

InSpred. Hierarchical models for insect distribution

Stéphane Dupas, Marc Stéfanon, Bruno Le Rü, George Ong'amo, Nicolas Viovy, Juan Fernandez, Aude Barbotin, Rodolphe

Enjeu : L'anthropisation est à l'origine de changements profonds dans les écosystèmes.

Pour internaliser les coûts en terme de biodiversité et de service écosystémique des changements climatiques et paysagers, il faut pouvoir établir des prédictions fiables. Les modèles les plus utilisés pour prédire les réponses des espèces sont des modèles corrélatifs. Ils utilisent des données d'observation et sont basés sur la relation entre la présence d'une espèce et les variables de son habitat (climat, usage des terres, pratiques de contrôle). Il s'agit de proxy des véritables variables causales. Par ailleurs les modèles ne prennent pas en compte les capacités de déplacement.

Problématique : La qualité des scénarios produits repose sur la bonne articulation des modèles climatiques, des modèles environnementaux (usages des terres), et des modèles écologiques. Il s'agit de rendre les modèles des réponse des espèces plus mécanistes, plus proches de la biologie des espèces en incluant les capacités de déplacement, et en recherchant des proxy environnementaux plus proches des variables causales.

L'objectif du projet est d'identifier des points ou des améliorations peuvent être apportées aux modèles de distributions d'espèces, à l'interface entre sciences du climat (température et état de surface) et sciences écologies (identification des échelles pertinentes, des priors, et des variables causales). Le labex BASC qui regroupe des compétences de BASC dans ces différentes disciplines est un lieu favorable à l'amélioration de ces interfaces.

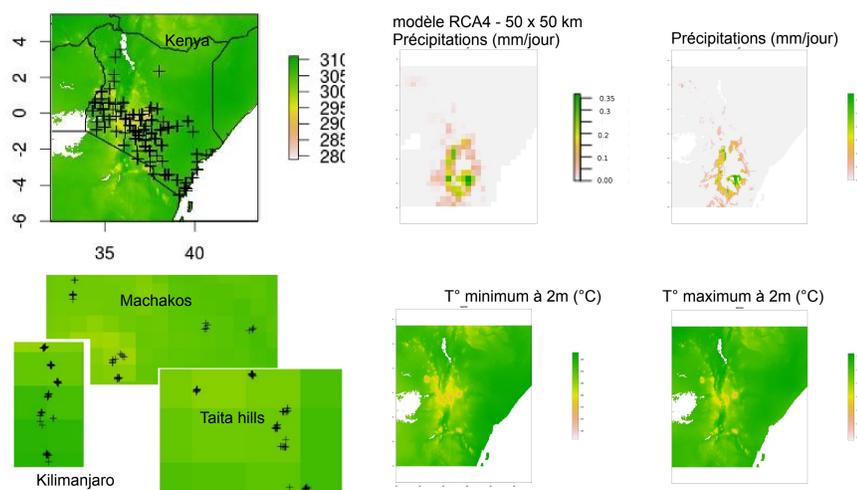


Figure 1. Localités suivies pour les foreurs de tige de céréales cultivées (623 échantillonnages entre 2001 et 2006 et 720 échantillonnages entre 2012 et 2013)

Figure 3. Downscaling climatique du modèle RCA4 CORDEX D'une résolution 50 km x 50 km vers 5 Km x 5 Km (illustration pour la date du 31 décembre 2003)

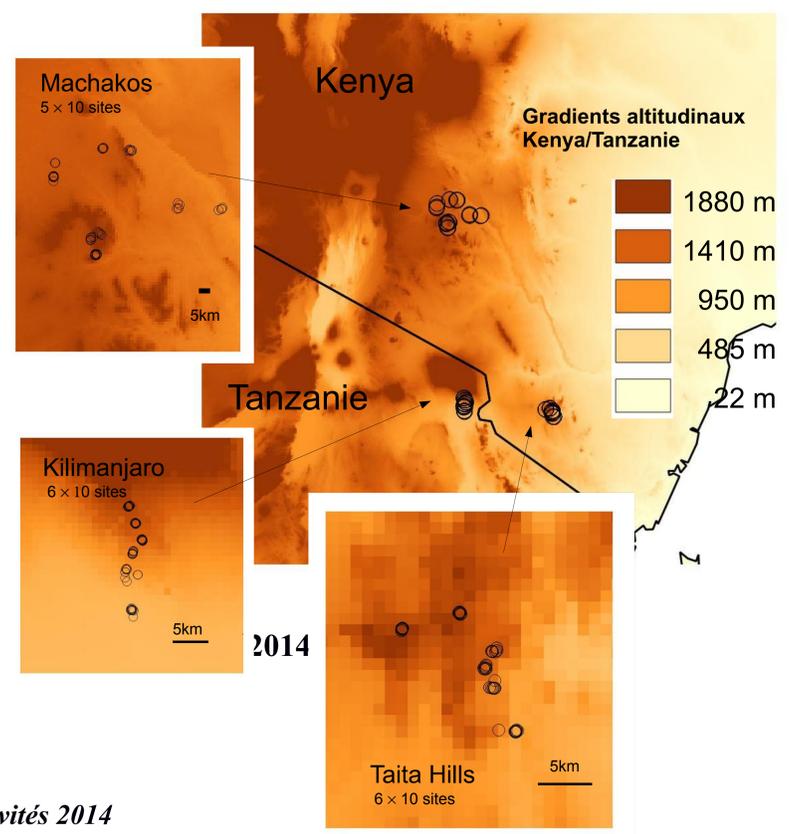
Matériels et méthodes

Données insecte

Nous reposons sur des séries spatiotemporelles de nombre d'insecte foreur par tige de maïs collectés :

- A l'échelle du Kenya collectées entre 2001 et 2006 (623 échantillonnages, figure 1).
- A l'échelle de petites montagnes isolées (réalisées entre 2012 et 2013 sur trois gradients altitudinaux, 10 parcelles x 6 localités, distantes de 3 km par gradient). Sur ces parcelles des enquêtes ont été réalisées auprès des agriculteurs pour caractériser les facteurs affectant la dynamique spatiale. (figures 1, 2)

Figure 1. Gradients altitudinaux (collines isolées) suivis entre 2012 et 2013 (4 échantillonnages par station, 180 stations)



Activités 2014

Données insectes

Le jeu de données sur les gradients est renforcé un nouvel échantillonnage sur les 180 stations.

Données agronomiques

Lors de ces échantillonnages, les agriculteurs sont questionnés à nouveau sur la gestion des résidus de culture et leur commerce. Les résidus de culture hébergent en effet les ravageurs et contribuent au déplacement par l'homme.

Données Climat

Le modèle climatique régional RCA4 est downscalé à des échelles spatiales adaptées (5km x 5km) (figure 2).

Afin d'obtenir des séries temporelles pour la période d'échantillonnage

Inférence modèle dynamique insecte – climat

Les données insecte et les séries journalières climatiques sont utilisées pour inférer un modèle de dynamique spatiale et environnementale des insectes.

A venir :

Modèles de surface

Le modèle ORCHIDEE sera utilisé pour prédire l'état de surface en particulier de la végétation cultivée. Le modèle de végétation sera adapté à la plante hôte de l'insecte étudié (le maïs).

Modèle écologique « RCDM »

Le modèle de niche (environnemental) sera amélioré (par Stacie Kith, et Laure Baugnies M1 U. P7 Mars-Mai 2015), au sein de la bibliothèque GraphPOP (projet FP2, Arnaud Becheler Doctorant, responsable), en le rendant spatial et temporel pour les gradients environnementaux par l'inférence des déplacements à l'aide de marqueurs moléculaires (figure 3).

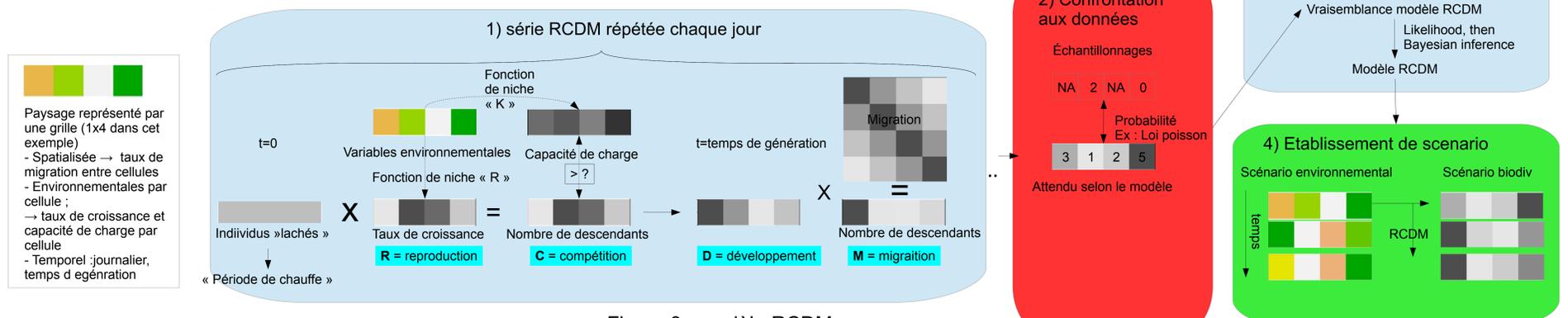


Figure 3 : modèle RCDM