un arbre entier, puisque l'estimation des volumes de bois pour les structures à plus grande surface de section comme le tronc et les branches charpentières est bien plus précise que celle des petites structures.

V. Conclusion

Les résultats obtenus lors de ce stage sont très encourageants au sujet de l'utilisation du LiDAR pour l'estimation de la biomasse des arbres.

Tout d'abord, la méthode de mesures et le protocole de terrain ont été validés par nos résultats. Ils constituent une base fiable pour l'évaluation des méthodes de reconstruction des branches.

L'estimation des longueurs à l'échelle des axes et même de la branche par plantscan3D est également fiable comme nous le supposions. Les erreurs dans nos résultats provenant principalement de la casse sur le terrain et non de l'erreur issue de la mesure LiDAR ou de la méthode de reconstruction.

Comme attendu, l'utilisation directe du nuage de points pour estimer les diamètres des structures ne permet pas une bonne estimation de la biomasse, avec une forte tendance à la surestimation. Le pipe model permet d'améliorer l'estimation des diamètres, et donc des biomasses, avec une erreur divisée par deux, passant d'un nRMSE de 8% à 4% seulement. Enfin, notre méthode statistique permet une réduction de l'erreur par quatre, avec un nRMSE de seulement 2%.

Ces résultats montrent que le LiDAR peut être utilisé pour l'estimation de la biomasse des arbres, y compris pour les petites structures telles que les rameaux. L'application du pipe model permet de réduire l'erreur d'estimation, est simple à mettre en place et ne requiert aucune mesure et aucun paramètre. Pour réduire l'erreur au minimum, on peut aussi utiliser un modèle statistique, certes plus contraignant pour son paramétrage, mais bien plus précis.

Notre travail permet aussi de souligner l'importance de la minutie et du timing à apporter aux mesures directes. En effet, la casse de certaines structures entre la mesure indirecte et la mesure directe augmente la difficulté de comparaison entre les deux méthodes. Fort de ce constat, nous avons comparé seulement les structures identifiées comme communes dans les deux jeux de données.

Ce stage a permis de développer et de tester des méthodes pour l'estimation de la biomasse des arbres, y compris des petites structures. Ces méthodes pourront être

par la suite évaluées sur d'autres types de gestion (taille, densité de plantation...), variétés, sites ou encore d'autres espèces pour en évaluer la fiabilité et la précision.

Elles seront testées très prochainement lors d'une mission au Sahel, effectué par mon maitre de stage Rémi Vezy qui va effectuer une estimation de la biomasse à l'échelle d'arbres par LiDAR pour paramétrer des équations allométriques pour le passage à l'échelle de la parcelle par mesure photogrammétrique et de la région Sahélienne par image satellitaire.

Cette application directe rend ce travail concret et utile. Les résultats qui en émaneront seront surement très intéressants. Ils représentent l'aboutissement de la première étape de ce projet ambitieux, soucieux de trouver des solutions pour mieux gérer les ressources à l'avenir.

Bibliographie

- Bezanson, J., Edelman, A., Karpinski, S., Shah, V.B., 2017. Julia: A fresh approach to numerical computing. *SIAM Review* 59, 65–98. <https://doi.org/10.1137/141000671>
- Cardona Calle, D., 2017. Gestion communautaire des forêts et agroécologie.
- Dubois, J.-J., 2017. L'évolution des systèmes agroforestiers en France. Leur rôle en agroécologie [WWW Document]. <http://irevues.inist.fr/pollution-atmospherique>. <https://doi.org/10.4267/pollution-atmospherique.5700>
- FAO, 2020a. Report: Global Timber Outlook 2020. Gresham House. URL <https://greshamhouse.com/global-timber-outlook/> (accessed 9.9.21).
- FAO, 2020b. La FAO présente l'analyse la plus complète des ressources forestières sous une forme novatrice [WWW Document]. ONU Info. URL <https://news.un.org/fr/story/2020/07/1073501> (accessed 9.9.21).
- Flourat, A., 2020. Valorisation de co-produits de filières agroindustrielles, de la chimie verte aux applications (PhD Thesis). Reims.
- Godin, C., Caraglio, Y., 1998. A Multiscale Model of Plant Topological Structures. *Journal of Theoretical Biology* 191, 1–46. <https://doi.org/10.1006/jtbi.1997.0561>
- Marchal, R., Brancheriau, L., Candelier, K., Terrasse, F., 2019. Valorization of agroforestry trees compartments into biobased materials and bioproducts: the case of wood branches. CIRAD.
- Millan, M., 2020. Evaluation de La Biomasse Raméale Exploitable Dans Un Système Agroforestier à Partir d'acquisitions LiDAR. CIRAD, Montpellier, France.
- Ploton, P., Barbier, N., Takoudjou Momo, S., Réjou-Méchain, M., Boyemba Bosela, F., Chuyong, G., Dauby, G., Droissart, V., Fayolle, A., Goodman, R.C., 2016. Closing a gap in tropical forest biomass estimation: taking crown mass variation into account in pantropical allometries. *Biogeosciences* 13, 1571–1585.
- Ramage H, et al, 2017. Recolte-bois-Monde.jpg (1251×794) [WWW Document]. URL <https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/3/3e/Recolte-bois-Monde.jpg> (accessed 9.9.21).

Trading view, 2021. Le cours du bois de construction explose tous les records. FinanceBrokerage. URL <https://www.financebrokerage.com/fr/cours-bois-construction-explose-record/> (accessed 9.9.21).

Valentine, H.T., 1985. Tree-growth models: derivations employing the pipe-model theory. *Journal of theoretical biology* 117, 579–585.

Annexes

Annexes 1 protocole terrain :

Protocole terrain Projet AgroBranche :

Dans le cadre du projet Agrobranche visant à valider une méthode d'évaluation rapide de la biomasse sur pied à partir de scans Lidar, des échantillons de noyers ont besoin d'être récupérés sur le terrain afin de collecter des données nécessaires pour la suite.

Cette collecte sera effectuée sur le domaine de Roumassouze à Vézénobres dans le Gard chez Denis et Virginie Florès qui se sont installées en tant qu'agriculteurs sur le domaine en 2010.

6 échantillons identifiables par des morceaux de scotch de couleurs à leurs bases, réparties sur 3 Noyers différents seront donc prélevés méthodiquement pour acquérir les données voulues.

Notre mission se déroulera sur 2 jours (au minimum) le jeudi 1^{er} et le vendredi 2 Avril.

Matériels :

-Pesons -Balances -Sachets avec étiquettes de laboratoire
-Scies -Sécateurs -Table pliable
-Ruban millimétré -Règle -Pied à coulisse

Voici les étapes à suivre :

Étape 1 :

Constituer 2 groupes de 3 personnes.

Couper une branche échantillon par groupe à l'aide de la scie.

Faite attention de bien la couper à la base puis pesée là, à l'aide du peson.

Étape 2 :

Mettre la branche à Terre en faisant attention à ne rien casser ; constituer section par section le MTG en prenant en compte à chaque fois la topologie (Axe X, Section X), la longueur de la section et le diamètre.

La longueur de la section doit être prise de la partie supérieure de la ramification, à la partie supérieure de la ramification suivante comme montré sur le schéma ci-dessous à l'aide d'un mètre à Ruban.

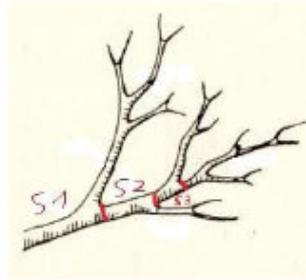


Figure 1: Découpage des sections

En ce qui concerne la mesure du diamètre, il faut faire bien attention car la notation est particulière. Il faut prendre 2 mesures de diamètre avec le pied à coulisse pour chaque section mesurée afin de compenser une potentielle ovalisation de celle-ci.

Une première mesure du diamètre prise (aléatoirement), puis une seconde en tournant le pied à coulisse de 90°.

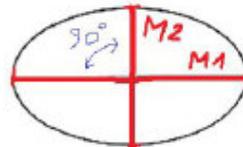


Figure 2: Coupe d'une section de noyer avec les 2 mesures à effectuer (M1, M2)

Un deuxième élément est à prendre en compte pour la mesure du diamètre de la section.

Si la section fait moins d'une trentaine de centimètres alors la mesure du diamètre (2 mesures) doit être faite à peu près à la moitié de la section soit 50 % de la section (Si gros renflement ou autres, décalé la mesure de quelques centimètres). Si la section fait plus d'une trentaine de centimètres alors il faudra effectuer 2 mesures de diamètre (4 mesures) à environ 30% et 70 % de la longueur de la section.

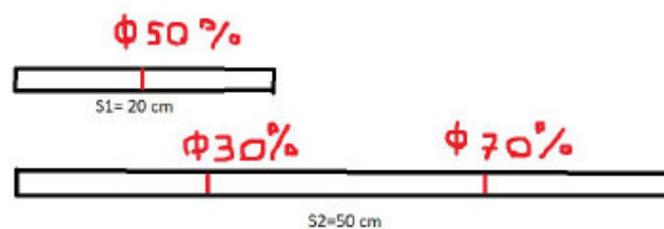


Figure 3: Positionnement des mesures de diamètre sur chaque section en fonction de sa longueur

La saisie dans la colonne des diamètres du MTG est particulière et doit être respectée.
 En effet le tableau présente 4 colonnes pour les diamètres de sections.
 Si la section fait moins d'une trentaine de centimètres, seules les 2 premières colonnes doivent être remplies avec les 2 mesures à 50 %.
 Si la section fait plus d'une trentaine de centimètres, les 4 colonnes doivent être remplies avec d'abord les 2 mesures à 30 % puis les 2 mesures à 70%.
 Voici un exemple de remplissage :

D50_1 ou D30_1	D50_2 ou D30_2	D70_1	D70_2	
XX,X cm	XX,X cm			Si section < de 30 cm
XX,X cm	XX,X cm	XX,X cm	XX,X cm	Si section > de 30 cm

Figure 4: Exemple de remplissage des colonnes Diamètres des sections.

Pour plus d'efficacité les 3 personnes ont chacune un rôle défini.
 Une personne sur le remplissage du tableau MTG.
 Une deuxième prenant les longueurs des sections et indiquant soit le milieu soit les 30 et 70 % suivants les dimensions de la branche.
 Une troisième qui mesure tous les diamètres nécessaires pour chaque section.

Etape 3

Coupez puis pesez tous les axes 2 à l'aide du peson (lorsque l'axe 1 branche) en notant méthodiquement leurs placements sur l'axe principale (ID par exemple).

Ensuite prélevaient une dizaine d'échantillons sur la branche entière (quelques centimètres de longueur) de manière homogène sur l'ensemble de la branche tout en réservant 4 à 5 échantillons le long de l'axe principal.

Une fois ses échantillons prélevés pesés les, noté leurs ID et leurs poids sur une étiquette puis mettez-les individuellement dans les sachets.

Les échantillons devront ensuite être ramenés au laboratoire où on calculera leurs volumes ainsi que leurs masses une fois séchés.