



UNIVERSITE DE RENNES 1



Recolonisation du Héron cendré *Ardea cinerea* en France subséquente à sa mise en protection : Modélisation dans un automate cellulaire

ROMAIN LORILLIERE



*Mémoire de master 2,
Juin 2005*

Sous la direction de :

Alexandre Robert

UMR 5173 MNHN-CNRS-Paris 6

Conservation des espèces, restauration et suivi des populations

Benjamin Boisteau

UMR 6553 Université de Rennes 1

EcoBio équipe "Biologie des Populations et de la Conservation"

Soumis à :

Régine Vignes-Lebbe

Bruno de Reviers

Muséum National d'Histoire Naturelle

Master 2 : Evolution, Patrimoine Naturel et Sociétés

Spécialité : Systématique Evolution Paléontologie, Parcours : Informatique appliqué la biodiversité

Sommaire

INTRODUCTION	4
A. MATERIELS & METHODES	6
1. LE HERON CENDRE.....	6
1.1. <i>Biologie</i>	6
1.2. <i>Distribution, population et habitat</i>	7
2. RECUPERATION DES DONNEES SOUS ARC-VIEW GIS 3.2.....	9
3. TRANSFORMATION ET PREPARATION DES DONNEES SOUS R ET SOUS PERL.....	10
4. TESTS GLM SOUS R.....	12
5. MODELISATION SOUS CORMAS.....	13
5.1. <i>Généralités</i>	13
5.2. <i>Modélisation</i>	15
B. RESULTATS	18
1.1. <i>Les GLM</i>	18
1.2. <i>La modélisation CORMAS</i>	19
C. DISCUSSION	24
1. RESULTATS DES GLM.....	24
2. L'OUTIL "CORMAS".....	26
3. RESULTATS DES MODELES CORMAS.....	26
REMERCIEMENT	29
BIBLIOGRAPHIE	30
ANNEXES	32
1. ANNEXE 1 : LA SYSTEMATIQUE DU HERON CENDRE.....	33
2. ANNEXE 2: PROGRAMME DE FABRICATION DE LA MATRICE DES IDENTIFIANTS REALISES SOUS R.....	34
3. ANNEXE 3 : CODE DU PROGRAMME PERL REALISANT LE TABLEAU D'ANALYSE DE LA LOIRE-ATLANTIQUE AVEC DES BUFFERS DE 5 KM.....	35
4. ANNEXE 4 : CODE DU PROGRAMME PERL REALISANT LE TABLEAU D'ANALYSE DE LA FRANCE.....	40
5. ANNEXE 5 : CALCULS DES GLM SOUS R.....	45
5.1. <i>La Loire-Atlantique avec des carrés de 1,2 Km sur 1,2 Km</i>	45
5.2. <i>La Loire-Atlantique avec des 800 m sur 800</i>	48
5.3. <i>France avec des carré de 10 Km sur 10 Km</i>	50
6. ANNEXE 6 : CODE ET ARCHITECTURE DU MODELE HERON REALISE SOUS CORMAS EN LANGAGE SMALLTALK.....	55

Photo couverture : Deux jeunes Hérons cendrés sur l'aire de reproduction, dans une héronnière de Nantes, juin 2005 (réalisation Lorrilliere)

Table des figures

Figure 1 : Héron cendré adulte dans les marais de Guérande (réalisation Lorrilliere 2005)	6
Figure 2 : Distribution mondiale du Héron cendré <i>Ardea cinerea</i> (D'après Del Hoyo 1992, modifié)	7
Figure 3 : Carte de la répartition des colonies de Hérons cendrés sur le territoire métropolitain français sur fond de carte de potentialité d'habitat (HS; extrait de Arc View 2005).....	10
Figure 4 : Représentation des entrées et sorties du programme réalisé sous R	11
Figure 5 : Boite de dialogue (extrait de Cormas 2005) pour la définition des entités	15
Figure 6 : Exemple de code d'un des attributs de la classe Patch (extrait de Cormas 2005)	15
Figure 7 : Exemple de la définition du point de vue dont la variable est qualitative (extrait de Cormas 2005)	16
Figure 8 : Exemple de la définition d'un point de vue dont la variable est quantitative (extrait de Cormas 2005).....	16
Figure 9 : Exemple de l'affichage du nombre de colonies par cellule (extrait de Cormas 2005).....	17
Figure 10 : Carte de la France de la qualité d'habitat pour le Héron cendré réalisée par Boisteau (Extrait d'Arc View GIS 3.2).....	17
Figure 11 : Importation de la carte de qualité d'habitat dans Cormas et affichage avec le point de vue povHS (extrait de Cormas).....	17
Figure 12 : Zones de présence effectives de colonies de Héron cendré en France pour les années 1985, 1989,1994, 2000	19
Figure 13 : Répartition des colonies de Héron cendré en France obtenue par une simulation sous Cormas avec le modèle de qualité de l'habitat pour les années 1985, 1989, 1993,2005. Le gradient de couleur est étalé entre 0 et 10. (Extrait de Cormas)	20
Figure 14 : Répartition des colonies de Héron cendré en France obtenue par simulation sous Cormas avec le modèle intégrant les colonies de Héron au pas de temps précédent et la qualité de l'habitat pour les années 1985, 1989, 1993,2005. . Le gradient de couleur est étalé entre 0 et 10. (Extrait de Cormas)	20
Figure 15 : Répartition des colonies de Héron cendré en France obtenue par 10 simulations de Monte Carlo sous Cormas avec le modèle intégrant les colonies de Héron au pas de temps précédent et la qualité de l'habitat sous la forme d'une équation polynomiale pour les années 1985, 1989, 1993,2005. Le gradient de couleur est étalé entre 0 et 1,5. Pour les années 1985 et 1989 nous avons sous Adobe Photoshop superposé les véritables cartes de répartition aux mêmes dates (Extrait de Cormas).....	23

Table des Graphiques

Graph 1 : hsMean en fonction de hs et l'équation de la droite de régression linéaire.	19
Graph 2 : Différents nombres de colonies en France prédit par les modèles et le nombre issu des comptages en fonction des années (Réalisé sous Excel XP).....	21
Graph 3 : Nombre de colonies en France issu d'une simulation du modèle polynomial en fonction des années (Réalisé sous Excel XP)	21
Graph 4 : Nombre de colonies en France issu de 50 simulations de Monte Carlo sur le modèle polynomial et extrapolation du nombre de colonies présentes en France à partir d'une courbe de régression exponentielle (Réalisé sous Excel XP).....	22



Introduction

Il est souvent supposé que la préoccupation de la protection de l'environnement est un comportement contemporain. En effet la conservation en tant que discipline scientifique n'en est qu'à ses balbutiements. Cependant cela fait déjà bien longtemps que l'homme se soucie de son environnement ; certaines lois du moyen age visaient déjà à protéger les espèces de gibier ainsi que certaines espèces rares (Rocamara & Yeatman-Berthelot 1999).

Bien que le phénomène d'extinction fasse partie intégrante du processus évolutif 'naturel' de chaque espèce, la vague de disparition d'espèces observée à l'heure actuelle est comparable en amplitude aux rares phénomènes d'extinction de masse révélés par les documents géologiques (Leakey & Levin 1995). Cette accélération est largement attribuée aux activités humaines. Malgré le fait que de nombreuses extinctions d'espèces soient causées par des persécutions directes de l'homme telle que la chasse (en France plusieurs millions d'oiseaux par an ; Yeatman-Berthelot & Jarry 1995) ou la pêche intensives, on estime que la dégradation, la destruction et la fragmentation de l'habitat sont des facteurs qui mettent également en danger la persistance de la majorité des espèces menacées à l'heure actuelle. La dégradation de l'habitat fait intervenir des facteurs biotiques ou abiotiques, à diverses échelles spatiales (allant des conséquences directes et indirectes des changements physico-chimiques globaux provoqués par l'industrialisation jusqu'à la dégradation de micro-habitats très particuliers). Dans la mesure où les causes primaires qui mènent à la réduction et à l'extinction de nombreuses populations et espèces sont souvent d'origine anthropique (Lacy & Miller 2002), les outils les plus efficaces pour sauvegarder certaines espèces et populations ne relèvent pas nécessairement de la biologie mais plutôt de la sociologie, de l'économie ou de la politique. Ainsi, au titre des mesures de protection des espèces et de leur habitat, bon nombre de dispositions légales ont été prises (Yeatman-Berthelot & Jarry 1995). De plus les soustractions de certaines espèces à la chasse et à la destruction ont eu pour elles des conséquences favorables immédiates. Ce fut le cas en particulier pour le Castor d'Europe *Castor fiber* (Halley & Rosell 2002), le Loup *Canus lupus* (Lawler *et al.* 2002), le Grèbe huppé *Podiceps cristatus*, le Grand Cormoran *Phalacrocorax carbo*, le Héron cendré *Ardea cinerea*, l'Aigrette gazette *Egretta garzetta*, quelques rapaces et les goélands (liste non exhaustive ; Yeatman-Berthelot & Jarry 1995).

La modélisation est devenue un outil largement utilisé depuis son apparition dans le contexte de conservation dans un but de projection. En particulier, les analyses de viabilité de population (PVA) permettent d'intégrer des facteurs déterministes et stochastiques spécifiques dans des modèles mathématiques ou informatiques afin d'en inférer des estimations quantitatives de paramètres tels que les temps moyens d'extinction des populations, ou la probabilité de persistance après une période donnée (Gilpin & Soulé 1986 ; Morris & Doak 2002).

Nous pouvons introduire ici trois grandes méthodes de modélisation permettant entre autres de réaliser des PVA

- Modèles de populations structurés en classes (modèles population-centrés ou classe-centrés) : des effectifs de classes fonctionnelles (age, sexe, ...) sont représentés sous forme vectorielle, et la transition d'un vecteur t à $t+1$ se fait grâce à une matrice de transition (Caswell 2001)
- Modèles individu-centrés : les individus sont décrits explicitement ce qui permet de modéliser les variations entre ces individus (par exemple génétiques) (Letcher *et al.* 1998)
- D'autres approches récentes permettent une description plus explicite de l'espace physique : les automates cellulaires et les SMA



Un automate cellulaire est un outil informatique de modélisation dans lequel les individus ne sont pas directement représentés, mais dont on considère l'inscription de leurs comportements au niveau d'entités spatiales élémentaires (les cellules). A la différence des approches mathématiques, l'environnement spatial du système est représenté par une grille de cellules dont le modélisateur définit des règles d'évolution selon le principe de l'autocorrélation spatio-temporelle : l'état d'une cellule au temps $t+1$ dépend de l'état de cette cellule et de son voisinage au temps t . Ainsi, la dynamique du système repose sur les interactions locales entre entités spatiales voisines.

Les définitions des Système Multi-Agents (SMA) sont nombreuses et varient suivant les champs d'applications. Afin d'introduire les SMA dans un cadre relativement général, Bousquet (Bousquet *et al.* 1995 in Laperriere 2004) donne la description suivante :

«Pour modéliser des phénomènes complexes, les systèmes multi-agents représentent les agents du monde observé et leurs comportements. Elaborer un système multi-agents revient à reproduire un monde artificiel ressemblant au monde observé en ce sens qu'il est composé de différents agents, de façon à y mener diverses expériences. Chaque agent est représenté comme une entité informatique dotée d'une autonomie, capable d'agir localement en réponse à des stimulations ou à des communications avec d'autres agents et de se représenter son environnement.»

Le Héron cendré est aujourd'hui en France une espèce commune, cependant cela n'a pas toujours été le cas. En effet cet échassier fut presque éradiqué de France à la fin du XIX^e siècle par une chasse et une destruction abusive. C'est après sa mise en protection en 1975 que ses effectifs ont connu une dynamique impressionnante lui permettant de réaliser une recolonisation de son ancienne aire de répartition (Marion 1997). Des recensements plus ou moins réguliers depuis 1962 ont permis de suivre cette dynamique, et aujourd'hui la base de donnée que nous possédons sur cette espèce moyennement longévive est un très bel exemple de recolonisation. Dans ce cadre, au vu de l'hostilité résiduelle d'une certaine catégorie de la population humaine envers cet oiseau il peut être intéressant de pouvoir réaliser un modèle permettant une projection de la colonisation future du Héron cendré et ainsi de pouvoir réaliser des sensibilisations auprès des populations humaines à risque pour l'échassier.

Dans le cadre de cette étude, nous allons chercher à modéliser la dynamique de recolonisation du héron cendré subséquente à sa classification en espèce protégée. Nous chercherons à analyser dans quelle mesure celle-ci est influencée par la qualité d'habitat et par la présence de colonie à plus ou moindre proximité.

En particulier, nous voulons savoir dans quelle mesure se réalise de proche en proche l'extension des colonies, et à quelle échelle géographique. Nous discuterons ce résultat à la lumière du comportement de prospection alimentaire qui peut emmener un individu jusqu'à 40 km de sa colonie et de la dispersion migratoire post-reproduction dans laquelle le héron peut parcourir plusieurs milliers de kilomètres.

Enfin nous estimerons la qualité de nos modèles réalisés à deux échelles d'observation puisqu'un premier modèle sera réalisé à l'échelle du département de la Loire-Atlantique et un second à l'échelle de la France. Nous discuterons pour conclure de la possibilité de réaliser une projection dans la mesure où ces modèles sont réalisés avec le prédicat suivant ; la colonisation en fonction du milieu et le milieu lui-même sont stables.

A. Matériels & méthodes

1. Le Héron cendré

1.1. Biologie

Le Héron cendré est assurément l'espèce de Héron (Ardeidae), la mieux connue. D'une longueur proche du mètre, d'une envergure de 1,95 m et d'un poids de 1,9 Kg, c'est aussi l'un des plus grand Ardéidés d'Europe. C'est grâce à ses longues pattes (> 30 cm), à son long cou et à son bec large et puissant en forme de poignard que cet oiseau est un prédateur efficace en eau peu profonde (Del Hoyo, Elliot & Sargatal 1992).



Figure 1 : Héron cendré adulte dans les marais de Guérande (réalisation Lorrilliere 2005)

a) Régime alimentaire

Son régime alimentaire est très hétéroclite. En effet, cette espèce opportuniste qui se nourrit de jour comme de nuit, possède une alimentation qui dépend des zones exploitées, de la saison (Cramps & Simmons 1977) et de la fluctuation des populations de ses principales proies (Marion *et al.* 2001). Ainsi en Roumanie il se nourrit essentiellement de poissons alors qu'en Italie les insectes représentent une part importante de son alimentation (Moltoni 1936). En France on peut noter une variation alimentaire au sein d'un même département. En Loire-Atlantique, la colonie du lac de Grand-Lieu consomme en poids majoritairement du poisson (Feunteun & Marion 1989), en revanche dans le parc de Brière celle-ci se nourrit principalement d'Ecrevisses américaines *Orconectes limosus* qui envahissent les marais. En ce qui concerne la variation saisonnière, lors de la période de reproduction, les poissons fournissant un meilleur bénéfice énergétique (Hafner & Moser 1980, Marion 1988) sont favorisés. Par contre l'hiver et l'été ceux-ci font défaut et sont quasiment absent du régime alimentaire dans lequel ils sont remplacés par les micromammifères.

b) Comportement de prédation

La technique de chasse la plus utilisée est la chasse à l'affût avec de l'eau jusqu'en haut des pattes. Cependant d'autres méthodes ont été observées, la prospection des berges, la course avec les ailes à demi déployées, la nage ainsi que le plongeon (Lowe 1954 *in* Hancock & Kushlan 1989).

Les territoires alimentaires des hérons sont en général individuels contrairement à leur comportement grégaire au sein d'une colonie. Une colonie est définie comme un ensemble de nids présents dans une unité de végétation continue. L'effectif de celle-ci augmente de sa naissance jusqu'à sa stabilisation c'est à dire lorsque l'adjonction de nouveaux territoires alimentaires atteint la limite d'éloignement à la colonie au-delà de laquelle les contraintes énergétiques atteignent un seuil incompatible avec l'élevage d'une nichée (Marion 1984). La zone journalière de prospection alimentaire pour les reproducteurs, s'étale de 15 à 40 Km autour de la colonie. Ainsi de très grandes distances sont parcourues par les oiseaux ; souvent plus de 5 000 Km par an, pour le nourrissage des jeunes. (Marion 1984).

c) Cycle de vie et reproduction

Les Hérons cendrés vivent au maximum jusqu'à 25 ans et se reproduisent pour la première fois à l'âge de 2 ans. Cependant des cas de reproduction sub-adultes sont connus et les couples formés d'un adulte et d'un sub-adulte sont estimés entre 9 et 19 % (Campos & Fraile 1990). Les hérons sont monogames et fidèles envers leur colonie, par contre une fidélité à la plate forme de reproduction n'a pas été établie et le contraire tend à être montré. L'aire de reproduction est juste un amas de branches très succins que le mâle construit dès le mois de février et sur lequel il tente d'attirer les femelles par des parades incessantes et bruyantes. La femelle pond 4 ou 5 œufs qui incubent de 25 à 26 jours (Hancock & Kushlan 1989). Les jeunes nourris par les deux parents seront emplumés à partir de 50 jours et ne quitteront l'aire que 2 ou 3 semaines plus tard. Dans les années de disette le plus jeune des oisillons peut ne pas survivre (Hancock & Kushlan 1989).

1.2. Distribution, population et habitat

Le Héron cendré est présent sur tout l'ancien continent à l'exception de son extrême nord, du Sahara, du désert d'Arabie, de l'Australie et de quelques îles océaniques (Hancock & Kushlan, 1989).

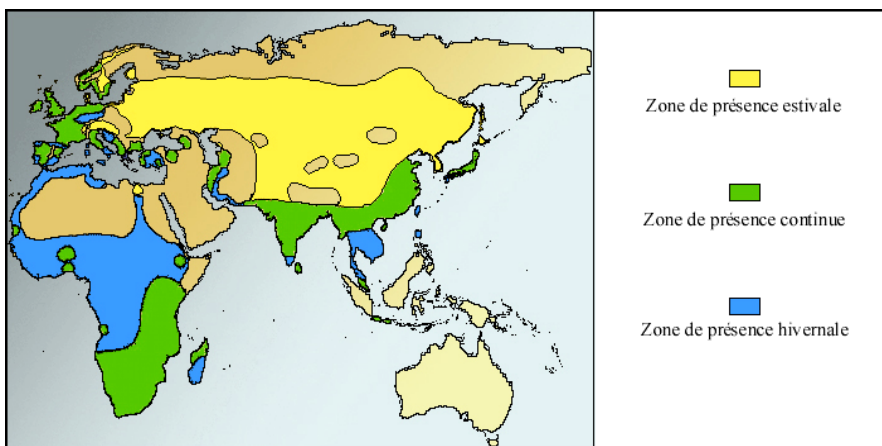


Figure 2 : Distribution mondiale du Héron cendré *Ardea cinerea* (D'après Del Hoyo *et al* 1992, modifié)



a) Généralités

Le Héron cendré est très tolérant en ce qui concerne son habitat. En général cet oiseau utilise des arbres pour sa reproduction, et son alimentation exige la présence d'eau peu profonde où il pourra se nourrir. Les sites de pêche peuvent être des rivières, des fleuves, des douves, des mares... Il recherche pour établir ses colonies, des lieux où la longueur des rives est très importante (Marion 1988, Boisteau 2002) Cependant il n'est pas rare de l'observer dans des prairies où il se repose et éventuellement se nourrit (Hancock & Kushlan, 1989).

Aujourd'hui il est admis comme nicheur dans la majeure partie de l'Eurasie, cependant aucune estimation fiable n'existe. Wetlands International (2002) estime qu'il existe entre 236 000 et 281 000 couples nicheurs. La population nicheuse européenne est quant à elle estimée avec un peu plus de précision (150 000 – 180 000 couples ; Marion *et al* 2000).

Des fluctuations importantes peuvent se produire dans les effectifs des populations, ainsi en Grande-Bretagne la survie des adultes et des jeunes de moins d'un an dépend de la sévérité des hivers (North 1979 *in* Hancock & Kushlan 1989). En France en revanche, et notamment en Bretagne où l'espèce est très largement répandue il n'y a pas de différence statistiquement avérée du taux de mortalité que les hivers soient rigoureux ou doux (Marion 1980).

b) Recensement en France

Les effectifs nicheurs français sont bien connus depuis plusieurs décennies car sous l'égide de la SEPNB (aujourd'hui nommé Bretagne Vivante - SEPNB), puis sous celle du Muséum National d'Histoire Naturelle de Paris et de l'Université de Rennes 1 de nombreux recensements ont été réalisés. Le premier a été réalisé en 1962, ils se sont succédés ensuite tous les 7 ans jusqu'en 1981 (1962, 1968, 1974, 1981), puis tous les 4 à 6 ans (1985, 1989, 1994, 2000). Ces recensements ont permis de mieux connaître l'évolution de la dynamique de l'espèce consécutive aux mesures de protection adoptées en 1975 (Marion 1997).

Avant cette date les Hérons cendrés ont subi une pression de chasse très importante. Au début du XIX^{ème} siècle il semble que l'espèce était présente sur l'ensemble du territoire français, alors qu'à la fin de celui-ci elle n'était plus présente en France que principalement sur 3 sites importants. En 1928 on notait 350 couples dans 5 colonies (Marion *et al.* 2000). Cette diffusion s'est un peu accélérée lors de la seconde guerre mondiale (malgré les persécutions toujours importantes des pêcheurs et pisciculteurs) par l'interdiction de la chasse. Cependant en 1974, année précédant la mise en protection intégrale de l'espèce la France comptait 4 500 couples.

Les résultats fournis par les recensements montrent que le Héron cendré réalise une véritable recolonisation de son ancienne aire de répartition depuis 1975. Les populations jusqu'alors isolées dans l'Est, le Nord et l'Ouest se rejoignent dans les années 1980 grâce à une démographie exceptionnelle : 10 000 couples dans près de 200 colonies en 1981, près de 20 000 couples dans environ 450 colonies en 1989, puis environ 26 700 couples dans 660 colonies en 1994 (Marion 1991, 1994, 1997, Marion *et al.* 2000). Ainsi le héron a poursuivi sa croissance démographique alors même que certaines régions souffraient d'une saturation en effectif. Ceci a été permis par une expansion géographique et écologique puisqu'il a utilisé des milieux sub-optimaux (Marion 1997, Boisteau & Marion *soumis*).

La Loire-Atlantique est en 1994 le département phare pour cette espèce avec 2 244 couples et notamment grâce à la colonie du Lac de Grand-Lieu qui compte 979 nids (Marion 1997). La 1^{ère} guerre mondiale a sûrement favorisé sa naissance et elle est devenue par la suite la plus importante au monde. L'augmentation importante des effectifs nicheurs de cette colonie ligérienne, malgré une époque où la persécution était de règle, est due à son installation dans des forêts flottantes très difficile d'accès (Marion 1984). Ce département qui comptait 1 412 couples en 1985 a affiché une forte progression alors que ses effectifs plafonnaient depuis vingt ans. La population départementale de hérons y est très influencée dans son choix de sites de nidification par la présence de marais caractérisés par un maillage très dense de douves (Boisteau 2002). Ceci permet aux hérons une prospection alimentaire plus aisée. Ils localisent en général leur colonie au centre de gravité de l'aire d'alimentation. Cependant, le choix d'un site inaccessible à l'homme qui évite le dérangement (Marion & Marion 1987, Marion 1988), peut justifier, comme c'est le cas pour la colonie du Lac de Grand-Lieu d'être excentré par rapport à l'aire de prospection alimentaire. En effet ces hérons se nourrissent en limite d'aire puisqu'ils parcourent 40 Km pour rejoindre chaque jour la baie de Bourgneuf afin de s'alimenter. Pour ce département des études récentes basées sur l'analyse factorielle de la niche écologique (ENFA ; Boisteau & Marion 2004) ont permis le calcul d'un indice de la potentialité de l'habitat. Celui-ci permet de mettre en évidence les zones potentiellement attractives pour l'espèce. Ainsi l'on sait qu'il ne reste, en Loire-Atlantique, que deux sites favorables aux Hérons cendrés qu'ils n'exploitent pas.

2. Récupération des données sous Arc-View GIS 3.2

Pour réaliser ce travail toutes les données sont obtenues sous des formats (extension) lisibles par Arc View GIS 3.2. Ce logiciel est un système d'information géographique (SIG), il permet l'analyse simultanée et croisée de différentes couches d'informations. Un SIG est un outil servant à la collecte, à l'analyse, au traitement et à la représentation de données spatiales et éventuellement temporelles.

Les données sont récupérées sous trois types de format. Le premier est un fichier de forme ArcView appelé *shape* (.shp). Ce format est constitué d'éléments vectoriels (points, lignes ou polygones) caractérisés par une table attributaire exportable au format .txt. Ces éléments sont géoréférencés en Lambert II étendu pour la France. L'utilisation d'ArcView permet la visualisation de ces données. Sous ce format nous avons récupéré la carte des localisations et effectifs des colonies de Hérons cendrés en France aux dates des comptages nationaux (1962, 1974, 1981, 1985, 1989, 1994 et 2000). Le second type est un fichier raster ArcView appelé *grid*. Ce type de fichier correspond à une grille dont chaque cellule ou pixel est caractérisé par une valeur. Ce type de fichier peut être exporté au format ASCII. Sous ce format nous avons récupéré la carte de potentialité d'habitat HS (Habitat Suitability) pour le Héron cendré en Loire-Atlantique à maillage de 100 m sur 100 m calculé par Boisteau et Marion (2004). Enfin le dernier type de format est également un fichiers raster, mais pour Idrisi, un autre logiciel de SIG qui possède ses formats spécifiques. Sous ce dernier format nous avons obtenu la carte des HS pour la France, calculée pour des carrés de 10 Km sur 10 Km. Afin de réimporter ces données dans ArcView, nous avons dû utiliser une extension particulière (AV2IDRISI) téléchargeable sur le site de l'éditeur d'ArcView (ESRI).

De ces thèmes nous voulons obtenir à deux échelles différentes une grille dans laquelle pour chaque case nous connaissons le nombre de colonies et leurs effectifs, ainsi que la moyenne de potentialité d'habitat de cette case. Les deux échelles d'analyses étant la Loire-Atlantique et la France.

Commençons par étudier la fabrication des données ligériennes (c'est-à-dire du département de la Loire-Atlantique). Par des soucis de modélisation, et en vue des capacités de Coramas nous avons décidé de modéliser la Loire-Atlantique par des carrés de 800 m de coté. Or les cartes de HS pour ce département étaient basées sur un quadrillage de 100 m sur 100 m, il nous a donc fallu établir un nouveau quadrillage.

Celui-ci a été construit grâce à un script nommé *Planymetrie*. Il réalise un quadrillage de mailles souhaitées qu'il suffit de convertir en *shape file*. Ensuite en utilisant la fonction "summarize zones" de "spatial analyst" (Extension de ArcView), nous avons obtenu la moyenne de la potentialité d'habitat pour chaque carré. Pour georéférencer chaque carré, nous avons utilisé le script ArcView *AddXYcoordToFTab* qui ajoute,

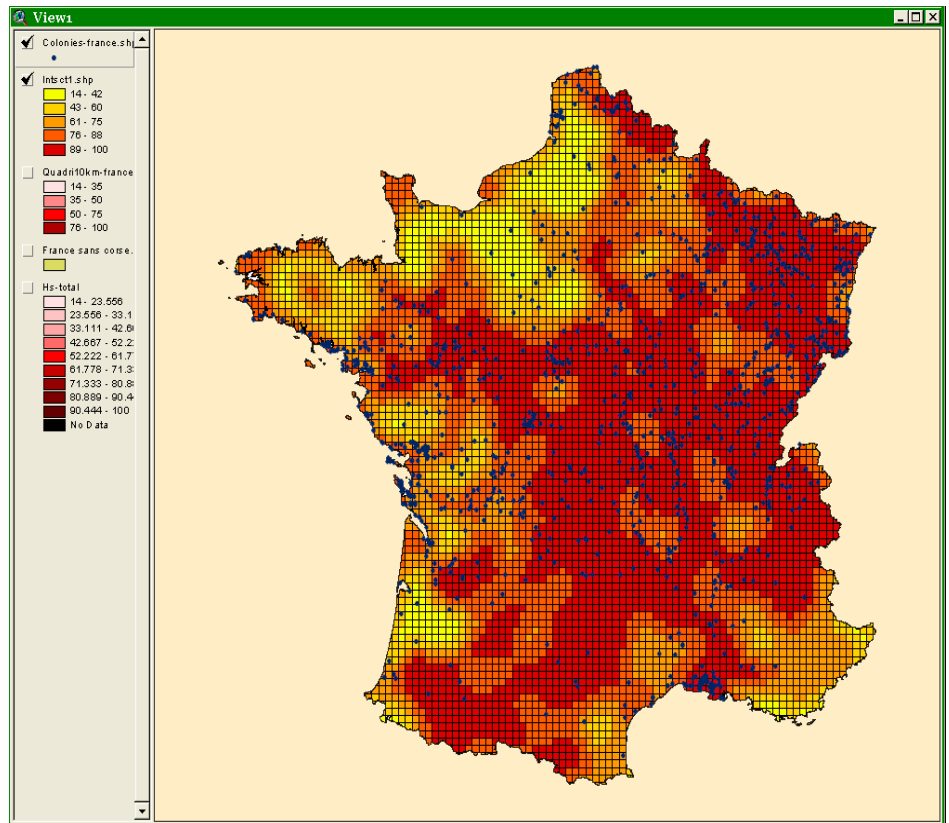


Figure 3 : Carte de la répartition des colonies de Hérons cendrés sur le territoire métropolitain français sur fond de carte de potentialité d'habitat (HS; extrait de Arc View 2005)

en plus de l'identifiant de chaque case, les coordonnées X Y de son centre en lambert II étendu. Enfin nous avons réalisé l'intersecte (Spatial Join) entre le quadrillage et la table des colonies de hérons pour connaître l'identifiant de la case à laquelle appartient chaque colonie. Pour la Loire-Atlantique j'ai également réalisé un quadrillage de 12000 m de coté (multiple de 800 m) pour lequel les mêmes étapes ont été respectées.

A l'échelle de la France, les étapes identiques ont été utilisées, pour réaliser un quadrillage de 10 Km de coté avec un identifiant, une valeur moyenne du HS, ainsi que leurs coordonnées.

J'ai pu ainsi exporter au format *.txt* les tables obtenues. Pour la Loire-Atlantique à deux échelles différentes (800 m et 12000 m) puis pour la France : celle des colonies avec les identifiants et les effectifs et celle des HS avec les identifiants et les coordonnées.

3. Transformation et préparation des données sous R et sous PERL

A partir des données extraites de Arc View nous projetons de réaliser un GLM (modèle linéaire généralisé). Pour cela il nous faut un tableau par étude, dans lequel un certain nombre de champs décrivent les carrés. Ainsi nous devons fabriquer 3 tableaux, le premier pour réaliser l'étude en Loire-Atlantique avec des carreaux de 12 000 m de

coté, le second toujours limité à ce département mais avec des carreaux de 800 m de coté et enfin le dernier pour la France dont les carrés ont des cotés de 10 000 m. Pour une plus grande robustesse des résultats des GLM, sur ces 3 niveaux d'analyse, nous réaliserons le tableau pour 3 années (1985, 1989, et 1994). De plus comme nous voulons étudier la dynamique de colonisation nous notons dans les tableaux le nombre de nouvelles colonies dans chaque carré en fonction des effectifs du comptage précédent (1985 en fonction de 1981, 1989 en fonction de 1985 et 1994 en fonction de 1989). Nous avons choisi ces années pour avoir entre chaque comptage un intervalle relativement constant qui est de 4 ans pour 1985 et 1989 et 5 ans pour 1994.

En ce qui concerne le tableau des carrés de 12 000 m en Loire-Atlantique je l'ai construit manuellement par observation dans Arc View. En effet le petit nombre de cellules (71) m'a permis de procéder ainsi. J'ai donc construit un tableau dans lequel figure par carré la valeur du HS moyen, le nombre de carrés de 100 m par 100 m dont le HS est supérieur à 35 car Boisteau a montré qu'en Loire-Atlantique des valeurs inférieures à celle-ci étaient un réels freins à l'installation du Héron (Boisteau & Marion 2005). De plus j'ai également ajouté ces deux mêmes champs pour l'ensemble des carrés mitoyens aux carrés étudiés. Ensuite j'ai indiqué le nombre de nouvelles colonies et l'évolution de l'effectif. Enfin pour le carré ainsi que pour les carrés adjacents j'ai décrit l'état des colonies lors du précédent comptage (nombre de colonies et effectifs). Pour finir un champ année est ajouté pour pouvoir assembler les trois années dans une analyse commune.

En ce qui concerne les deux autres analyses, le nombre de carrés étant beaucoup plus grand (11 290 pour la Loire-Atlantique et 5 760 pour la France) j'ai dû réaliser un programme pour la fabrication de la table. Ces deux programmes sont basés sur le même principe. Tout d'abord sous R (langage très approprié pour la manipulation de matrices), j'ai réalisé la matrice des identifiants des cellules en fonction de leurs coordonnées X et Y pour pouvoir ensuite connaître leurs voisins¹.

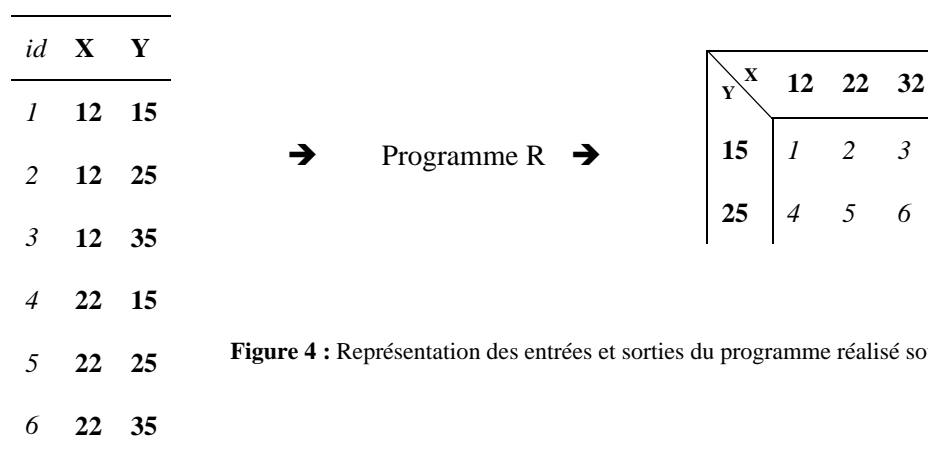


Figure 4 : Représentation des entrées et sorties du programme réalisé sous R

Cette nouvelle table est alors incluse en dur dans le programme PERL² qui fabrique le tableau pour la réalisation du GLM. Les deux programmes fonctionnent de la même manière. On y introduit la table des identifiants des

¹ Voir annexe 2 : Code du programme réalisé sous R

² Voir annexes 3 et 4 : Code des programmes PERL



cellules, la table des HS, ainsi que la table des colonies de hérons pour chaque année. Par plusieurs boucles récursives, le programme analyse l'ensemble des cellules et leur voisinage pour finalement écrire dans un fichier au format texte le tableau obtenu. Ainsi nous obtenons pour chaque carré de la Loire-Atlantique des informations sur la qualité d'habitat (mean_HS et le nombre de pixels de 100 m de coté dont le HS est supérieur à 35), sur l'évolution des colonies de hérons (nombre de nouvelles colonies et effectifs de hérons dans le carré) et enfin l'état des colonies (effectifs et nombres de colonies) lors du précédent comptage dans le carré, dans un rayon de 5 Km 10 Km et 30 Km. Pour éviter que les données ne soient redondantes les rayons s'excluent. Ainsi le rayon de 30 Km est un anneau de 10 à 30 Km. Nous obtenons pour la France un tableau similaire avec pour la description de l'habitat, la valeur du HS du carré et la moyenne de celle des carrés mitoyens, et pour l'évolution des colonies, le nombre de nouvelles colonies et l'évolution des effectifs et enfin l'état des colonies lors du précédent comptage dans le carré et d'une manière exclusive dans un rayon de 1 carré, 2 carrés, 3 carrés et 5 carrés (effectifs et nombre de colonies). Pour ces deux tableaux de Loire-Atlantique et de France un champ est ajouté contenant l'année.

4. Tests GLM sous R

GLM et ENFA

Les modèles linéaires généralisés ou GLM (General Linear Model) sont avec les analyses factorielles de la niche écologique ou ENFA (Ecological Niche Factor Analysis), les deux principales méthodes pour décrire et prédire les habitats potentiels des être vivants.

Les GLM qui utilisent les données de présence et d'absence semblent être la méthode la plus efficace pour décrire l'habitat potentiel chez les oiseaux dans la majorité des cas. Cependant lorsque les données de présence sont rares ou lorsque les données d'absences n'existent pas, il est convenus d'utiliser l'ENFA ou seules les données de présence sont analysées (Hirzel *et al* 2002, Brotons *et al.* 2004) comme l'a fait Boisteau (2005) pour le calcul des cartes de potentialité d'habitat (HS) du héron.

Les GLM sont une extension des modèles linéaires ou LM (Linear Model). Cependant cette méthode, plus générale permet d'éviter certaines contraintes du modèle linéaire, qui limitent classiquement ses approches par l'ANOVA ou la régression linéaire. Contrairement à ce dernier qui suppose que les données sont distribuées normalement, le GLM va tout d'abord autoriser la fixation explicite des lois de distribution des variables utilisées par le modèle comme par exemple une loi de distribution binomiale ou de Poisson. De plus, contrairement au modèle linéaire, le GLM ne suppose pas que l'homogénéité des variances soit respectée. Enfin notons que les GLM permettent de gérer beaucoup plus de variables, que ce soit des variables explicatives ou des variables expliquées. Et surtout ces modèles vont mieux gérer le problème qu'entraîne l'utilisation de variables très corrélées.

Le logiciel utilisé, R (R Development Core Team 2004), est un programme de statistiques manipulant des objets et utilisant un langage et des commandes analogues à celles du logiciel S-plus (<http://www.statsci.com/>). Il nous semble utile de donner brièvement ici les commandes et fonctions exactes utilisées pour l'analyse GLM. Les trois niveaux d'analyse ayant été soumis au même test nous allons décrire seulement le test réalisé sur la France³.

```
data85 = read.table("ExportGLM-France85.txt", header = T)
model = glm(newCol ~ col + eff + hs + hsMean + col1 + eff1 + col2 + eff2 + col3 +
eff3 + col5 + eff5 + an , family= poisson)
summary(step(model))
```

On note que dans les modèles GLM la variable à expliquer est le nombre de nouvelles colonies (*newCol*). La

³ Voir annexe 5 : détail de travail sous R

fonction *step* utilisée de manière standard pour l'ensemble des modèles, nous a permis de déterminer dans chaque cas le modèle le plus parcimonieux. Elle est basée sur le critère AIC (Akaike Information Criterion). L'AIC est un estimateur de la qualité du modèle qui tient compte à la fois de la déviance du modèle (et donc de la capacité à expliquer les données observées) et du nombre de variables utilisées (c'est-à-dire de la parcimonie du modèle ; Akaike, 1974). C'est le *summary* (résumé) qui nous permet d'obtenir des coefficients prédictifs (estimateurs). Ce résumé peut nous permettre de constater qu'une variable explicative n'est pas significative. Dans ce cas nous construisons un dernier modèle GLM sans cette variable et nous testons la différence entre ce modèle et le précédent à l'aide d'une ANOVA. L'analyse de la variance (ANOVA) a pour objectif d'étudier l'influence d'un ou plusieurs facteurs sur une variable en comparant la variance expliquée par les facteurs à la variance résiduelle.

Ceci a été réalisé sur les 3 années. Enfin nous avons rassemblé les 3 années les unes à la suite des autres pour obtenir un nouveau modèle, plus robuste.

```
data85 = read.table("ExportGLM-France85.txt", header = T)
data89 = read.table("ExportGLM-France89.txt", header = T)
data94 = read.table("ExportGLM-France94.txt", header = T)
data = rbind(data85,data89,data94)
model = glm(new_col ~ col + eff + hs + hsMean + col1 + eff1 + col2 + eff2 + col3 +
eff3 + col5 + eff5 + an , family = poisson)
summary(model)
summary (step(model))
```

De la même manière le *summary* sur le modèle obtenu par la fonction *step* nous donne des coefficients.

5. Modélisation sous Cormas

5.1. Généralités

a) Cormas et le CIRAD

Le Cirad (Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement) est l'institut français de recherche agronomique au service du développement des pays du Sud et de l'outre-mer français. Il a choisi le développement durable comme ligne de force de son action à travers le monde. Cette démarche prend en compte les conséquences écologiques, économiques et sociales, à long terme, des processus de transformation des sociétés et des territoires du Sud.

Ainsi ce centre de recherche a conçu un outil, nommé Cormas, pour modéliser la gestion des ressources renouvelables. Cormas est un environnement de programmation permettant la construction de modèles de simulations multi-agents (SMA). Il peut ainsi décrire les coordinations entre individus ou entre exploitants de ressources communes.

Il existe quelques environnements de programmation dédiés à la création de systèmes multi-agents. Nous pouvons les classer en deux catégories : certains d'entre eux sont orientés vers une communication entre systèmes distribués (cette à dire de systèmes assemblés ou partagés sur un réseau ou sur Internet), d'autres sont axés vers la construction de modèles de simulation.

L'environnement de programmation CORMAS appartient à cette deuxième catégorie, avec une spécificité dans le domaine de la gestion des ressources renouvelables. Il offre un cadre de développement de modèles de simulations, des modes de coordination entre des individus et des groupes qui exploitent ces ressources en commun.

Il s'agit d'une plateforme de simulation basée sur l'environnement de programmation VisualWorks, qui permet de développer des applications en langage Smalltalk.

b) Small Talk un langage objet

Small talk est un langage dit orienté objet. Commençons donc à introduire les bases de la programmation objet.

L'approche objet est caractérisée par une notion centrale ; celle d'**objet**. Un objet associe données et traitements dans une même entité en ne laissant visible que l'interface de l'objet, c'est-à-dire les opérations que l'on peut effectuer dessus. L'approche objet est déjà ancienne, puisqu'elle est née avec le langage SIMULA en 1966 (Dahl & Nygaard 1966 *in* Bouzegoud, Gardarin & Valduriez 1994). La conception objet est sans doute le premier domaine où les objets facilitent le travail (Bouzegoud, Gardarin & Valduriez 1994). Ils permettent en effet de représenter directement les entités du monde réel et les relations entre ses entités, car un objet est une structure de données qui englobe ses caractéristiques et ses états.

Le grand principe de programmation est la relation classe-objet. Les objets sont les instances d'une classe ; une classe est caractérisée par ses attributs, dont les modalités sont prises par chaque instance de la classe, et par ses méthodes (ou règles) qui définissent ce que «peut faire» chaque instance. Par exemple, la classe "Voiture" compte tous les objets "voiture" caractérisés par leurs marques, leurs propriétaires et, est capable de démarrer, de rouler, et de tomber en panne.

La programmation se fonde sur trois types de relations définies entre les classes :

- Des relations de spécialisation de classes (héritage) : «est un type de». Une sous-classe hérite de tous les attributs et méthodes d'une superclasse.
- Des relations d'association entre instances (objets) de classes différentes : «agit sur, interagit avec».
- Des relations d'agrégation, qui sont des associations particulières : «est composée de».

Enfin nous pouvons également introduire ici le principe du polymorphisme. En effet il est souvent utile de redéfinir une méthode héritée pour pouvoir lui donner un comportement (ou implémentation) différente qui tienne compte des propriétés locales de la classe.

De ces principes de programmation découlent plusieurs considérations quant aux apports de l'approche multi agents pour la simulation des systèmes auto organisés.

Smalltalk (Goldberg & Robson 1989 *in* Bouzegoud, Gardarin & Valduriez 1994) est le langage objet par excellence. Conçu durant la décennie 70 pour gérer de vrais objets tel des imprimantes, des photocopieuses. Il s'agit d'un langage semi-compilé, c'est-à-dire qu'un code intermédiaire est généré et compilé par une machine virtuelle. Dans ce langage tout est instance de classe. Ainsi une classe est une instance de sa méta-classe (ou super classe).

5.2. Modélisation

Cormas est un cadre (environnement), pour la réalisation de modèles et facilite le travail de construction du modèle en proposant au sein de trois modules des éléments prédéfinis. Parmi ces éléments figurent les entités-types, qui sont des classes SmallTalk génériques à partir desquelles, par spécialisation et affinage, l'utilisateur définit des entités particulières pour les besoins de son application.

Un premier module permet de définir les entités du système à modéliser (figure 5), que l'on appelle des agents informatiques, et leurs interactions. Ces interactions s'expriment par des procédures de communication directe (envois de messages), et/ou par le fait plus indirect de partager le même support spatial. Nous avons ici, dans le cadre de ce mémoire un automate cellulaire. Notre modèle possède donc une seule entité spatiale le *Patch*.

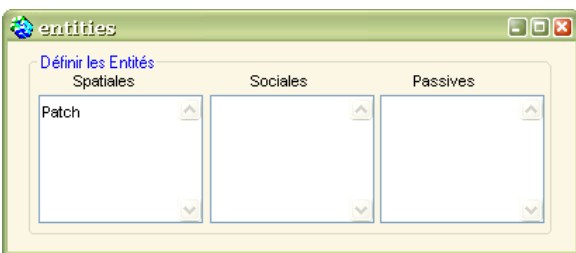


Figure 5 : Boîte de dialogue (extrait de Cormas 2005) pour la définition des entités

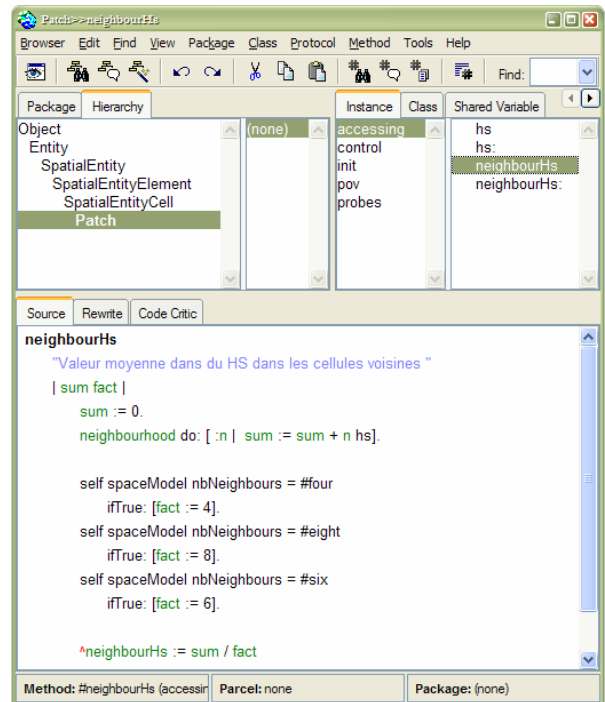


Figure 6 : Exemple de code d'un des attributs de la classe Patch (extrait de Cormas 2005)

Le patch possède plusieurs attributs ; le nombre de colonies qu'il contient, un indice de qualité d'habitat, une moyenne de la qualité d'habitat des patchs voisins. Le nombre de colonies sur la cellule correspond à la méthode nommée *state*, qui permet la mise à jour synchrone ou asynchrone des données lors de la simulation. Dans la figure 6 la méthode *state* n'apparaît pas car cette méthode est hérité des classes supérieurs et n'a pas besoin dans notre cas d'être redéfinie. Tous ces attributs correspondent au renvoi d'un message (méthode) adressé à l'entité patch. La méthode *neighbourHS* a dû être codée⁴.

⁴ L'ensemble des codes SmallTalk du modèle Cormas est disponible en annexe 5.

Le second module concerne le contrôle de la dynamique globale (ordonnancement des différents événements d'un pas de temps du modèle). C'est par ce module que nous modélisons la dynamique de colonisation du Héron cendré. En effet, c'est ici que nous trouvons les méthodes dans lesquelles les estimateurs obtenus par le GLM sont utilisés. Nous avons réalisé deux méthodes de dynamique de colonisation, la première avec les coefficients obtenus sur un GLM où seules les variables de qualité d'habitat sont utilisés comme explicatives, et le second dans lequel toutes les variables des colonies de héron au temps t-1 ont été utilisées pour obtenir des coefficients par un GLM. Pour permettre l'utilisation de cette dernière méthode j'ai dû fabriquer d'autres méthodes pour calculer le nombre de colonies au pas de temps précédent, dans les différents anneaux autour de la cellule. Enfin, pour chaque méthode de colonisation nous avons utilisé une méthode de tirage aléatoire dans une loi de Poisson pour décrire le nombre discret de nouvelles colonies dans chaque cellule.

Un troisième module permet de définir une observation de la simulation selon différents points de vue (*pov*). Cette fonctionnalité autorise l'intégration, dans le processus de modélisation, des modes de représentation.

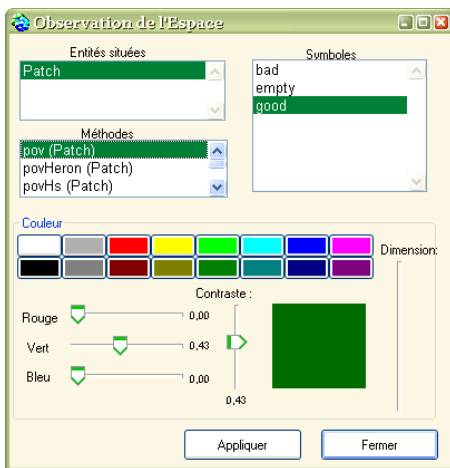


Figure 7 : Exemple de la définition d'un point de vue dont la variable est qualitative (extrait de Cormas 2005)

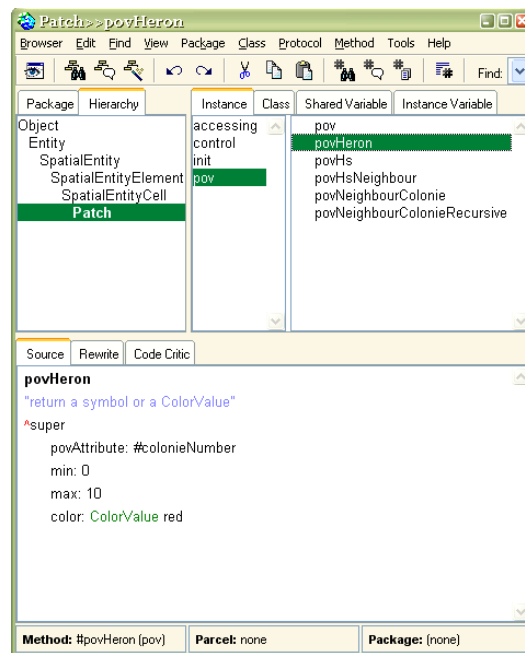


Figure 8 : Exemple de la définition d'un point de vue dont la variable est quantitative (extrait de Cormas 2005).

Enfin il nous faut initialiser le modèle. Pour cela Cormas permet l'importation de cartes sous deux formats ; le format ENV et le format ASCII. Ainsi par l'export des cartes GRID de HS au format ASCII de Arc View, j'ai pu insérer à notre modèle Cormas la carte des HS. De plus, par un programme réalisé sous PERL j'ai pu fabriquer 4 fichiers *.asc* qui correspondent au nombre de colonies par cellule aux années 1981, 1985, 1989 et 1994.

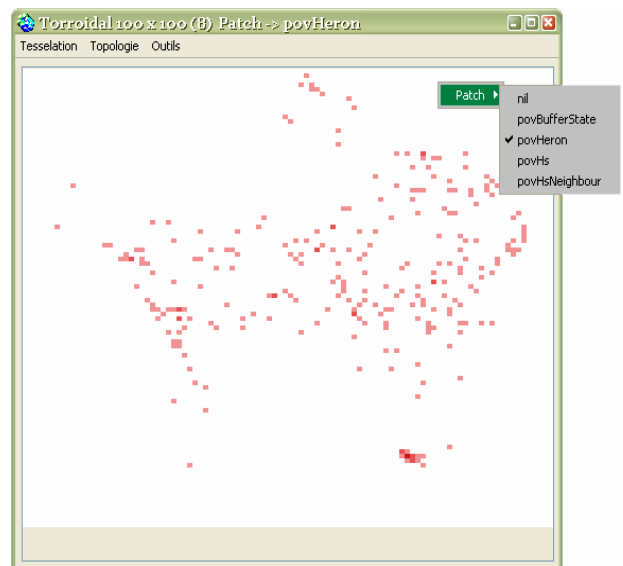


Figure 9 : Exemple de l'affichage du nombre de colonie par cellule (extrait de Cormas 2005)

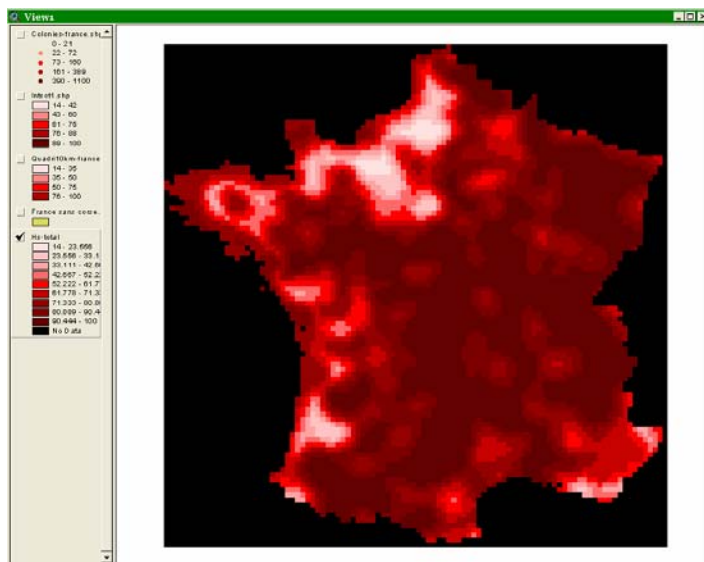


Figure 10 : Carte de la France de la qualité d'habitat pour le Héron cendré réalisée par Boisteau (Extrait d'Arc View GIS 3.2)

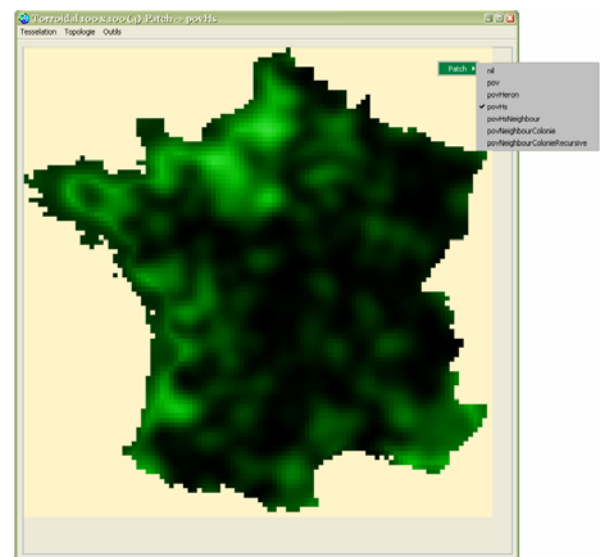


Figure 11 : Importation de la carte de qualité d'habitat dans Cormas et affichage avec le point de vue povHS (extrait de Cormas)



B. Résultats

1.1. Les GLM

Nous avons réalisé trois niveaux d'étude, nous allons donc ici détailler l'ensemble des résultats.

a) Loire atlantique 800 m

Le modèle le plus parcimonieux obtenu par la fonction *step* pour l'étude à l'échelle de 800 m pour la Loire-Atlantique donne un modèle (AIC = 217,52) qui décrit l'installation de nouvelles colonies seulement en fonction de variables explicatives qui décrivent la qualité de l'habitat.

$$nbCol_{(t+1)} = nbCol_{(t)} + \exp (0,086 mean_HS - 0,036 nb_good - 8,421) \quad (1)$$

En effet *mean_HS* correspond à la moyenne de valeur de HS dans un rayon de 5 Km autour de la cellule et *nb_good* correspond au nombre de pixels de 800 m par 800 m dont la valeur de HS est supérieure à 35 dans un rayon de 5 Km. On peut de plus noter que les p-values des différents estimateurs de ce modèle sont significatives ($p < 0,05$ pour *sum_HS* et $p < 0,01$ pour les deux autres estimateurs de variables explicatives ; cf. annexes 5.2).

b) Loire-Atlantique 12000 m

La fonction *step* de R utilisée sur ce modèle nous a permis d'obtenir le modèle optimisé suivant (AIC = 79,991) :

$$nbCol_{(t+1)} = nbCol_{(t)} + \exp (0,029 HSsup35 + 0,027 A_HS_mean - 0,014 A_HSsup35 - 3,13) \quad (2)$$

Dans ce modèle, *HSsup35* est le nombre de pixels de 100 m par 100 m dont la valeur HS est supérieure à 35, *A_HS_mean* est la valeur moyenne des HS de cellules adjacentes et enfin *A_HSsup35* est le nombre de pixels de 100 m sur 100 m dont le HS est supérieur à 35 dans l'ensemble des cellules adjacentes. On peut également ajouter que ces variables explicatives ont toutes une p-values significative ($p < 0,05$ pour *A_HSsup35* et $p < 0,01$ pour les deux autres estimateurs de variables explicatives ; cf. annexes 5.1).

Nous voyons donc qu'à cette échelle et dans notre modèle réalisé sur les années 1985 et 1989, l'installation de nouvelles colonies n'est motivée que par la potentialité de l'habitat et non par la présence de colonies à plus ou moins grande proximité.

c) France

Pour la France le modèle obtenu par la fonction *step* semble être plus satisfaisant. En effet, ici l'installation de nouvelles colonies dépend d'une part de la qualité de l'habitat et également de la présence à plus ou moins grande proximité de colonies de héron au temps $t - 1$ (AIC: 2797.1) :

$$nbCol_{(t+1)} = col_{(t)} + \exp (0,49 col_{(t)} + 0,045 hs - 0,037 hsMean + 0,24 col1_{(t)} + 0,19 col2_{(t)} + 0,10 col3_{(t)} + 0,087 col5_{(t)} - 4,98) \quad (3)$$

Dans ce modèle, *hs* est la valeur de la potentialité de l'habitat pour la cellule, et *hsMean* est la moyenne de cette valeur pour l'ensemble des cellules adjacentes. Le reste des variables explicatives sont des variables portant sur le



nombre de colonies de héron au temps $t - 1$. col est le nombre de colonies dans la cellule, $col1$ le nombre de colonies à une distance de 1 cellule, $col2$ à une distance de 2, $col3$ de 3 cellules et $col5$ de 4 et 5 cellules.

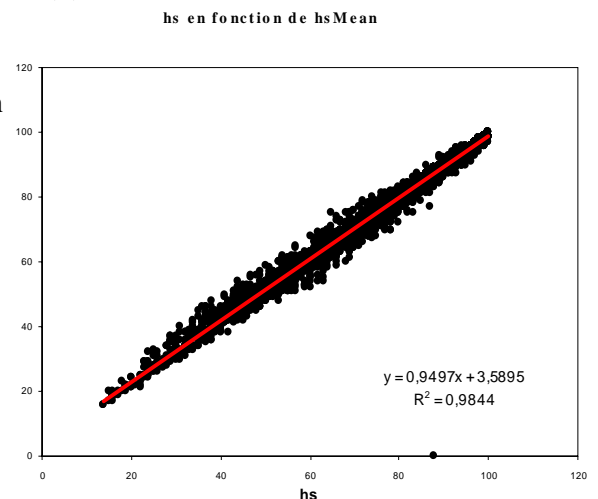
Cependant ce modèle linéaire ne peut a priori pas représenter correctement la colonisation du héron cendré dont l'accroissement des effectifs ne peut être du type densité indépendante. Nous avons donc avec les mêmes variables explicatives, utilisé une méthode statistique pour modéliser une croissance du type densité dépendance. En effet nous avons utilisé une régression polynomiale qui permet de mieux modéliser des phénomènes non linéaires. Ainsi le second modèle obtenu est le suivant (AIC: 5015.8):

$$nbCol_{(t+1)} = col_{(t)} + \exp(0,0395 hs - 0,032 hsMean + 0,91 col_{(t)} - 0,176 col_{(t)}^2 + 0,24 col1_{(t)} + 0,23 col2_{(t)} - 0,013 col2_{(t)}^2 + 0,21 col3_{(t)} - 0,028 col3_{(t)}^2 + 0,18 col5_{(t)} - 0,011 col5_{(t)}^2 - 4,9) \quad (4)$$

Enfin un troisième modèle a été réalisé en prenant comme variables explicatives seulement les variables de qualité d'habitat. Nous obtenons la modélisation suivante qui possède une AIC de 2978,4 :

$$nbCol_{(t+1)} = col_{(t)} + \exp(0,053 hs - 0,298 hsMean - 5,58) \quad (5)$$

On note que les coefficients de hs et $hsMean$ sont pour les deux modèles, de signes différents. Pour s'assurer qu'il ne s'agit pas d'un phénomène de corrélation inverse nous avons réalisé le graphe hs en fonction de $hsMean$ pour observer une éventuelle corrélation. Comme on peut le voir sur le graphe il existe une très forte corrélation positive entre hs et $hsMean$ ainsi la droite de régression à pour équation : $hsMean = 0,95 hs + 3,59$. Avec un $R^2 = 0,98$.



Graphe 1 : $hsMean$ en fonction de hs et l'équation de la droite de régression linéaire.

1.2. La modélisation CORMAS

Trois simulations ont donc été élaborées dans l'environnement Cormas avec les trois modèles GLM réalisés pour la France.

Pour les trois modélisations, l'année d'initiation du modèle est 1985 et un pas de temps représente 4 ans. Nous montrons donc ici un exemple de résultats pour les années 1985, 1989, 1993 et 2005.

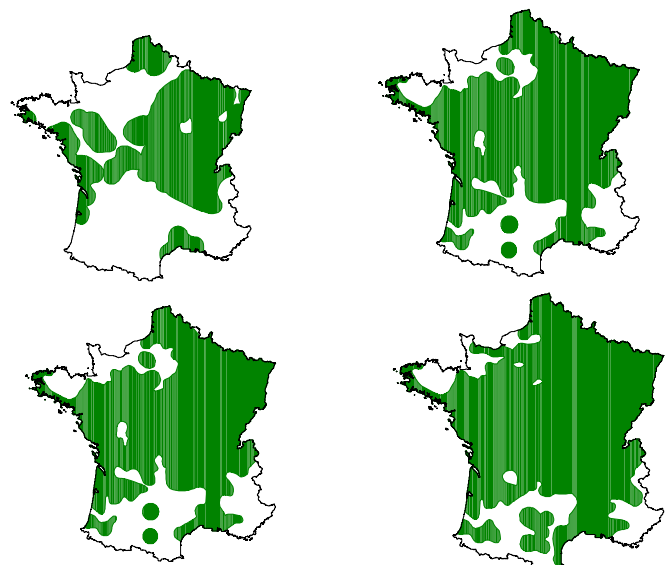


Figure 12 : Zones de présence effectives de colonies de Héron cendré en France pour les années 1985, 1989, 1994, 2000



Commençons par la modélisation en fonction de la qualité d'habitat.

Nous observons ici (figure 13) une colonisation où la création de nouvelles colonies ne dépend pas de l'éloignement à des colonies présentes au pas de temps précédent. On constate ici que la densité des colonies de Héron cendré en France augmente de manière régulière. On peut également remarquer quelques similitudes entre la répartition de 1994 et l'estimation de 1993, en effet la Bretagne ainsi que la Normandie sont des régions qui peinent à se coloniser. Il en est d'ailleurs de même pour les Alpes. Par contre nous observons dans la simulation comme dans la répartition réelle une jonction entre les populations du nord et celles du sud (Camargue) dès 1989.



Figure 13 : Répartition des colonies de Héron cendré en France obtenue par une simulation sous Cormas avec le modèle de qualité de l'habitat pour les années 1985, 1989, 1993,2005. Le gradient de couleur est étalé entre 0 et 10. (Extrait de Cormas)

Enfin la projection montre que le Héron cendré devrait en 2005 ce reproduire sur la plus grande partie du territoire à l'exception de zones comme en Bretagne, la Manche et le bassin Parisien. Ce phénomène peut s'expliquer pour la Bretagne et la Normandie toujours très faiblement colonisées en 1994, mais est impossible pour le bassin Parisien (mise à par la région parisienne) déjà colonisé à la même date.

Le second modèle construit dans l'environnement Cormas, correspond au modèle où l'installation d'une nouvelle colonie est expliquée à partir de la qualité de l'habitat et de l'éloignement aux colonies au pas de temps précédent. Ce modèle réalisé à partir des années 1985 et 1989 montre une croissance exponentielle sans limite. Pour permettre une modélisation, nous avons donc

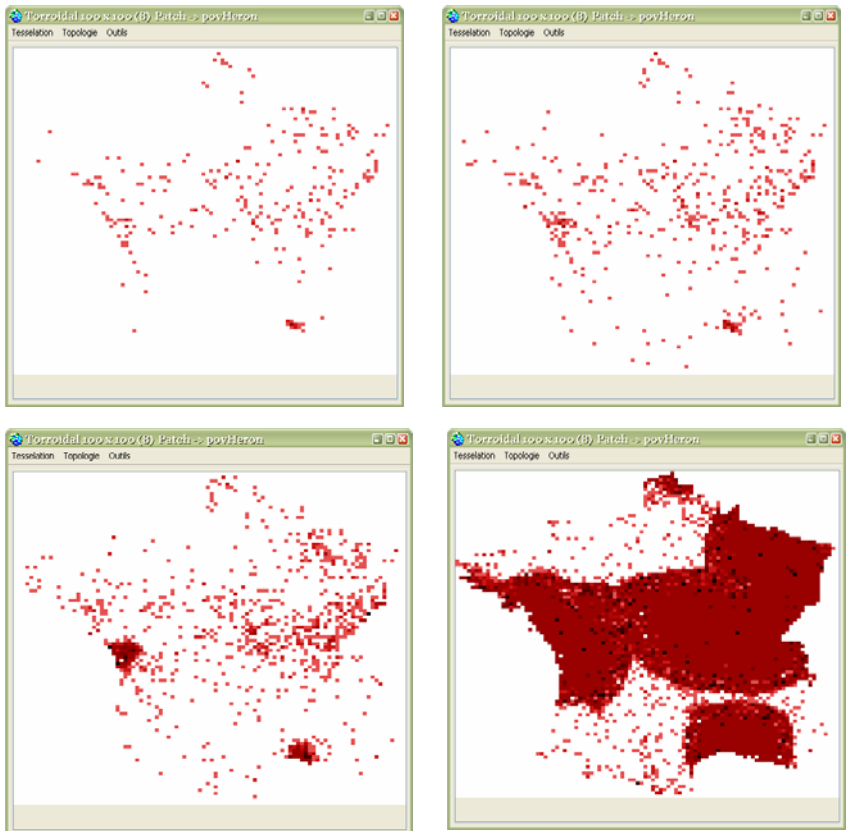


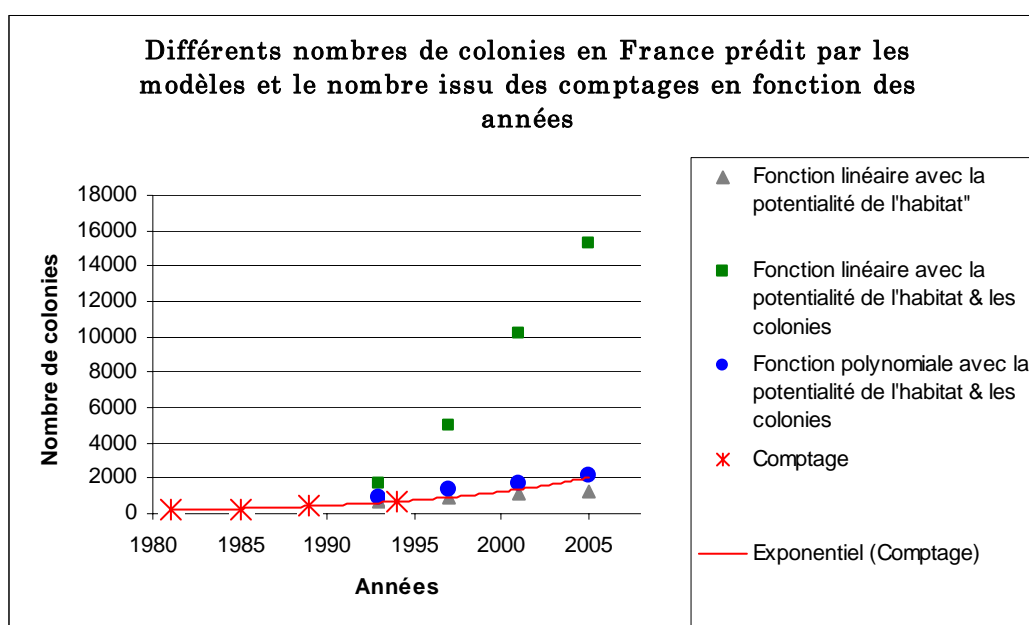
Figure 14 : Répartition des colonies de Héron cendré en France obtenue par simulation sous Cormas avec le modèle intégrant les colonies de Héron au pas de temps précédent et la qualité de l'habitat pour les années 1985, 1989, 1993,2005. . Le gradient de couleur est étalé entre 0 et 10. (Extrait de Cormas)



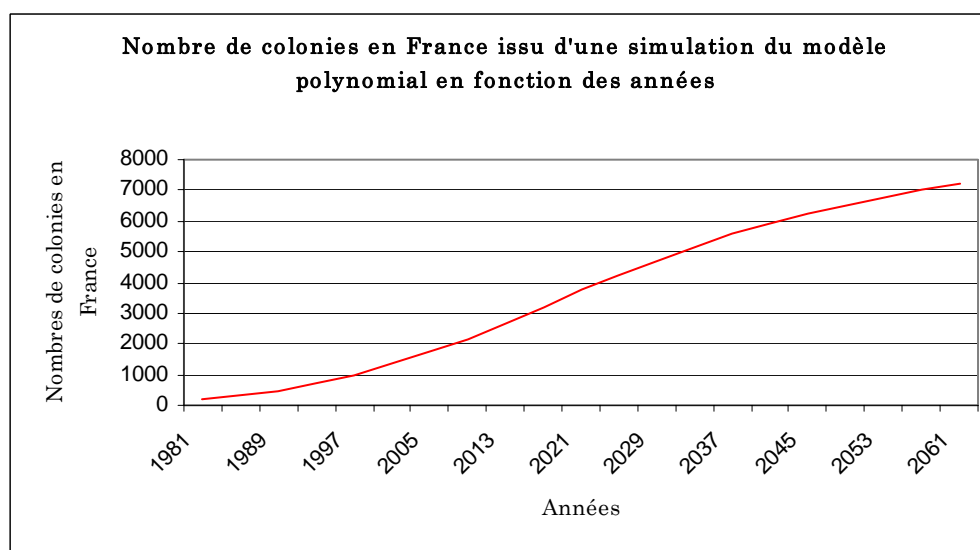
imposé des limites. En effet nous avons constaté que les calculs demandés n'étaient rapidement plus assumés par l'ordinateur et un seul pas de temps était réalisable sans que le système ne se bloque. Nous avons donc limité le nombre de colonies par cellule à 8 et le nombre de création de colonies par cellule et par pas de temps à 4 (cf. discussion).

Nous observons (figure 14) que le modèle représente la recolonisation du héron jusqu'en 1989, et 1993. Par la suite une véritable explosion démographique est constatée avec une répartition des colonies en 2005 relativement invraisemblable.

Le dernier modèle a été implémenté à partir d'une équation polynomiale, qui permet de mieux prendre en compte la densité dépendance localement sur les patrons de colonisation (cf. équation 3 p. 18). Le résultat graphique montre une installation des nouvelles colonies de hérons qui semble être la plus proche du phénomène de recolonisation.



Graph 2 : Différents nombres de colonies en France prédit par les modèles et le nombre issu des comptages en fonction des années (Réalisé sous Excel XP)

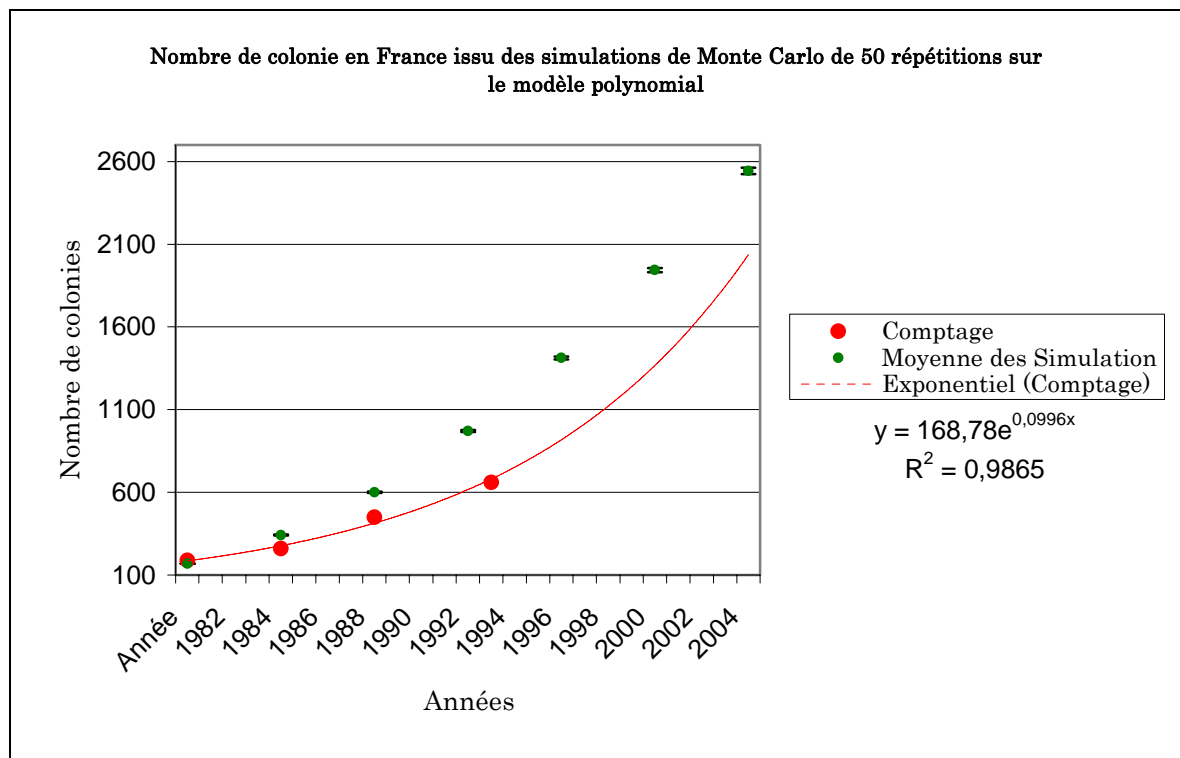


Graph 3 : Nombre de colonies en France issu d'une simulation du modèle polynomial en fonction des années (Réalisé sous Excel XP)



A la lumière du graphique (cf. graphes 2) qui décrit les nombres totaux de colonies en France par année projetés par les différents modèles Cormas et qui les compare à une estimation du nombre de colonies issue des comptages, nous observons que ce dernier modèle est plus proche du modèle biologique. De plus sur le graphe 3 nous remarquons que le modèle polynomial montre un point d'inflexion après 10 pas de temps, or ce point n'est pas envisageable ni avec le premier modèle (linéaire), ni avec le second (exponentiel), en effet ce sont les facteurs élevés au carré qui permettent dans le troisième modèle une inflexion de la courbe. Ainsi, force est de constater que ce dernier modèle est celui qui convient le mieux au modèle biologique de la colonisation du Héron cendré en France.

Pour ce modèle nous avons donc réalisé des répétitions permettant de effectuer des simulations de Monte Carlo (cf. discussion) et donc mieux observer la dynamique de colonisation simulée par notre modèle. Ainsi nous avons effectué 2 séries de simulation. La 1^{ère} pour observer le nombre moyen de colonie en France à chaque pas de temps, a été réalisé sur 50 répétition (cf. graphe 4) et la 2nd pour observer le nombre moyen de colonies par cellules, sur 10 répétitions (cf. figure 15).



Graphique 4 : Nombre de colonie en France issu de 50 simulations de Monte Carlo sur le modèle polynomial et extrapolation du nombre de colonie présentes en France à partir d'une courbe de régression exponentielle (Réalisé sous Excel XP)

Sur le graphique 4 nous pouvons voir le nombre moyen de colonies et l'erreur standard après 50 simulations de Monte Carlo. Nous constatons tout d'abord que l'ensemble des simulations produit une erreur standard qui est faible. La régression, est une courbe et non une droite car la valeur du R est la meilleure pour cette régression non linéaire. Biologiquement, avoir une régression non linéaire n'est pas dérangeant cependant à partir des données issues du comptage nous ne pouvons pas mettre en évidence de point d'inflexion dans la courbe de croissance de colonies à l'échelle de la France. Enfin notons que malgré une augmentation plus rapide du nombre de colonies calculé par les

simulations, la forme des deux courbes reste comparable.

Nous constatons sur les résultats graphiques des simulations des années 1985 et 1989, que nous pouvons comparer avec la figure 12 de répartition nationale des colonies de Hérons cendrés, que le patron de la distribution est dans l'ensemble respecté (cf. figure 15). Par exemple pour l'année 1985 on observe des valeurs moyennes de nombre de colonies de hérons par cellule supérieur à 1 en Bretagne inférieur, dans le Nord et en Camargue. De plus à la même date on observe une jonction centrale entre les populations occidentales et orientales. En ce qui concerne l'année 1989, nous pouvons observé sur le graphe une tendance à la jonction entre les populations méridionales et centrales par la vallée du Rhône.

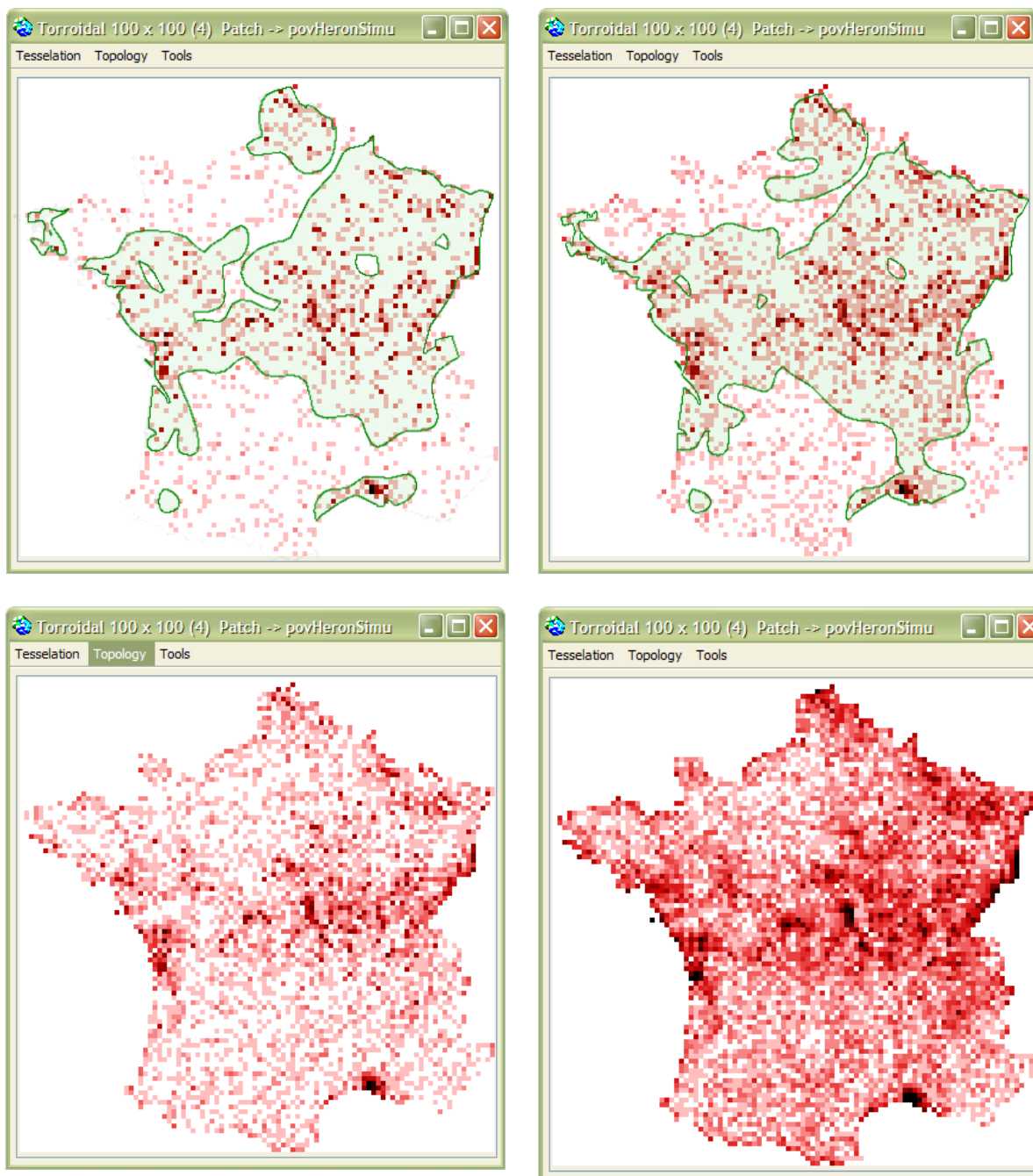


Figure 15 : Répartition des colonies de Héron cendré en France obtenue par une simulation de Monte Carlos de 10 répétitions sous Cormas avec le modèle intégrant les colonies de Héron au pas de temps précédent et la qualité de l'habitat sous la forme d'une équation polynomiale pour les années 1985, 1989, 1993,2005. Le gradient de couleur est étalé entre 0 et 1,5. Pour les année 1985 et 1989 nous avons sous Adobe Photoshop superposé les véritables zones de répartition aux mêmes dates (Extrait de Cormas)



C. Discussion

Nous allons tout d'abord discuter des résultats obtenus par les GLM. Puis nous chercherons à savoir si Cormas est un outil adapté à la modélisation de dynamique de colonisation. Cormas reste en effet peu utilisé pour ce genre d'application puisqu'il n'a pas été conçu dans ce but. Enfin, nous analyserons nos modèles réalisés dans l'environnement Cormas ainsi que leurs résultats.

1. Résultats des GLM

Patrons de colonisation en Loire Atlantique

A l'échelle de la Loire-Atlantique nous obtenons deux modèles où l'installation de nouvelles colonies est exclusivement liée à la qualité de l'habitat. Nous ne pouvons pas mettre en évidence à cette échelle une quelconque interaction entre les colonies déjà présentes au pas de temps précédent et l'installation de nouvelles colonies, à partir de la dynamique de recolonisation de 1981 à 1989.

Au dehors de la colonie de reproduction, le Héron cendré est un oiseau solitaire possédant une aire d'alimentation propre. Celle-ci peut s'étendre jusqu'à 40 Km de la colonie (Marion 1984). Au-delà de cette distance, on estime que le temps alloué à la recherche alimentaire n'est plus compatible avec l'élevage de jeunes (Marion 1984). Ainsi, quand une colonie est arrivée à sa capacité limite, c'est-à-dire quand toutes les aires de nourrissage dans un rayon de 40 Km sont utilisées, les jeunes hérons essayant de se reproduire pour la première fois (en général à l'âge de 2 ans ; Campos & Fraile 1990) auront tendance à créer une nouvelle colonie plus proche d'une aire de nourrissage. De plus, lors de la migration post-nuptiale, cet oiseau peut parcourir des milliers de kilomètres dans toutes les directions. Des hérons bagués en France ont été retrouvés dans les Antilles (Hancock & Kulshlan 1989). Cependant il est en général constaté que le déplacement des individus s'effectue vers le sud-ouest (Hancock & Kulshlan 1989). Toutes ces données sur l'histoire de vie, les capacités de déplacement à longue distance et le comportement de dispersion du Héron cendré peuvent expliquer le fait que le modèle à l'échelle de la Loire-Atlantique n'est pas sensible à la distance parcourue par les oiseaux pour la création d'une nouvelle colonie. En effet, les colonies sont en général créées par de jeunes hérons qui ont eu le temps de prospecter. De surcroît lors de l'hivernage, les hérons parcourent des distances importantes par rapport à la taille du département (120 Km E-O, 100 Km N-S). Ainsi, à cette échelle spatiale réduite, le modèle statistique ne permet pas de mettre en évidence de patron de diffusion, mais plutôt une colonisation liée exclusivement à la qualité d'habitat et non limitée par la distance parcourue pour la création de nouvelle colonie. Cependant, les données de 1962 à 1972 suggèrent qu'il existe une diffusion. En effet, les deux seules colonies présentes dans le département de la Loire-Atlantique en 1962 se trouvent respectivement au lac de Grand Lieu (sud Loire) et dans l'estuaire de la Loire. Les premières créations de nouvelles colonies ont toutes été orientées vers l'ouest, c'est-à-dire sur le littoral (le Croisic, Guérande). Cette diffusion vers l'ouest est observable également à l'échelle de la France à la même époque. Ainsi, tout porte à croire que cette diffusion n'est pas due, à l'échelle départementale, à l'existence d'un seuil maximal dans la distance entre une ancienne colonie et une nouvelle, mais plutôt à une direction prise par défaut dans l'orientation de la colonisation. Il est possible que cette orientation soit due à la direction principale de la migration post-nuptiale (sud-



ouest, ouest), ou à un phénomène physiologique qui attire les oiseaux vers la lumière du soleil couchant. Il a en effet été montré une attirance des jeunes oiseaux à la lumière (Reed Sincock & Hailman 1985).

Colonisation à l'échelle Française

A l'échelle de la France, où le maillage est de 10 Km sur 10 Km, nous avons réalisé trois modèles. Les deux premiers (cf. équation 3 et 4 p. 18, 19) montrent l'existence d'une interaction entre l'emplacement des colonies et l'installation de nouvelles colonies. Les coefficients des équations obtenues à partir des années 1981 à 1989, nous montrent que l'installation d'une nouvelle colonie est favorisée par la présence plus ou moins proche d'une colonie au pas de temps précédent. On constate également que les coefficients quantifiant l'influence positive du nombre de colonies autour de la cellule cible sont d'autant plus élevés qu'ils concernent une zone proche de cette cellule (cf. équation 3 et 4 p. 18, 19). Ceci correspond donc à cette échelle, à un phénomène de diffusion. Cependant dans le second modèle (cf. équation 4 p. 19) nous avons, par une méthode statistique, modélisé une certaine densité dépendance.

Le dernier modèle (cf. équation 5 p. 19) construit à partir des valeurs de potentialités d'habitat pour seules variables explicatives ne prend pas en compte la diffusion, et simule un phénomène d'apparition de colonies uniquement basé sur la qualité de l'habitat.

On note que ce premier modèle possède le meilleur AIC (2797,1 contre 5015,8 pour le second et 2978,4 pour le troisième). Or le dernier modèle est beaucoup plus parcimonieux que les deux autres car il ne possède que 2 variables explicatives contre 7 et 11 (respectivement 1^{er} et 2^{ème}). Entre le 1^{er} modèle et le second l'AIC donne comme meilleur modèle le premier, par rapport à la variance des résidus et par rapport à la parcimonie. Ce résultat peut paraître surprenant car biologiquement le second modèle paraît plus plausible. En effet le second modèle contrairement au premier permet de rendre compte de l'impact de la densité dépendance et donc de la compétition intra spécifique. Peut être cela est-il dû au fait que dans le second modèle la diminution de la déviance par incorporation de termes d'ordres supérieurs à un n'est pas suffisamment importante par rapport au premier modèle pour contre contrebalancer sa moindre parcimonie sur la base du critère AIC. Sur le plan biologique, il est néanmoins clair que la prise en compte de mécanismes de régulation doit être effectuée.

Enfin nous constatons dans les trois modèles que les estimateurs de l'effet du *hs* et l'estimateur du *hsMean* (c'est-à-dire de la moyenne de la valeur de la qualité de l'habitat des cellules adjacentes) sont opposés. Ceci peut être dû au fait que le héron cherche toujours à cette échelle le meilleur endroit pour installer une colonie. Ainsi lorsque les valeurs de *hsMean* sont fortes il ira préférentiellement installer la colonie dans les cellules adjacentes ce qui explique la valeur négative de cet estimateur. La forte corrélation qui existe entre *hs* et *hsmean* (cf graphe 1) suggère que la valeur de *hsMean* est en général équivalente à celle de *hs* (phénomène d'autocorrelation spatiale). Ainsi, il existe en France des zones d'agrégation de cellules favorables au héron qui forment des zones d'habitats potentiels. Cette corrélation spatiale permet de schématiser deux scénarios de colonisation, qui expliquent à l'échelle de la France l'impact négatif de la qualité des cellules adjacentes sur la probabilité de colonisation d'une cellule centrale :

- si une cellule favorable est entourée de cellules qui ne le sont pas, la colonie s'installera préférentiellement dans la cellule centrale.



- si cette cellule est entourée de 8 cellules également favorables, alors l'installation d'une nouvelle colonie est aléatoire au sein de cette zone.

2. L'outil "Cormas"

Cormas est un environnement de programmation orienté objet dédié à la construction de modèles de simulations dans le domaine de la gestion de ressources renouvelables. Cependant le langage objet utilisé (SmallTalk) permet la construction de tout type d'objets et donc de modèles. Il est ainsi parfaitement adapté pour étudier les dynamiques de populations dans l'espace. Il faut tout de même reconnaître que Cormas n'est pas facilement accessible car le langage objet peut s'avérer relativement abscons. De plus l'éditeur Visual Works ne possède aucun système de codage couleur qui rend parfois l'écriture du code périlleuse. Il sera donc recommandé de s'équiper d'un éditeur de texte tel que GVim. Enfin, comme tout langage objet les simulations peuvent s'avérer relativement lentes à l'exécution et le calculateur manque à priori de puissance. Malgré tout cela, force est de conclure que ce nouvel outil pour la modélisation de système multi-agents est très adapté à ce type de recherche sur la dynamique spatiale, car il peut permettre l'interaction de nombreux agents, et l'intégration de véritables cartes éditées par SIG.

3. Résultats des modèles Cormas

Les résultats des trois modèles

Nous avons réalisé trois modèles sous Cormas à l'échelle de la France pour essayer de décrire au mieux la dynamique de recolonisation du héron cendré. Le premiers est le plus simple, il ne prend en compte que la qualité de l'habitat. Ce modèle montre une colonisation aléatoire du territoire français, dépendant exclusivement de la qualité de l'habitat, et donc faisant abstraction de limitations dues à l'espace et à la densité des colonies. Nous y observons une croissance continue linéaire du nombre de colonies. Il semble cependant que le résultat obtenu pour l'année 2005 puisse être proche de la réalité. Cela signifierait que l'espèce a colonisé l'ensemble du territoire et n'est plus limité que par la qualité de l'habitat.

Le second modèle prend en compte les colonies présentes au pas de temps précédent. Il semble que ce modèle soit réaliste sur un pas de temps (4 ans) voir deux, mais ensuite nous observons une explosion démographique des colonies. En effet ce modèle possède des limites de colonisation dans l'espace mais non, par rapport à la densité. Ainsi nous notons une colonisation positivement densité dépendante c'est-à-dire que le nombre de nouvelles colonies augmente avec le nombre de colonies déjà présentes. Et malgré des freins artificiels utilisés dans le modèle pour ralentir la colonisation, le nombre de colonies augmente dans la simulation de manière exponentielle. Ces limites n'ont pas été choisies au hasard mais elles ont été établies pour rester compatible avec les données actuelles sur l'espèce (Boisteau com. pers. 2005).

Le dernier modèle simule de manière statistique un phénomène de densité dépendance négative, grâce à une régression non linéaire (cf. équation 3 p. 18). Cette méthode permet d'obtenir une croissance logistique du nombre de colonies (cf. graphes 2 et 3 p. 21). Nous observons ainsi un modèle qui semble beaucoup mieux correspondre à la recolonisation observée du héron cendré.

Le modèle

Pour conclure sur notre modélisation, nous devons tout d'abord remarquer que le facteur prédominant sur l'installation de nouvelles colonies est la potentialité de l'habitat. A ce propos il faut rappeler que nous considérons dans ce travail un milieu stable où l'exigence du Héron cendré n'évolue pas dans le temps. Or à partir de 1981, il semble que le Héron cendré soit devenu moins exigeant envers son environnement et notamment en Loire-Atlantique (Marion 1997, Boisteanu 2002). Ces changements de comportement ont dans notre étude les mêmes conséquences que des transformations du milieu. Nous supposons donc en étudiant l'évolution de la colonisation du héron depuis 1981 que le milieu est stable. Cependant, ce choix dans la modélisation ne nous permet pas d'appréhender correctement de nouveaux changements comportementaux dans l'utilisation de territoire sub-optimaux. L'évolution de la qualité du milieu et/ou des critères de colonisation de l'espèce n'a pas été considérée ici du fait du manque de données, et de l'hétérogénéité des périodes séparant les comptages de Hérons qui rendent complexes les analyses.

Nous constatons en outre qu'une modélisation avec une estimation de la densité dépendance est indispensable à l'obtention de résultats cohérents. Dans le dernier modèle nous avons utilisé un polynôme pour modéliser cette densité dépendance négative (plus le nombre de colonies est important et plus le nombre de nouvelles colonies est faible). Suite aux simulations effectuées sur celui-ci nous constatons que le point d'inflexion de la courbe de dénombrement des colonies en France, n'apparaît qu'après 10 pas de temps (40 ans) soit en 2021. Il apparaît que l'estimation quantitative de phénomènes de densité dépendance nécessite d'inclure des séries temporelles plus longues (par exemple 1970-2000) pour fournir des résultats robustes. Notre analyse s'est limitée à la période 1981-1989 dans l'optique d'avoir des intervalles constants entre les comptages. Des analyses plus poussées seront bien sûr nécessaires.

Quoiqu'il en soit, pour permettre une estimation plus précise de l'évolution de la colonisation par le modèle, il nous aurait fallu répéter de nombreuses simulations afin d'obtenir une trajectoire moyenne (simulation de Monte Carlo). Chaque trajectoire inclut en effet une composante stochastique (tirage du nombre de nouvelles colonies dans une loi de Poisson) faisant intervenir un générateur de nombres pseudo-aléatoires. Les méthodes d'exportations de Cormas souffrant de bugs, nous n'avons pas pu réaliser ces répétitions de manière automatique. Il nous a fallu les réaliser manuellement et faute de temps nous avons pu en simuler que 10, ce qui est bien trop juste pour permettre une bonne estimation. De plus ce modèle qui semble bien fonctionner sur une courte durée semble être mis à défaut lors d'une simulation plus longue. En effet lorsque nous regardons le patron de la répartition obtenue par simulation après 20 pas de temps, nous constatons que celui-ci est très structuré spatialement. A une telle échelle temporelle, la variable de la qualité de l'habitat perd de son poids dans l'estimation de l'installation de nouvelles colonies (dans la mesure où les variables associées aux nombres de colonies environnantes prennent des valeurs très élevées du fait de l'accroissement de la densité de colonies). Ainsi nous observons des patches de concentrations de colonies réparties uniformément sur le territoire. D'une manière très générale, l'utilisation et l'interprétation de résultats de modèles stochastiques se doit d'être extrêmement prudente. Les certitudes sont rares dans le domaine de la biologie de la conservation, et aux manques de références générales empiriques et théoriques viennent généralement s'ajouter le manque de données spécifiques et fiables dans un contexte donné (ce problème a été discuté dans le contexte des analyses de viabilité de population ; Boyce 1992; Hamilton & Moller 1995), qui rend les prédictions quantitatives



des modèles statistiquement dénués de sens (Ludwig 1999), et la structure des modèles eux mêmes qui sont souvent trop complexes et inappropriés à la description des espèces considérées (Beissinger & Westphal 1998; Belovsky et al. 2002; Morris & Doak 2002). Il est donc important de considérer avant tout les aspects qualitatifs et relatifs de nos projections, qui ne peuvent en aucun cas être considérées comme des ‘prédictions’ quantitatives.

Enfin notons que la réalisation d'un automate cellulaire, et non un SMA (Système Multi Agent) a été un choix réfléchi. En effet dans notre travail nous ne possédons pas suffisamment d'information à proprement parler sur la biologie des colonies de Hérons cendrés, c'est-à-dire sur la dynamique de croissance, sur l'interaction entre plusieurs colonies, sur la capacité à créer une nouvelle colonie en fonction des colonies existantes. Nous ne possédons ici que des informations décrivant les cellules, qui sont définies par une valeur de potentialité d'habitat et par un nombre (discret) de colonies.

Il est pourtant certain que la réalisation d'un véritable SMA permettrait une modélisation plus puissante. Tout d'abord sur un plan visuel, dans la mesure où dans notre automate cellulaire nous ne pouvons afficher qu'un attribut, qui est soit le nombre de colonies de hérons, soit la carte de la France avec les valeurs de la potentialité d'habitat. Avec un SMA nous pourrions modéliser la cellule comme couche géographique sur laquelle les colonies seraient des entités sociales communicantes et nous pourrions ainsi tout afficher simultanément.

Pour finir un tel modèle pourrait également être évolutif et permettre l'intégration de nouvelles entités sociales. Ainsi nous pourrions modéliser des populations humaines hostiles réalisant une pression de destruction importante sur les colonies. Nous pourrions également modéliser des populations de prédateurs. Ce dernier exemple n'est pas anodin car dans le modèle actuel de colonisation nous ne tenons pas compte de phénomènes extrinsèques comme la prédation ou la compétition interspécifique. De plus, ces interactions peuvent évoluer et notamment avec l'arrivée de nouvelles espèces sur le territoire. C'est par exemple le cas de l'Ibis sacré *Threskiornis aethiopicus* qui possède un comportement opportuniste et qui devient un nouveau prédateur des colonies de d'autres espèces de hérons (les petits hérons ; Kayser, Clément & Gauthier-Clerc 2005) et de sternes (Vaslin 2005). Il n'a cependant toujours pas été montré de cas de prédation sur le Héron cendré.

Sur un tel modèle du type Système Multi Agents nous pourrions rendre le modèle davantage mécaniste (en prenant en compte les phénomènes biologiques à une échelle d'intégration plus fine), et ainsi simuler de manière appropriée l'évolution des populations en fonction de divers facteurs, comme par exemple la reprise d'une pression de destruction telle que celle qui a provoqué le déclin de l'espèce en France à la fin du siècle XIX^{ème} siècle.



Remerciement

Je souhaite tout d'abord remercier mes deux directeurs; Benjamin Boisteau, co-directeur et ami de longue date, qui m'a proposé ce sujet passionnant et qui m'a appris à utiliser le logiciel Arc View 3.2 ainsi que mon directeur Alexandre Robert qui a accepté, sans vraiment savoir de quoi il en retournait, de se lancer dans ce projet. Il m'a fourni une précieuse aide pour la réalisation de l'ensemble des tests statistiques et des conseils rédactionnels pour la réalisation de ce mémoire.

Je voudrais ensuite remercier l'ensemble des responsables de mon Master ; Régine Vignes, Pascal Tassy et Jean Broutin, pour leur disponibilité.

D'une manière générale je voudrais également remercier toutes les personnes avec qui, pendant ce stage de recherche, mes rapports furent aussi divers qu'enrichissant.




























Enfin je remercie mes parents pour m'avoir toujours soutenu tout au long de mon parcours universitaire et pour avoir effectué de nombreuses relectures.



Bibliographie

- AKAIKE H. 1974** - A new look at the statistical model identification. IEEE Trans Automat Control 19: 716-23.
- BEISSINGER S. R. & WESTPHAL M. I. 1998** - On the use of demographic models of population viability analysis in endangered species management. Journal of Wildlife management 62: 821-841.
- BELOVSKY G. E., MELLISON C., LARSON C., & VAN ZANDT P. A.. 2002** - How good are PVA models? Testing their predictions with experimental data on the Brine shrimp. Pp 257-283 in Population Viability Analysis. S. R. Beissinger & D. R. McCullough (eds). The University of Chicago Press. Chicago.
- BOISTEAU B. 2002** – Rôle de la structure du paysage hydrographique dans la distribution spatiale des colonies de Héron cendrés (*Ardea cinerea*), Encadrant MARION L, DEA d'Eco-Ethologie de l'individu aux écosystème, Ecole doctorale Vie Agro Santé, Université de Rennes 1.
- BOISTEAU B. & MARION. L. 2004.-** Définition des habitats potentiels du Héron cendré par l'analyse du paysage et de sa niche écologique. Colloque Francophone d'Ornithologie. Alauda. Sous presse.
- BOISTEAU B. & MARION. L. 2005** Soumise. - Spatial analyse as an alternative approach to estimate carrying capacity.
- BOUSQUET F. 1995** – Les systèmes multi-agents et la modélisation de la pêche dans le delta central du Niger, remarques sur une expérimentation., in Questions sur la dynamique de l'exploitation halieutique, Montpellier
- BOUZEGOUD M., GARDARIN G. & VALDURIEZ P. 1994** – Les Objets, p 450, Eyrolles, Paris 1994.
- BOYCE M. S. 1992** - Population viability analysis. Annual Review of Ecology and Systematics 23: 481-506.
- BROSSELIN M. 1974** – Héron arboricoles de France répartition. SNPN.
- BROTONS L., THULLER W., ARAÚJO M. B. and HIRZEL A.H. 2004** – Presence –absence versus presence-only modelling methods for predicting bird habitat suitability, Ecography 27 : 437 – 448.
- CAMPOS F. & FRAILE B. 1990** - Les paramètres reproducteurs du héron cendre (*Ardea cinerea*) dans le nord-ouest de l'Espagne. Oiseau et la Revue Française d'Ornithologie 60(3):212-223.
- CASWELL H. 2001** – Matrix population models. Second edition. Sinauer.
- CRAMPS S. & SIMMONS K. E. L. 1977** – The Birds of the Western Palearctic, vol.1, OUP, London.
- DAHL O. J. & NYGAARD K. 1966** – SIMULA – An Algol-Based Simulation Language, Comm. of the ACM, N9, V9, 1966, 671 – 978.
- DEL HOYO J. ELLIOT A. & SARGATAL J. eds. 1992** - Handbook of the birds of the World. Vol 1. Lynx Edicions, Barcelona.
- FEUNTEUN E. & MARION L. 1989** - Ichthyological community and predation by Grey Herons in littoral dammed up marshes. Pages 255-256 in J. C. Lefeuvre. Conservation and development: the sustainable use of wetland resources. Museum National d'Histoire Naturelle, Paris, France.
- GILPIN M. E. & SOULE M. E. 1986** – Minimum viable populations : processes of species extinction. In Conservation Biology The Science of Scarcity and Diversity. M. E. Soulé, Editor. (Sinauer, Sunderland, MA).
- GOLBERG A. & ROBSON D. 1989** – Smalltalk-80, the langage and its implementation, Addison Wesley, Reading Mass., edition 1989.
- HAFNER H. & MOSER M. 1980** – Les hérons et la pisciculture en Camargue, Bull. Scient Et tech. O. N. C., spec. Aquaculture-Zone-Humides : 255 – 260.
- HALLEY D. J. & ROSELL F. 2002** - The beaver's reconquest of Eurasia: status, population development and management of a conservation success, Mammal-review. 2002; 32 (3): 153-178
- HAMILTON S. & MOLLER H. 1995** - Can PVA models using computer packages offer useful conservation advice? Sooty Shearwaters *Puffinus griseus* in New Zealand as a case study. Biological Conservation 73: 107-117.
- HANCOCK J. & KUSHLAN J. 1989** – Guide des hérons du monde, p 288, 2^{ème} édition, Delachaux & Niestlé 1989 Paris.
- HIRZEL A.H., HAUSSER J., CHESSEL D. & PERRIN N. 2002.-** Ecological-niche factor analysis : How to compute habitat-suitability maps without absence data? Ecology, 83 : 2027-2036
- KAYSER Y., CLEMENT D. & GAUTHIER-CLERC M. 2005** – L'Ibis sacré *Threskiornis aethiopicussur* le littoral méditerranéen français : impact sur l'avifaune, Ornithos 12:2 (2005) pp 84 - 86



-  LACY R. C. & MILLER P. S. 2002 – Incorporating human populations and activities into population viability analysis. Pp 490-510 in Population Viability Analysis. S. R. Beissinger & D. R. McCullough (eds). The University of Chicago Press. Chicago.
-  LAPERRIERE V. 2004 – Modélisation multi-agents du changement de pratiques viticoles, Mémoire de DEA, Structure et Dynamiques Spatiales, Direction UJF-IGA DUBUS N., Université Grenoble 1.
-  LAWLER J. J., CAMPBELL S. P., GUERRY A. D., KOLOZSVARY M. B., O'CONNOR R. J. & SEWARD L. C. N. 2002 – The Scope and Treatment of Threats in Endangered Species Recovery Plans, Ecological Applications, 12(3), pp. 663-667
-  LEAKEY R. & LEWIN R 1995 – The sixth extinction: Biodiversity and its survival. Phoenix, London.
-  LECOINTRE G. & LE GUYADER H. 2001 – Classification phylogénétique du vivant, p 543, 2^{ème} édition, Belin 2002 Paris.
-  LETCHER B. H., J. A. PRIDDY, J. R. Walters & Crowder L. B. 1998 – An individual-based, spatially explicit simulation model of the population dynamics of the endangered red-cockaded woodpecker, *Picoides borealis*. Biological Conservation 86: 1-14.
-  LOWE F. A. 1954 – The Heron, Collins 1954 London
-  LUDWIG D. 1999 - Is it meaningful to estimate a probability of extinction? Ecology 80: 298-310.
-  MARION L. 1980 – Histoire et évolution récente des effectif des colonies armoricaine de Héron cendrés *Ardea cinerea*, Alauda 48: 33 – 55.
-  MARION L. 1984 – Mise en évidence par biométrie de territoires alimentaires individuels chez un oiseau colonial, le Héron cendré (*Ardea cinerea*). Mécanisme de répartition et de régulation des effectifs des colonie de hérons, L'Oiseau & Revue Française Ornithologie 54, pp : 1 – 78.
-  MARION L. & MARION P. 1987 – Conséquence de la protection du Héron cendré sur sa dynamique de population et sur ses stratégies d'occupation de l'espace en France, Revue Ecologique (Terre et Vie) suppl. 4, pp : 261 – 270.
-  MARION L. 1988 – Evolution des stratégies démographique, alimentaires et d'utilisation de l'espace chez le Héron cendré en France : Importance des contraintes énergétiques et humaines, Thèse de doctorat d'état, p 744, Université de Rennes,
-  MARION L. 1991 - Inventaire National des héronnières de France 1989 : Héron cendré, Héron bihoreau ; Héron garde-bœufs, Héron crabier, Aigrette garzette. M.N.H.Nat., Univ. Rennes I, and SESLG, Ministère de l'Environnement. . 75 pp.
-  MARION L. 1994 - Le Héron cendré. p. 2-5 in Yeatman-berthelot D. & Jarry G. (eds), Atlas des oiseaux nicheurs de France. S.O.F, Paris
-  MARION L. 1997 – Inventaire national des héronnières de France 1994, p 119, édition Muséum National d'Histoire Naturelle 1997 France
-  MARION L., VAN VESSEM J. & ULENAERS P. 2000 – Heron in Europe, Herons Conservation (Eds J. Kushlan & H. Hafner) pp. 1-31. Academic Press San Diego (USA).
-  MARION L., FEUNTUN E., CARPENTIER A. & RIGAUD C. 2001 - Modification of feeding strategies of grey heron (*Ardea cinerea* L.) in response to a major decline in the preyed fish community's biomass, Archiv. Hydrobiologie, Verhand. Int. Verein. Limnol., 27, pp.1-3.
-  MOLTONI E. 1936 - Le garzaie in Italia. Riv. Ital. Orn., 6: 109-148.
-  MORRIS W. F. & DOAK D. F. 2002 - Quantitative Conservation Biology. Sinauer.
-  NORTH P. M. 1979 – Bird study 26 : 23 – 28.
-  R Development Core Team 2004 – R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.
-  REED J. R., SINCOCK J. L. & HAILMAN J. P. 1985 – Light attraction in endangered Procellariiform Birds: Reduction by shielding upward radiation, the Auk, 102 : 377-383, Avril 1985
-  ROBERT A. 2003 - Interactions démographiques et génétiques dans les petites populations, applications aux populations restaurées, Thèse Paris 6 Ecologie, dir. Couvet D. co-dir. Sarrazin F. p 126.
-  ROCAMARA G. & YEATMAN-BERTHELOT D. 1999 – Oiseaux menaces et à surveiller en France, Société d'Etude Ornithologique de France & Ligue pour la Protection des Oiseaux, Muséum National d'Histoire Naturelle, p 598, 1999 Brunoy
-  VASLIN M. 2005 – Notes : Prédation de l'Ibis sacré *Threskiornis aethiopicus* sur des colonies de sternes et de guifettes, Ornithos 12:2 (2005) pp 106-109
-  Weetlands international 2002
-  YEATMAN-BERTHELOT D. & JARRY G. 1995 – Nouvel atlas des oiseaux nicheurs de France (1985-1989), Société Ornithologique de France, Muséum National d'Histoire Naturelle, p775, Paris 1995



Annexes

Annexe 1 : La systématique du Héron cendré

Annexe 2: Programme de fabrication de la matrice des identifiants réalisés sous R

Annexe 3 : Code du programme PERL réalisant le tableau d'analyse de la Loire-Atlantique avec des buffers de 5 Km.

Annexe 4 : Code du programme PERL réalisant le tableau d'analyse de la France.

Annexe 5 : Calculs des GLM sous R

Annexe 6 : Code et Architecture du modèle Héron réalisé sous Cormas en langage SmallTalk.



1. Annexe 1 : La systématique du Héron cendré

Ardea cinerea Linnaeus, 1758. syst Nat. Ed. 10 (1), p. 143 ; Suède.

Classification Phylogénétique d'après Lecointre & Leguyader 2001 :

Eucaryotes

Opisthokonts

Metazoa

Eumetazoa

Bilateria

Deuterostomia

Pharyngotreme

Chordata

Myomerozoa

Craniata

Vertebrata

Gnathostomata

Teleostomi

Osteichthyens

Sarcopterygii

Rhipidistia

Tetrapoda

Anthracosauria

Amniota

Reptilia

Romeriida

Diapsida

Sauria

Archeosauromorpha

Archeosauria

Dinosauria

Saurischia

Theropoda

Tetanurae

Coelurosauria

Maniraptora

Aves

Euornithes

Neornithes

Ciconiiformes

Ardeae

Ardeidae

Ardeinae

Ardea cinerea

Classification classique :

Domaine : **Eucaryotes**

Règne : **Animalia**

Embr. : **Chordata**

Sous-embr. : **Vertebrata**

Classe : **Aves**

Ordre : **Ciconiiformes**

Sous-ordre : **Ardeae**

Famille : **Ardeidae**

Genre : ***Ardea***

Espèce : ***cinerea***

2. Annexe 2: Programme de fabrication de la matrice des identifiants réalisés sous R

```
bufferMatrice <- fonction ()
{
  read.table("IDcoordFrance_10000.txt",header=T)->id
  attach (id)
  Y_coord%/%10000 * -1 ->id$Y_coord
  X_coord%/%10000 -> id$X_coord
  print ("Ecriture dans le fichier : IDcoordFrance_10000_2.txt")
  write.table(id,file="IDcoordFrance_10000_2.txt",col.names=T)
  return (id)
}

madeTab <- fonction (id)
{
  print(" Construction et initialiation du tableau vierge (tab) ")
  tab <- matrix (NA, (max(id$Y_coord) - min(id$Y_coord) +1), (max(id$X_coord) -
min(id$X_coord) +1))
  print ("Tableau pret")
  print ("Debut mise à jour")
  for (i in (1 : dim(id)[1]) )
  {
    tab[(id$Y_coord[i]-min(id$Y_coord)+1),(id$X_coord[i]- min(id$X_coord) + 1)] <- id$ID[i]
  }
  return (tab)
}

matId <- bufferMatrice ()
table <- madeTab(matId)
write.table(table,file="table_IDcoordFrance_10000.txt",col.names=T)
```

3. Annexe 3 : Code du programme PERL réalisant le tableau d'analyse de la Loire-Atlantique avec des buffers de 5 Km.

```
#!/perl

@tab = ([0,0,0,0,.....,0,0,0,0,0,0]);
# @tab est le tableau des identifiants en fonction de leur coordonné
@hs = (0,0,0,0,0,0,.....,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0,0);
# @hs est le tableau des HS classer par identifiant : hs de l'identifiant $tab = $hs[$tab-1]

%col_now =
("4397",7,"6257",20,"5495",58,"4562",21,"4661",21,"9523",13,"8920",3,"3652",160,"4334",3,"1856",979,
,"5016",138,"3146",11,"4436",31,"5454",50,"4441",3,"4928",32,"5633",23,"6397",20,"6547",180,"6842",
61,"2864",45,"6824",61,"10955",27,"5398",260,"8945",15);

# 89 :
("4397",3,"1016",1,"4661",15,"9523",18,"8920",5,"3652",75,"1856",956,"5016",198,"5454",45,"4441",50,
,"5651",8,"5633",51,"6397",17,"6547",5,"6824",67,"10955",9,"8945",7);

# 85 :
("7256",3,"9523",15,"3652",3,"1856",825,"5016",202,"5454",27,"4441",132,"5651",10,"5633",50,"6397",
138,"6824",7);

# %col_now effectif dans la valeur scalaire et identifiant du pixel en clé des colonie lors du
recensement

%col_ex =
("4397",3,"6257",0,"5495",0,"4562",0,"4661",15,"9523",18,"8920",5,"3652",75,"4334",0,"1856",956,"50
16",198,"3146",0,"4436",0,"5454",45,"4441",50,"4928",0,"5633",51,"6397",17,"6547",5,"6842",0,"2864",
0,"6824",67,"10955",9,"5398",0,"8945",7);

# 89
:("4397",0,"1016",0,"4661",0,"9523",15,"8920",0,"3652",3,"1856",825,"5016",202,"5454",27,"4441",132
,"5651",10,"5633",50,"6397",138,"6547",0,"6824",7,"10955",0,"8945",0);

# 85 :
("7256",0,"9523",0,"3652",0,"1856",840,"5016",180,"5454",0,"4441",204,"5651",0,"5633",0,"6397",200,
"6824",0);

# %col_ex effectif dans la valeur scalaire et identifiant du pixel en clé des colonie lors du
recensement précédent

print "\n _____\n Debut du programme \n----- \n";
for ($n = 0 ; $n < 135 ; $n++) # nombre de lignes du tableau @tab
{
    for($m = 0 ; $m < 160 ; $m++) # nombre de colonnes du tableau @tab
    {
        $id = $tab[$n] -> [$m] ;
        if ($id > 0) # si il existe un identifiant pour la case
        {
            print " $id /";
            $good = 0 ; # nombre de pixel dont le HS est supérieur à 35
            $bad = 0 ;# nombre de pixel dont le HS est inférieur à 35
            $mean = 0 ; # somme des HS pou le calcul de la moyenne
            $new_col = 0 ; # nombre de nouvelle colonies dans le pixel
        }
    }
}
```



```

$new_eff = 0 ; # évolution de l'effectif entre deux recensements
$col = 0 ; # présence de colonie lors du précédent recensement
$eff = 0 ; # effectif lors du précédent recensement
$nb_col = 0 ; # nombre de colonie dans la surface du buffer (5km) lors du précédent
recensement
recensement
$eff_buf = 0 ; # effectif dans la surface du buffer (5km) lors du précédent

if (exists $col_now{$id})
{
  $eff = $col_ex{$id} ;
  if ($eff > 0)
  {
    $col = 1 ;
  }
  $new_eff = $col_now{$id} - $eff ;
  $new_col = 1 - $col ;
}
for ($j = ($m - 5) ; $j <= ($m + 5) ; $j++) # réalisation d'un buffer d'environ 5 Km
de rayon
{
  if ($j == ($m - 5) or $j == ($m + 5))
  {
    for ($i = ($n - 2) ; $i <= ($n + 2) ; $i++)
    {
      $idProx = $tab[$i] -> [$j] ;
      if ($idProx > 0)
      {
        $mean = $mean + $hs[$idProx - 1];
        if (exists $col_ex{$idProx})
        {
          $eff_buf = $eff_buf + $col_ex{$idProx};
          if ($col_ex{$idProx} > 0)
          {
            $nb_col++;
          }
        }
        if ($hs[$idProx - 1] > 35)
        {
          $good++
        }
        else
        {
          $bad++
        }
      }
    }
  }
}

```



```
    }
  }
}
elseif (($j == $m - 4) or ($j == $m + 4))
{
  for ($i = ($n - 3) ; $i <= ($n + 3) ; $i++)
  {
    $idProx = $stab[$i] -> [$j] ;
    if ($idProx > 0)
    {
      $mean = $mean + $hs[$idProx - 1];
      if (exists $col_ex{$idProx})
      {
        $eff_buf = $eff_buf + $col_ex{$idProx};
        if ($col_ex{$idProx} > 0)
        {
          $nb_col++;
        }
      }
      if ($hs[$idProx - 1] > 35)
      {
        $good++
      }
      else
      {
        $bad++
      }
    }
  }
}
elseif (($j == $m - 3) or ($j == $m + 3))
{
  for ($i = ($n - 4) ; $i <= ($n + 4) ; $i++)
  {
    $idProx = $stab[$i] -> [$j] ;
    if ($idProx > 0)
    {
      $mean = $mean + $hs[$idProx - 1];
      if (exists $col_ex{$idProx})
      {
        $eff_buf = $eff_buf + $col_ex{$idProx};
        if ($col_ex{$idProx} > 0)
```



```
        {
            $nb_col++;
        }
    }
    if ($hs[$idProx - 1] > 35)
    {
        $good++
    }
    else
    {
        $bad++
    }
}
}
else
{
    for ($i = ($n - 5) ; $i <= ($n + 5) ; $i++)
    {
        $idProx = $stab[$i] -> [$j] ;
        if ($idProx > 0)
        {
            $mean = $mean + $hs[$idProx - 1];
            if (exists $col_ex{$idProx})
            {
                $eff_buf = $eff_buf + $col_ex{$idProx};
                if ($col_ex{$idProx} > 0)
                {
                    $nb_col++;
                }
            }
            if ($hs[$idProx - 1] > 35)
            {
                $good++
            }
            else
            {
                $bad++
            }
        }
    }
}
}
```



```
    push (@tab_good, $good);
    push (@tab_bad, $bad);
    push (@tab_mean, $mean);
    push (@tab_new_col, $new_col);
    push (@tab_new_eff, $new_eff);
    push (@tab_col , $col );
    push (@tab_eff , $eff );
    $nb_col = $nb_col - $col ;
    push (@tab_nb_col , $nb_col);
    $eff_buf = $eff_buf - $eff;
    push (@tab_eff_buf , $eff_buf);
  }
}

print " \n\n ecriture dans les fichiers \n ----- \n";

open ( HS,">buf5_94.txt");
print HS "id nb_bad nb_good sum_HS new_col new_eff pre_col pre_eff col_buffer5 eff_buffer5\n";

for ($i = 0 ; $i < 11292 ; $i++)
{
    $ref = $i + 1 ;
    print HS "$ref $tab_bad[$i] $tab_good[$i] $tab_mean[$i] $tab_new_col[$i] $tab_new_eff[$i]
$tab_col[$i] $tab_eff[$i] $tab_nb_col[$i] $tab_eff_buf[$i]\n";
}
close HS;

print "\n Fin du Processus \n -----";
```




```

print "\n ----- Fabrication des hachages col et eff -----\n\n";

my %eff_ex;
my %col_ex;
my %eff_now;
my %col_now;

for (my $i = 0 ; $i < $#col + 1 ; $i++)
{
    if (exists($col_now{$col [$i] -> [0]}))
    {
        $col_now{$col [$i] -> [0]}++ ;
        $eff_now{$col [$i] -> [0]} += $col [$i] -> [2] ;
        if (($col [$i][1]) > 0)
        {
            $col_ex{$col [$i] -> [0]}++ ;
            $eff_ex{$col [$i] -> [0]} += $col [$i] -> [1] ;
        }
    }
    else
    {
        $col_now{$col [$i] -> [0]} = 1 ;
        $eff_now{$col [$i] -> [0]} = $col [$i] -> [2] ;
        $eff_ex{$col [$i] -> [0]} = $col [$i] -> [1] ;
        if (($col [$i][1]) > 0)
        {
            $col_ex{$col [$i] -> [0]} = 1 ;
        }
        else
        {
            $col_ex{$col [$i] -> [0]} = 0 ;
        }
    }
}

print "\n\n ----- Fabrication de la matrice de stat pour le GLM ----- \n\n";

for ($n = 0 ; $n < 99 ; $n++) # nombre de lignes du tableau @tab
{
    for($m = 0 ; $m <99 ; $m++) # nombre de colones du tableau @tab
    {
        my $id = $tab[$n] -> [$m] ;
    }
}

```



```

if ($id > 0) # si il existe un identifiant pour la case
{
  my $hs = 0 ; # valeur du HS dans la cellule de 10km
  my $col = 0 ; # présence de colonie lors du precednet recensement
  my $eff = 0 ; # effectif lor du précédent recensement
  my $mean = 0 ; # somme des HS dans un rayon de 1 cellule pour le calcul de la
moyenne
  my $meanDiv = 0 ; # nombre par lequel il faut diviser $mean pour obtenir la moyenne

  my $coll = 0 ; # nombre de colonie dans les cellules autour de la cellule étudié à
t-1
  my $eff1 = 0 ; # effectif à t-1
  my $col2 = 0 ; # nombre de colonie dans les cellules distantent de 2 cellules de la
cellule étudié à t-1
  my $eff2 = 0 ;
  my $col3 = 0 ;
  my $eff3 = 0 ;
  my $col5 = 0 ;
  my $eff5 = 0 ;
  my $new_col = 0 ; # nombre de nouvelle colonies dans le pixel
  my $new_eff = 0 ; # evolution de l'effectif entre deux recensements
  $hs = $hsArray[$id - 1] ;
  if (exists $col_now{$id})
  {
    $eff = $eff_ex{$id} ;
    $col = $col_ex{$id} ;
    $new_eff = $eff_now{$id} - $eff ;
    $new_col = $col_now{$id} - $col ;
  }
  for (my $i= ($n - 5) ; $i <= ($n + 5) ; $i++) # réalisation d'un buffer d'environ 5
cellule de rayon
  {
    for (my $j = ($m - 5) ; $j <= ($m + 5) ; $j++) # réalisation d'un buffer
d'environ 5 Km de rayon
    {
      if ($i > ($n + 3) or $i < ($n - 3) or $j > ($m + 3) or $j < ($m - 3))
      {
        my $idProx = $tab[$i] -> [$j] ;
        if ($idProx > 0)
        {
          if (exists $col_ex{$idProx})
          {
            $col5 += $col_ex{$idProx};
            $eff5 += $eff_ex{$idProx};
          }
        }
      }
    }
  }
}

```



```

    }
  }
elseif ($i > ($n + 2) or $i < ($n - 2) or $j > ($m + 2) or $j < ($m - 2))
{
  my $idProx = $stab[$i] -> [$j] ;
  if ($idProx > 0)
  {
    if (exists $col_ex{$idProx})
    {
      $col3 += $col_ex{$idProx};
      $eff3 += $eff_ex{$idProx};
    }
  }
}
elseif ($i > ($n + 1) or $i < ($n - 1) or $j > ($m + 1) or $j < ($m - 1))
{
  my $idProx = $stab[$i] -> [$j] ;
  if ($idProx > 0)
  {
    if (exists $col_ex{$idProx})
    {
      $col2 += $col_ex{$idProx};
      $eff2 += $eff_ex{$idProx};
    }
  }
}
elseif ($i > $n or $i < $n or $j > $m or $j < $m)
{
  my $idProx = $stab[$i] -> [$j] ;
  if ($idProx > 0)
  {
    $mean += $hsArray[$idProx - 1] ;
    $meanDiv++ ;
    if (exists $col_ex{$idProx})
    {
      $col1 += $col_ex{$idProx};
      $eff1 += $eff_ex{$idProx};
    }
  }
}
}
}
}

```



```

push (@tab_id,$id) ;
push (@tab_hs, $hs);
push (@tab_col, $col);
push (@tab_eff, $eff);
if ($meanDiv != 0)
{
    $mean = $mean / $meanDiv
}
else
{
    $mean = 0
}
push (@tab_mean, $mean);
push (@tab_col1, $col1);
push (@tab_eff1, $eff1 );
push (@tab_col2 , $col2 );
push (@tab_eff2, $eff2 );
push (@tab_col3 , $col3 );
push (@tab_eff3, $eff3 );
push (@tab_col5 , $col5 );
push (@tab_eff5, $eff5 );
push (@tab_new_col , $new_col);
push (@tab_new_eff , $new_eff);
}
}
}
print " \n\n ecriture dans les fichiers \n ----- \n";

# open ( HS,">ExportGLM-France85.txt");
# open (HS, ">ExportGLM-France89.txt");
open (HS, ">ExportGLM-France94.txt");

print HS "id hs col eff hsMean col1 eff1 col2 eff2 col3 eff3 col5 eff5 newCol newEff\n";

for ($i = 0 ; $i < $#tab_id + 1 ; $i++)
{
#print "$i - ";
    print HS "$tab_id[$i] $tab_hs[$i] $tab_col[$i] $tab_eff[$i] $tab_mean[$i] $tab_col1[$i]
$tab_eff1[$i] $tab_col2[$i] $tab_eff2[$i] $tab_col3[$i] $tab_eff3[$i] $tab_col5[$i] $tab_eff5[$i]
$tab_new_col[$i] $tab_new_eff[$i]\n";
}
close HS;

print "\n Fin du Processus \n ----- \n\n" ;

```



5. Annexe 5 : Calculs des GLM sous R

5.1. La Loire-Atlantique avec des carrés de 1,2 Km sur 1,2 Km

```
data85 = read.table("analy1985.txt",header=TRUE)
data89 = read.table("analy1989.txt",header=TRUE)
data = rbind(data85,data89)
attach(data)
model = glm (newCol ~ nbPixel + HS_mean + HSsup35 + eff + col + col_k + A_nbPixel + A_HS_mean +
A_HSsup35 + A_newCol + A_eff + A_col + A_col_k + an , family = poisson)
summary(model)
```

Call:

```
glm(formula = newCol ~ nbPixel + HS_mean + HSsup35 + eff + col +
col_k + A_nbPixel + A_HS_mean + A_HSsup35 + A_newCol + A_eff +
A_col + A_col_k + an, family = poisson)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.9353	-0.3085	-0.2334	-0.1525	2.4663

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)	
(Intercept)	-4.9773642	1.7949191	-2.773	0.00555	**
nbPixel	0.0069401	0.0117959	0.588	0.55630	
HS_mean	0.0365494	0.0337042	1.084	0.27818	
HSsup35	0.0215611	0.0235559	0.915	0.36003	
eff	-0.0131177	0.0141700	-0.926	0.35458	
col	-1.9082705	1.5404850	-1.239	0.21544	
col_k	1.1988992	1.8986293	0.631	0.52774	
A_nbPixel	-0.0002012	0.0018385	-0.109	0.91287	
A_HS_mean	0.0472223	0.0227538	2.075	0.03795	*
A_HSsup35	-0.0154098	0.0107604	-1.432	0.15212	
A_newCol	-0.5735292	0.5131375	-1.118	0.26370	
A_eff	-0.0001627	0.0019871	-0.082	0.93473	
A_col	0.0469346	0.8859218	0.053	0.95775	
A_col_k	-1.0002219	1.7096540	-0.585	0.55852	
an	0.2243408	0.3059279	0.733	0.46337	

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)



Null deviance: 70.206 on 141 degrees of freedom
 Residual deviance: 35.717 on 127 degrees of freedom
AIC: 94.33

Number of Fisher Scoring iterations: 6

`step(model)`

Call: `glm(formula = newCol ~ HSsup35 + eff + A_HS_mean + A_HSsup35, family = poisson)`

Coefficients:

(Intercept)	HSsup35	eff	A_HS_mean	A_HSsup35
-3.25405	0.03424	-0.01374	0.03629	-0.01725

Degrees of Freedom: 141 Total (i.e. Null); 137 Residual

Null Deviance: 70.21

Residual Deviance: 41.38 **AIC: 79.99**

`modell = glm(formula = newCol ~ HSsup35 + eff + A_HS_mean + A_HSsup35, family = poisson)`

`summary(modell)`

Call:

`glm(formula = newCol ~ HSsup35 + eff + A_HS_mean + A_HSsup35, family = poisson)`

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.4442	-0.3237	-0.2860	-0.2208	2.1250

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)	
(Intercept)	-3.254048	0.476198	-6.833	8.3e-12	***
HSsup35	0.034238	0.010026	3.415	0.000638	***
eff	-0.013739	0.007680	-1.789	0.073645	.
A_HS_mean	0.036294	0.010901	3.330	0.000870	***
A_HSsup35	-0.017251	0.005546	-3.111	0.001866	**

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

Null deviance: 70.206 on 141 degrees of freedom
 Residual deviance: 41.377 on 137 degrees of freedom
AIC: 79.991



Number of Fisher Scoring iterations: 7

```
model2 = glm(formula = newCol ~ HSsup35 + A_HS_mean + A_HSsup35, family = poisson)
anova(model1, model2, test = "F")
```

Analysis of Deviance Table

Model 1: newCol ~ HSsup35 + eff + A_HS_mean + A_HSsup35

Model 2: newCol ~ HSsup35 + A_HS_mean + A_HSsup35

	Resid. Df	Resid. Dev	Df	Deviance	F	Pr(>F)
1	137	41.377				
2	138	47.953	-1	-6.576	6.5755	0.01034 *

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```
summary(model2)
```

Call:

```
glm(formula = newCol ~ HSsup35 + A_HS_mean + A_HSsup35, family = poisson)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.2490	-0.3298	-0.3018	-0.2466	2.0732

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	-3.131848	0.457660	-6.843	7.75e-12 ***
HSsup35	0.029421	0.010466	2.811	0.00494 **
A_HS_mean	0.027524	0.010353	2.659	0.00785 **
A_HSsup35	-0.013856	0.005647	-2.454	0.01414 *

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

Null deviance: 70.206 on 141 degrees of freedom

Residual deviance: 47.953 on 138 degrees of freedom

AIC: 84.567

Number of Fisher Scoring iterations: 6

```
x11()
```

```
par(mfrow=c(2,2))
```

```
plot(model2)
```



5.2. La Loire-Atlantique avec des 800 m sur 800

```
data85 = read.table("buffer800m_85.txt", header = T)
data89 = read.table("buffer800m_89.txt", header = T)
data = rbind(data85,data89)
attach(data)

model = glm (new_col ~ nb_bad + nb_good + sum_HS + mean_HS + pre_col + pre_eff + col_ano10 +
eff_ano10 + col_ano20 + eff_ano20 + col_ano30 + eff_ano30 + an, family = poisson)
summary(model)
```

Call:

```
glm(formula = new_col ~ nb_bad + nb_good + sum_HS + mean_HS +
pre_col + pre_eff + col_ano10 + eff_ano10 + col_ano20 + eff_ano20 +
col_ano30 + eff_ano30 + an, family = poisson)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.22026	-0.02789	-0.02057	-0.01872	3.85381

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)	
(Intercept)	-7.193e+00	2.549e+00	-2.822	0.00478	**
nb_bad	-1.518e-02	2.670e-02	-0.568	0.56972	
nb_good	-1.405e-01	5.678e-02	-2.475	0.01332	*
sum_HS	1.730e-03	8.699e-04	1.989	0.04670	*
mean_HS	4.684e-02	4.572e-02	1.024	0.30564	
pre_col	-1.146e+01	1.149e+03	-0.010	0.99205	
pre_eff	1.112e-03	3.659e+00	0.000304	0.99976	
col_ano10	2.178e-01	5.472e-01	0.398	0.69056	
eff_ano10	-2.655e-03	3.517e-03	-0.755	0.45034	
col_ano20	-3.039e-01	3.874e-01	-0.785	0.43274	
eff_ano20	-8.586e-04	2.207e-03	-0.389	0.69727	
col_ano30	8.185e-02	3.085e-01	0.265	0.79078	
eff_ano30	-3.279e-04	1.138e-03	-0.288	0.77317	
an	4.898e-02	7.309e-01	0.067	0.94657	

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

Null deviance: 206.80 on 22579 degrees of freedom
Residual deviance: 176.67 on 22566 degrees of freedom
AIC: 232.67



Number of Fisher Scoring iterations: 15

```
step(model)
```

```
Call: glm(formula = new_col ~ nb_good + sum_HS + mean_HS, family = poisson)
```

Coefficients:

(Intercept)	nb_good	sum_HS	mean_HS
-8.757891	-0.119980	0.001340	0.070943

Degrees of Freedom: 22579 Total (i.e. Null); 22576 Residual

Null Deviance: 206.8

Residual Deviance: 179.8 **AIC: 215.8**

There were 24 warnings (use warnings() to see them)

```
modell = glm(formula = new_col ~ nb_good + sum_HS + mean_HS, family = poisson)
```

```
summary(modell)
```

Call:

```
glm(formula = new_col ~ nb_good + sum_HS + mean_HS, family = poisson)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-0.21559	-0.03021	-0.01894	-0.01773	3.93905

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	-8.7578913	0.5105794	-17.153	< 2e-16 ***
nb_good	-0.1199798	0.0454850	-2.638	0.00834 **
sum_HS	0.0013397	0.0006785	1.974	0.04833 *
mean_HS	0.0709433	0.0257748	2.752	0.00592 **

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

Null deviance: 206.80 on 22579 degrees of freedom

Residual deviance: 179.78 on 22576 degrees of freedom

AIC: 215.78

Number of Fisher Scoring iterations: 10

```
x11()
```

```
par(mfrow=c(2,2))
```

```
plot(modell)
```



5.3. France avec des carré de 10 Km sur 10 Km

```

rm(list=ls())
data85 = read.table("ExportGLM-France85.txt", header = T)
data89 = read.table("ExportGLM-France89.txt", header = T)
data = rbind(data85,data89)
attach(data)
model = glm(newCol ~ col + eff + hs + hsMean + col1 + eff1 + col2 + eff2 + col3 + eff3 + col5 +
eff5 + an + colTotal + effTotal , family=poisson)
summary(model)
Call:
glm(formula = newCol ~ col + eff + hs + hsMean + col1 + eff1 +
  col2 + eff2 + col3 + eff3 + col5 + eff5 + an + colTotal +
  effTotal, family = poisson)
Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.8789  -0.2412  -0.1860  -0.1629   3.8195

Coefficients: (2 not defined because of singularities)
              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -5.3141841   0.3985851  -13.333  < 2e-16 ***
col           0.4437950   0.1608361    2.759  0.005793 **
eff           0.0008168   0.0013800    0.592  0.553932
hs            0.0439317   0.0112430    3.907  9.33e-05 ***
hsMean       -0.0329207   0.0112034   -2.938  0.003298 **
col1          0.1973218   0.0575239    3.430  0.000603 ***
eff1          0.0008531   0.0006106    1.397  0.162320
col2          0.1380795   0.0501003    2.756  0.005850 **
eff2          0.0007721   0.0004681    1.649  0.099066 .
col3          0.0759952   0.0487463    1.559  0.118998
eff3          0.0003759   0.0004936    0.761  0.446363
col5          0.0680489   0.0263787    2.580  0.009889 **
eff5          0.0002312   0.0003274    0.706  0.480140
an            0.0446028   0.0397347    1.123  0.261644
colTotal      NA           NA           NA      NA
effTotal      NA           NA           NA      NA
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)
Null deviance: 2394.0 on 11521 degrees of freedom
Residual deviance: 2148.0 on 11508 degrees of freedom
AIC: 2802.6

```



Number of Fisher Scoring iterations: 7

```
step(model)
```

```
Call: glm(formula = newCol ~ col + hs + hsMean + col1 + col2 + eff2 + col3 + col5, family= poisson)
```

Coefficients:

(Intercept)	col	hs	hsMean	col1	col2	eff2
col3	col5					
-5.0489929	0.4874694	0.0447636	-0.0358460	0.2481386	0.1420415	0.0007453
0.1023678	0.0859564					

Degrees of Freedom: 11521 Total (i.e. Null); 11513 Residual

Null Deviance: 2394

Residual Deviance: 2152 AIC: 2797

```
modell = glm( newCol ~ col + hs + hsMean + col1 + col2 + eff2 + col3 + col5, family= poisson)
```

```
summary(modell)
```

Call:

```
glm(formula = newCol ~ col + hs + hsMean + col1 + col2 + eff2 +
     col3 + col5, family = poisson)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.9074	-0.2422	-0.1834	-0.1640	3.8201

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)
(Intercept)	-5.0489929	0.3628550	-13.915	< 2e-16 ***
col	0.4874694	0.1332436	3.658	0.000254 ***
hs	0.0447636	0.0108180	4.138	3.51e-05 ***
hsMean	-0.0358460	0.0105412	-3.401	0.000672 ***
col1	0.2481386	0.0454974	5.454	4.93e-08 ***
col2	0.1420415	0.0497198	2.857	0.004279 **
eff2	0.0007453	0.0004592	1.623	0.104554
col3	0.1023678	0.0394521	2.595	0.009466 **
col5	0.0859564	0.0192180	4.473	7.72e-06 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

Null deviance: 2394.0 on 11521 degrees of freedom

Residual deviance: 2152.1 on 11513 degrees of freedom

AIC: 2796.8

Number of Fisher Scoring iterations: 7

```
model2 = glm(formula = newCol ~ col + hs + hsMean + col1 + col2 + col3 + col5, family = poisson)
```



```
anova(model1,model2,test ="F")
```

Analysis of Deviance Table

```
Model 1: newCol ~ col + hs + hsMean + col1 + col2 + eff2 + col3 + col5
```

```
Model 2: newCol ~ col + hs + hsMean + col1 + col2 + col3 + col5
```

	Resid. Df	Resid. Dev	Df	Deviance	F	Pr(F)
1	11513	2152.13				
2	11514	2154.41	-1	-2.28	2.2762	0.1314

```
summary(model2)
```

Call:

```
glm(formula = newCol ~ col + hs + hsMean + col1 + col2 + col3 + col5, family = poisson)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.9238	-0.2424	-0.1833	-0.1644	3.8024

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(z)
(Intercept)	-4.98286	0.35761	-13.934	< 2e-16 ***
col	0.48978	0.13343	3.671	0.000242 ***
hs	0.04490	0.01073	4.185	2.85e-05 ***
hsMean	-0.03682	0.01043	-3.530	0.000416 ***
col1	0.24264	0.04536	5.350	8.81e-08 ***
col2	0.18559	0.04101	4.525	6.03e-06 ***
col3	0.10525	0.03928	2.680	0.007371 **
col5	0.08661	0.01917	4.518	6.25e-06 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

Null deviance: 2394.0 on 11521 degrees of freedom

Residual deviance: 2154.4 on 11514 degrees of freedom

AIC: 2797.1

Number of Fisher Scoring iterations: 7

```
x11()
```

```
par(mfrow=c(2,2))
```

```
plot(model2)
```



```

rm(list=ls())
data85 = read.table("ExportGLM-France85.txt", header = T)
data89 = read.table("ExportGLM-France89.txt", header = T)
data = rbind(data85,data89)
attach(data)
model = glm(formula = newCol ~ col + I(col^2) + hs + hsMean + col1 + I(col1^2) + col2 + I(col2^2) +
col3 + I(col3^2) + col5 + I(col5^2), family=poisson)
summary(model)
Call:
glm(formula = newCol ~ col + I(col^2) + hs + hsMean + col1 +
I(col1^2) + col2 + I(col2^2) + col3 + I(col3^2) + col5 +
I(col5^2), family = poisson)
Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.6444 -0.2820 -0.1996 -0.1712  4.0316

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -4.902258   0.261811 -18.724 < 2e-16 ***
col           0.908984   0.166883   5.447 5.13e-08 ***
I(col^2)     -0.177587   0.075730  -2.345 0.019028 *
hs           0.039474   0.008716   4.529 5.93e-06 ***
hsMean      -0.031839   0.008586  -3.708 0.000209 ***
col1         0.224638   0.064012   3.509 0.000449 ***
I(col1^2)    0.002107   0.008587   0.245 0.806150
col2         0.227794   0.062325   3.655 0.000257 ***
I(col2^2)   -0.012777   0.008627  -1.481 0.138628
col3         0.208607   0.066774   3.124 0.001784 **
I(col3^2)   -0.028287   0.010088  -2.804 0.005048 **
col5         0.178207   0.037219   4.788 1.68e-06 ***
I(col5^2)   -0.011553   0.002853  -4.049 5.15e-05 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

Null deviance: 4317.4  on 17282  degrees of freedom
Residual deviance: 3802.3  on 17270  degrees of freedom
AIC: 5017.7

Number of Fisher Scoring iterations: 7

step(model)

```



Coefficients:

(Intercept)	col	I(col ²)	hs	hsMean	col1	col2	
-4.90154	0.90744	-0.17576	0.03951	-0.03187	0.23857	0.22783	-
I(col2 ²)	col3						
0.01279	0.20739						
I(col3 ²)	col5	I(col5 ²)					
-0.02820	0.17624	-0.01146					

Degrees of Freedom: 17282 Total (i.e. Null); 17271 Residual

Null Deviance: 4317

Residual Deviance: 3802 AIC: 5016

```
modell=glm(formula = newCol ~ col + I(col^2) + hs + hsMean + col1 + col2 + I(col2^2) + col3 + I(col3^2) + col5 + I(col5^2), family = poisson)
```

summary(modell)

Call:

```
glm(formula = newCol ~ col + I(col^2) + hs + hsMean + col1 + col2 + I(col2^2) + col3 + I(col3^2) + col5 + I(col5^2), family = poisson)
```

Deviance Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-1.5907	-0.2819	-0.1995	-0.1712	4.0311

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(> z)	
(Intercept)	-4.901539	0.261869	-18.717	< 2e-16	***
col	0.907443	0.166734	5.442	5.25e-08	***
I(col ²)	-0.175757	0.075360	-2.332	0.019688	*
hs	0.039508	0.008728	4.527	6.00e-06	***
hsMean	-0.031871	0.008598	-3.707	0.000210	***
col1	0.238570	0.029302	8.142	3.90e-16	***
col2	0.227833	0.062277	3.658	0.000254	***
I(col2 ²)	-0.012794	0.008612	-1.486	0.137374	
col3	0.207392	0.066599	3.114	0.001846	**
I(col3 ²)	-0.028200	0.010082	-2.797	0.005155	**
col5	0.176236	0.036323	4.852	1.22e-06	***
I(col5 ²)	-0.011457	0.002825	-4.056	4.99e-05	***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for poisson family taken to be 1)

Null deviance: 4317.4 on 17282 degrees of freedom

Residual deviance: 3802.4 on 17271 degrees of freedom

AIC: 5015.8

Number of Fisher Scoring iterations: 7



6. Annexe 6 : Code et Architecture du modèle Héron réalisé sous Cormas en langage SmallTalk.

Objet

CormasModel

Héron (Nom du modèle réalisé)

accessing

thePatches

```
^thePatches ifNil:[thePatches := IndexedSet new]
```

thePatches: x

```
thePatches := x
```

control

stepSynchronously: t

```
"The main methode of the model. t parameter is the current time (integer)"
```

```
super stepSynchronously: t.
```

```
super updateData: t.
```

stepAsynchronously: t

```
super stepAsynchronously: t.
```

```
super updateData: t.
```

init

init

```
self initCells.
```

initFrance

```
self initCells: #initFrance.
```

Entity

SpatialEntity

SpatialEntityElement

SpatialEntityCell

Patch

*accessing***hs**

```
"Getter accessor with default value = 0 "
^hs ifNil:[hs := 0]
```

hs: anObject

```
hs := anObject
```

neighbourHs

```
"Valeur moyenne dans du HS dans les cellules voisines "
| sum fact |
  sum := 0.
  neighbourhood do: [ :n | sum := sum + n hs].

  self spaceModel nbNeighbours = #four
    ifTrue: [fact := 4].
  self spaceModel nbNeighbours = #eight
    ifTrue: [fact := 8].
  self spaceModel nbNeighbours = #six
    ifTrue: [fact := 6].

  ^neighbourHs := sum / fact
```

neighbourHs: anObject

```
neighbourHs := anObject
```

*control***newState**

```
self newStateDiffusionPolynomialFrance.
```

newStateDiffusionPolynomialFrance

```
"instalation d'une nouvelle colonie en france en fonction des colonie voisines et en fonction du HS"
```

```
|glm|
glm := ( ((self hs) * 0.039508)
  + ((self neighbourHs) * (-0.031871))
  + ((self state) * 0.907443)
  + ((self state)**2 * (-0.175757))
  + ((self neighbourColonieNumber) * 0.238570)
  + ((self neighbourColonieNumber2) * 0.227833)
  + ((self neighbourColonieNumber2)**2 * (-0.012794))
```




```

+ ((self neighbourColonieNumber3) * 0.207392)
+ ((self neighbourColonieNumber3)**2 * (-0.028200))
+ ((self neighbourColonieNumber5) * 0.176236)
+ ((self neighbourColonieNumber5)**2 * (-0.011457))
- 4.901539
)exp.
(glm > 10) ifTrue: [glm := 10].
(self hs > 0) "pour ne pas avoir de colonie de Héron dans l'océan ou la mer !!!"
  ifTrue:      [self bufferState: self state + (self getValueFromPoisson: glm)]
  ifFalse:     [self bufferState: 0]

```

newStateDiffusionFrance

"instalation d'une nouvelle colonie en france en fonction des colonie voisines et en fonction du HS
"

```

|glm|
glm := ( ((self state) * 0.48978)
+ ((self hs) * 0.04490)
+ ((self neighbourHs) * (-0.03682))
+ ((self neighbourColonieNumber) * 0.24264)
+ ((self neighbourColonieNumber2) * 0.18559)
+ ((self neighbourColonieNumber3) * 0.10525)
+ ((self neighbourColonieNumber5) * 0.08661)
- 4.98286
)exp.
(glm > 4) ifTrue: [glm := 4].
(self hs > 0) "pour ne pas avoir de colonie de Héron dans l'océan ou la mer !!!"
  ifTrue:      [((self state + (self getValueFromPoisson: glm)) > 4)
                ifTrue:      [self bufferState: 4]
                ifFalse:     [self bufferState: self state + (self getValueFromPoisson:
glm)]]
                ]
  ifFalse:     [self bufferState: 0]

```

newStateRandomHsFrance

"instalation d'une nouvelle colonie en france en fonction des colonie voisines et en fonction du HS
"

```

|glm|
glm := ((self hs) * 0.0021137)
+ ((self neighbourHs) * (-0.0016484))
- 0.0096801 ).
self bufferState: ((self state) + (self getValueFromPoisson:glm)).

```

neighbourColonieNumber

"Nombre de colonie dans les cellules voisines "



```
| compt |
  compt := 0.
  neighbourhood do: [ :aCell | compt := compt + aCell state].
  ^compt
```

neighbourColonieNumber2

"nombre de colonie dans l'anneau à 2 carré du pixel"

```
^(self neighbourColonieRecursive: 2) - (self state) - (self neighbourColonieNumber)
```

neighbourColonieNumber3

"nombre de colonie dans l'anneau à 3 carré du pixel"

```
^(self neighbourColonieRecursive: 3) - (self neighbourColonieRecursive: 2)
```

neighbourColonieNumber5

"nombre de colonie dans l'anneau à 4 et 5 carré du pixel"

```
^(self neighbourColonieRecursive: 5) - (self neighbourColonieRecursive: 3)
```

neighbourColonieRecursive: rayon

"Nombre de colonie dans un rayon de cellules donnée "

```
| compt allCells|
  compt := 0.
  allCells := super recursiveNeighbourhood: rayon.
  allCells do: [ :aCell | compt := compt + aCell state].
  ^compt - self state
```

getValueFromPoisson: mu

```
| randomValue i found cumul |
  randomValue := Cormas random.
  i := -1.
  found := false.
  cumul := 0.
  [found not] whileTrue:
    [i := i + 1.
     cumul := cumul + (self probaPoisson: mu value: i).
     found := randomValue < cumul].
  ^i
```

probaPoisson: mu value: i

```
^(mu ** i * mu negated exp / i factorial) asFloat
```

init

initFrance



```
super init.  
self hs.  
self state.  
self neighbourHs.  
self bufferState: 0.
```

pov

povBufferState

"return a symbol or a ColorValue"

```
^super  
  povAttribute: #bufferState  
  min: 0  
  max:10  
  color: ColorValue red
```

povHeron

"return a symbol or a ColorValue"

```
^super  
  povAttribute: #state  
  min: 0  
  max: 10  
  color: ColorValue red
```

povHs

"return a symbol or a ColorValue"

(self hs >= 0) ifTrue: [

```
^super  
  povAttribute: #hs  
  min: 0  
  max: 100  
  color: ColorValue green ]
```

povHsNeighbour

"return a symbol or a ColorValue"

```
^super  
  povAttribute: #neighbourHs  
  min: 0  
  max: 100  
  color: ColorValue brown
```

Résumé : Recolonisation du Héron cendré *Ardea cinerea* en France subséquente à sa mise en protection ; Modélisation dans un automate cellulaire

Depuis 1975 le Héron cendré *Ardea cinerea* est protégé, et suite à son changement de statut, ses populations ont effectué une remarquable recolonisation du territoire français. Cet échassier, qui avait subi une destruction massive, avait quasiment disparu de notre avifaune à la fin du XIX^{ème} siècle. Ce travail consiste à modéliser spatialement cette recolonisation.

Nous avons travaillé à partir de deux types de donnée ; le comptage des colonies effectué à intervalles plus ou moins réguliers sous l'égide du MNHN et de l'université de Rennes 1, et l'indice de potentialité d'habitat construit par Boisteau à partir de différents descripteurs du paysage. Les modèles ont été construits à partir d'estimateurs calculés sous R par des GLM (Modèle Linéaire Généralisé). Puis dans l'environnement objet Cormas nous avons réalisé un automate cellulaire.

Les résultats montrent qu'un modèle basé sur un polynôme permet d'intégrer la notion de densité dépendance et donc de compétition intra-spécifique. Ainsi nous avons pu observer un point d'inflexion dans la courbe du nombre de colonies projeté en France en 2021.

La modélisation dans l'environnement Cormas nous a permis d'apprécier les qualités de flexibilité de cet outil, qui le rendent très intéressant pour ce type de modélisation.

Nous avons réalisé un automate cellulaire et non un SMA (Système Multi Agents) car celui-ci est plus compatible avec le type de données dont nous disposons. Cependant nous envisageons de le transformer en SMA pour en permettre une utilisation plus complexe (insertion de nouveaux agents).

Mots clés : Héron cendré, *Ardea cinerea*, potentialité de l'habitat, modélisation, dynamique de colonisation, GLM, Cormas, automate cellulaire.

Abstract : Use of a cellular automaton to model the recolonisation of the Grey Heron *Ardea cinerea* in France

The French populations of Grey Heron *Ardea cinerea* have suffered a severe decline within the nineteenth-century that pushed the species to the brink of extinction in France. The species has been protected in France since 1975. Since that time, a great number of new colonies have been observed at several locations all over the country. This work aims at developing a spatial model of the recolonisation of France by the Grey Heron.

We used two data sources. The first one is the empirical spatial distribution of nesting colonies of Grey Heron (counted at more or less regular time intervals from 1970 to 2001, data from the MNHN and the university Rennes 1). The second one is a map of habitat suitability indexes obtained from different landscape descriptors (data from Boisteau). Model estimates were obtained through GLM (Generalized Linear Model) using the R software. The model was then developed using a cellular automaton in the Cormas object oriented language.

Results indicate that a polynomial model allows to accurately model the density dependent pattern of colony settlement resulting from intra specific competition. We are able to observe an inflexion point in the rate of colonisation in France in 2021.

The use of Cormas allowed us to appreciate the flexibility of this tool, which offers interesting possibilities of colonisation model development.

We developed cellular automata rather than a MAS (Multi Agent System) since this type of modelling was adapted to our data set. However, we plan to develop a MAS (that may allow us to consider new agents) in further modelling work.

Keys words: Grey Heron, *Ardea cinerea*, habitat suitability, model, colonization dynamics, GLM, Cormas, cellular automaton.