

# SOMMAIRE

---

## Introduction

1. Des bananeraies et des charançons ..... 2
2. Système de lutte par un prédateur ..... 3
3. Modélisation et agroécologie ..... 3

## Objectifs ..... 4

## PARTIE I : Analyse statistique des communautés de fourmis dans les bananeraies

- ..... 4
- I.1. Lieu d'étude et abondance des fourmis..... 4
- I.2. Fouille de données. Classification hiérarchique de Ward et kmeans. .... 5
- I.3. Autocorrélation spatiale..... 6
- I.4. Modèles mixtes..... 7
- I.5. Résultats et discussion ..... 8
- I.6. Conclusion ..... 13

## PARTIE II : Base d'un modèle MultiPest ..... 14

- II. 1. Présentation du modèle ..... 14
- II. 2. La classe Environnement ..... 16
- II. 3. La classe Case..... 16
- II.4. Les bananiers ..... 18
- II.5. Les Charançons..... 20
- II.6. Résultats et discussion..... 21
- II.7. Conclusion..... 24

## Conclusion générale ..... 24

## Bibliographie..... 25

# Introduction

---

Les systèmes de culture agricoles sont devenus des systèmes productifs simplifiés mais sont également fortement dépendants des banques de graines, des pesticides chimiques et des manipulations génétiques. De nombreux scientifiques et agriculteurs s'inquiètent de ces systèmes hautement dépendants et écologiquement simplifiés, de l'utilisation de ressources non renouvelables, de la perte de biodiversité et de la perte des terres à travers l'érosion des sols (Altieri, 1999). En outre, l'utilisation non raisonnée des produits chimiques agricoles impacte sur la santé humaine et animale, la sécurité et la qualité alimentaire et environnementale.

L'agroécologie, recherche visant à tendre vers une régulation naturelle des systèmes agricoles par la réduction des intrants chimiques et l'augmentation des régulations naturelles, implique une connaissance des processus écologiques et des réseaux trophiques des cultures. Dans les agroécosystèmes, le réseau trophique est souvent simplifié et centré sur les plantes cultivées et leurs bioagresseurs. Les systèmes de culture durable pourraient reposer sur une complexification écologique du système. Plusieurs approches permettent de complexifier un système, comme par exemple la gestion des ressources primaires par l'ajout d'une plante de couverture. Les conséquences de la complexification écologique sont difficiles à prédire en raison de la nature aléatoire des interactions, trophiques ou non, qui se mettent en place et de leur dynamique (Mollot, 2012). La complexité des interactions (mutualisme, compétition, parasitisme et prédation) entre les différents organismes végétaux et animaux dans un agrosystème, rend nécessaire l'étude approfondie des différents acteurs, de leurs traits de vie, de leur comportement et de leurs interactions.

## 1. Des bananeraies et des charançons

Les bananeraies souffrent de l'action de multiples bioagresseurs tels que des champignons, nématodes et insectes. Différentes maladies ont un impact économique majeur telles que les maladies fongiques, notamment les cercosporioses (*Mycosphaella fijiensis*), les maladies bactériennes (*Ralstonia solanacearum* ou encore *Xanthomonas campestris*), et d'autres maladies virales (Cucumovirus, banana streak virus, banana bunchy top virus) (Mollot, 2012).

Les ravageurs du bananier sont représentés par les nématodes, les thrips et les charançons. Parmi ces derniers, le charançon du bananier, *Cosmopolites sordidus*, est le ravageur principal (Gold & al, 2001). Les larves de ce coléoptère creusent dans le système racinaire au niveau du collet, altèrent le système vasculaire de la plante, réduisant la capacité d'absorption des nutriments et la stabilité de la plante (Lassoudière, 2007). Les attaques augmentent ainsi la durée d'un cycle et provoquent une baisse de rendement, avec des pertes pouvant atteindre 100% dans des conditions d'attaques sévères (Abera-Kalibata & al, 2006). Jusqu'en 1993, date de son interdiction par les autorités françaises, le pesticide Chlordécone était le principal moyen de lutte contre les fortes populations de *C. sordidus*. Depuis, la rotation des cultures, l'utilisation de vitroplants sains (Lassoudière, 2007), et la culture de clones résistants (Gold & al, 2001) sont des pratiques alternatives respectueuses de l'environnement et capables de contribuer à la régulation de *C. sordidus*. Par ailleurs, la gestion des populations se fait au moyen de piégeage au champ, à l'aide de la phéromone d'agrégation de *C. sordidus*, la sordidine, qui est produit synthétiquement (Jaramayan & al, 1997).

## 2. Système de lutte par un prédateur

Aujourd'hui, la lutte contre les ravageurs vise à privilégier les prédateurs généralistes déjà présents dans le système naturel. En effet, l'utilisation de prédateurs spécifiques nécessite la plupart du temps l'introduction d'une espèce exogène, risque environnemental pouvant générer des perturbations majeures.

Différents prédateurs généralistes du charançon du bananier ont été identifiés, notamment les fourmis, carabes, araignées, scolopendres, forficules, grenouilles et lézards. Les prédateurs de *C. sordidus* et leur potentiel réel sont cependant assez mal connus (Duyck & al, 2011).

La famille la plus représentée, en termes de diversité et d'abondance, est celle des fourmis (Hymenoptera, Formicidae). Les fourmis sont des insectes sociaux capables de maintenir un niveau élevé de prédation en procédant au stockage d'excès de nourriture dans leur nid, les ouvrières continuant de prospecter même après satiété (Abera-Kalibata & al, 2007, 2008). L'espèce *Solenopsis geminata* est reconnue comme un agent de contrôle biologique efficace contre le ravageur du riz, *Nilaparvata lugens* (Way & Heong, 2009).

Certaines espèces de fourmis sont connues pour être responsables d'une régulation des populations de *C. sordidus* (Abera-Kalibata & al, 2007, 2008; Gold & al, 2001), des taux de prédation pouvant aller jusqu'à 70%, comme il a été constaté à Cuba (Perfecto et Castañeras, 1998). Les fourmis du genre *Pheidole* ainsi que l'espèce *Ondotomachus troglodytes* sont capables d'extraire naturellement des œufs de charançons dans les bananiers. Il a été également observé à plusieurs reprises des fourmis *Pheidole* s'attaquant à des charançons adultes et les ramenant au nid (Communication personnelle).

Les fourmis prédatrices sont ainsi de plus en plus reconnues comme de possibles agents de lutte biologique de par leur capacité à rechercher des proies dans les bananiers et dans le sol. La nourriture et l'espace de nidification sont les ressources les plus importantes contribuant à la structure des communautés de fourmis (Lach & al, 2010). De nombreuses espèces peuvent être présentes simultanément dans une bananeraie, interagissant ainsi à la fois dans l'espace et le temps. Ce haut niveau de diversité amène à se poser la question de cette coexistence d'espèces dont les exigences en ressources peuvent être similaires. Des mécanismes de compromis (« trade-off ») sont ainsi considérés afin d'expliquer l'assemblage de ces communautés. Le trade-off découverte/dominance, par exemple, est la relation inverse entre la capacité d'une espèce à trouver une ressource et la dominance sur cette ressource. Cette théorie, longtemps considérée comme un important mécanisme structurant les communautés de fourmis, a été récemment décrite comme exceptionnelle (Gibb & Parr ; 2012).

Afin d'étudier le rôle de ces prédateurs généralistes, il est important de déterminer quelles sont les espèces présentes dans un écosystème donné et les relations entre elles. Nous étudierons ici la communauté de fourmis des bananeraies en Martinique.

## 3. Modélisation et agroécologie

De multiples parasites peuvent envahir une bananeraie. Un modèle MultiPest permettrait de prendre en compte les différents bioagresseurs rencontrés.

Au sein de l'équipe, différents modèles ont été développés mais chacun spécialisé dans un domaine. Ainsi, le modèle SIMBA-NEM, centré sur les nematodes et le modèle SIMBA-CC sur les plantes de couvertures, ont été mis en place (Tixier & al, 2008 ; 2006). Le développement d'un modèle de simulation de l'épidémiologie de *C. sordidus*, combiné avec des modèles de croissance végétale a permis d'améliorer l'arrangement spatial des parcelles et les stratégies de piégeage, en lien avec les mouvements du ravageur et leur dépendance à la qualité de l'habitat à travers le modèle COSMOS (Vinatier & al, 2009 ; 2011). Enfin, un modèle individu centré, Fijiensim, développé au sein de l'UR26 pour simuler la cercosporiose dans les bananeraies est en cours de préparation.

Différents paramètres pris en compte dans ces modèles seront utilisés dans le modèle MultiPest mis au point durant le stage.

## Objectifs

Cette étude est centrée sur le ravageur des bananiers *C. sordidus* et les agents pouvant réguler ses populations. Parmi ces derniers, les fourmis représentent une voie de régulation biologique prometteuse.

Nous étudierons dans une première partie la compréhension de la structuration spatio-temporelle des fourmis à l'aide d'un modèle linéaire mixte généralisé. Puis, nous mettrons en place les bases d'un modèle individu centré qui sera inclus dans le projet MultiPest.

## PARTIE I : Analyse statistique des communautés de fourmis dans les bananeraies

Une base de données a été analysée dans le but d'améliorer la compréhension des relations entre les différentes espèces de fourmis des bananeraies.

Toute l'analyse statistique a été réalisée avec le logiciel R version 2.15.3. Ce choix repose sur l'accessibilité du logiciel, ses mises à jours et l'accès à de nombreux packages (utilisation notamment des packages *ade4*, *spdep* et *lme4*).

### I.1. Lieu d'étude et abondance des fourmis

#### Lieu d'étude

La parcelle expérimentale étudiée est située au Lamentin (CAEC, Petit Morne, Martinique) et sa taille est de 44 m sur 20m. Il s'agit d'une plantation en simple rang de bananiers (*Musa spp.*, AAA group cv. Cavendish Grande Naine) avec un sillon en son centre. Cette parcelle de premier cycle (4 mois au début des relevés) est basée sur un système de culture classique avec utilisation d'herbicide et d'engrais.

#### Relevé d'abondance des fourmis

La présence et l'abondance des fourmis sur la parcelle ont été déterminées à l'aide d'appâts, constitués d'un mélange thon-miel déposés sur une dalle en céramique blanche. Les 60 céramiques ont été disposées entre les bananiers. Les fourmis ont été dénombrées toutes les 30, 90 et 180 min après le dépôt des appâts. Sept répliquats ont été réalisés répartis sur 4 dates.

Espèce	Fréquence de présence sur plaque	Nombre maximal d'individus sur une plaque	Nombre moyen par plaque quand présence
<i>Brachymyrmex sp.</i>	0,77	50	11,87
<i>Monomorium ebeninum</i>	0,25	50	18,19
<i>Pheidole sp.</i>	0,7	54	12,05
<i>Solenopsis geminata</i>	0,21	50	27,45
<i>Cardiocondyla sp.</i>	0,66	30	3,42
<i>Camponotus sexguttatus</i>	0,34	20	2,58
<i>Ondotomachus bauri</i>	0,26	15	2,89
<i>Nylanderia longicornis</i>	0,11	30	1,94
<i>Paratrechina sp.</i>	0,76	50	14,28
<i>Wasmania auropunctatum</i>	0,1	40	4,58

Table 1. Présence des différentes espèces de fourmis sur les plaques.

Cette méthode permet de détecter la présence de l'ensemble des espèces de fourmis prédatrices généralistes sur la parcelle.

Au total, 10 espèces de fourmis ont été identifiées sur la parcelle (Table 1). Après une première exploration du jeu de données initial, nous avons pu constater une hétérogénéité importante entre les différentes espèces de fourmis. Le nombre moyen d'individus par site (plaque) apparaît très différent en fonction des espèces.

## I.2. Fouille de données. Classification hiérarchique de Ward et kmeans.

La classification est une méthode d'analyse de données permettant d'obtenir une représentation schématique simple d'un jeu de données complexe.

Dans le jeu de données, il apparaît sur les sites une dominance exclusive de quelques espèces. A l'aide de la classification ascendante hiérarchique, une détermination d'une collection de groupes d'observations a été réalisée. Cette classification nous a permis de mettre en évidence si les espèces et leur nombre se répartissent selon un schéma similaire sur les sites à chaque temps d'observation pour chaque réplicat.

L'indice de dissimilarité mesuré entre les individus est calculé à partir d'une matrice des distances euclidiennes. L'indice d'agrégation est déterminé ensuite par la méthode de Ward, consistant à réunir les deux clusters dont le regroupement fera le moins baisser l'inertie intra-classe à chaque agrégation. Cette méthode suit l'algorithme suivant :

1. les classes initiales sont les observations
2. calcul des distances entre classes
3. les 2 classes les plus proches sont fusionnées et remplacées par une seule
4. reprise en 2 jusqu'à n'avoir plus qu'une seule classe, qui contient toutes les observations

La difficulté des méthodes de classification non supervisée réside dans le choix du nombre de classes. Pour ce faire, une mesure de la perte d'inertie interclasse provoquée en regroupant deux classes est réalisée grâce au  $R^2$  semi-partiel (SPRSQ). On recherche un faible SPRSQ suivi d'un fort SPRSQ à l'agrégation suivante (Figure 1).

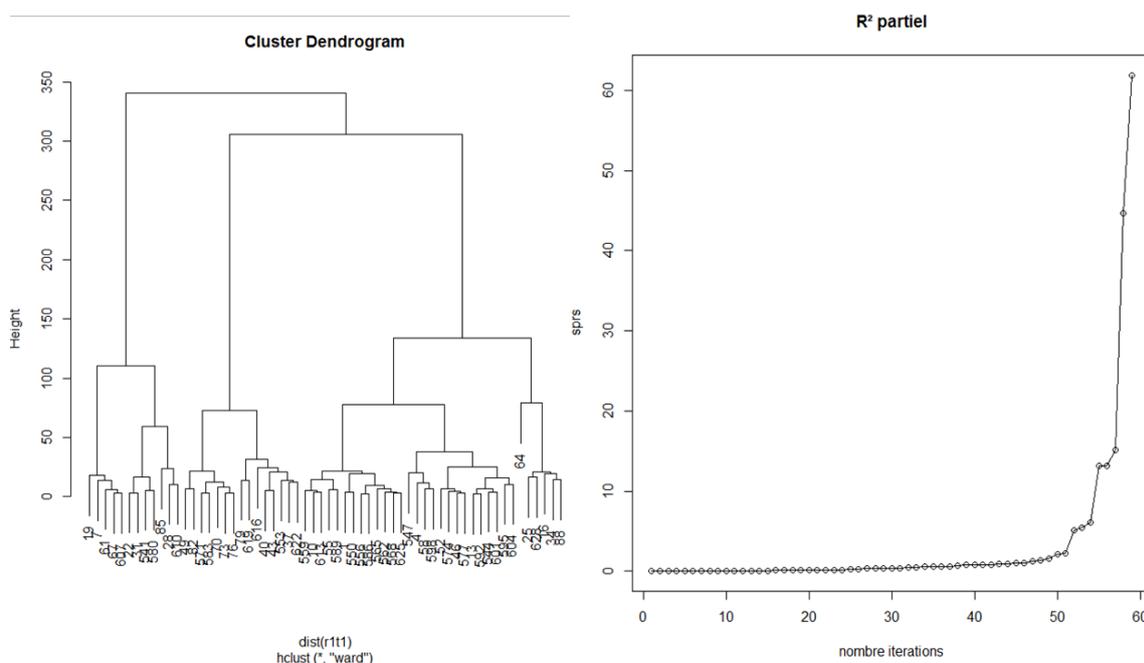


Figure 1. Exemple (réplicat 1, temps d'observation1) de dendrogramme obtenu avec la hiérarchisation de Ward et de représentation de la perte d'inertie par le SPRSQ.

En parallèle, la méthode des kmeans (Figure 2) est réalisée selon l'algorithme suivant :

1. initialisation des centres initiaux des classes
2. mise à jour des clusters
3. réévaluation des centres initiaux des classes
4. retour aux étapes 2. et 3. jusqu'au nombre d'itérations fixé.

L'algorithme ne permettant pas de trouver la partition optimale, mais convergeant plutôt vers une partition localement optimale (minima locaux), il a été choisi de faire tourner l'algorithme plusieurs fois avec différentes initialisations, et de choisir la meilleure des partitions obtenues au sens de l'inertie intra-classe. Les initialisations sont déterminées en fonction des  $n$  classes issues de la classification hiérarchique de Ward ( $n-1$ ,  $n$ ,  $n+1$ ).

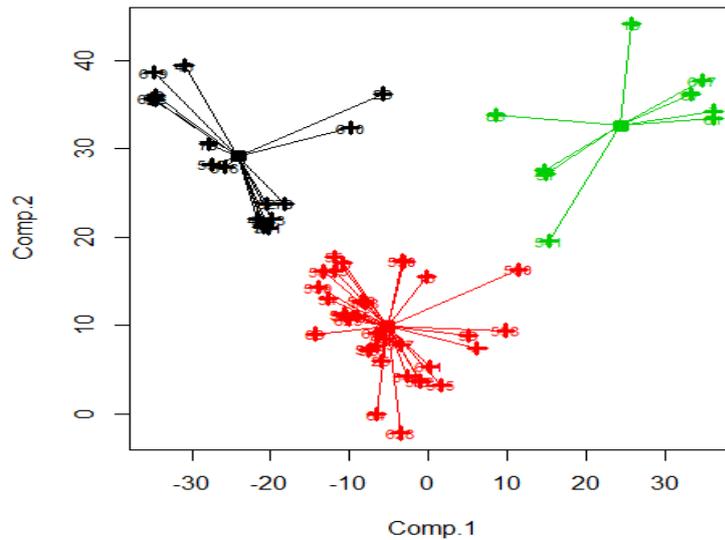


Figure 2. Exemple (réplicat 1, temps d'observation 1) de représentation graphique des classes obtenues avec la méthode des kmeans. Les composantes 1 (abscisse) et 2 (ordonnée) sont obtenues suite à une analyse en composante principale (ACP).

### I.3. Autocorrélation spatiale

L'autocorrélation spatiale se présente lorsque les valeurs des variables échantillonnées à des endroits proches ne sont pas indépendantes les unes des autres. Des processus biologiques tels que la dispersion et les interactions entre espèces peuvent être des facteurs expliquant la prise en compte de cette autocorrélation spatiale (Dormann & al, 2007). Dans cette étude, cela permettrait de mieux comprendre des processus biotiques tels que le comportement de fourragement, l'organisation sociale et/ou la compétition inter- et intra-spécifique chez les fourmis (Betts & al, 2009).

La parcelle étudiée étant de taille réduite, l'indice de Geary (ou C de Geary) est utilisé pour le calcul de l'autocorrélation spatiale. Cet indice nous renseigne sur la variabilité entre points voisins et si elle est significativement plus petite qu'attendue dans un modèle aléatoire (D. Chessel & J. Thioulouse, 2003).

$$C = \frac{(N - 1) \sum_i \sum_j w_{ij} (X_i - X_j)^2}{2W \sum_i (X_i - \bar{X})^2}$$

où  $N$  est le nombre de mesures spatiales indexées par  $i$  et  $j$ ;  $X$  est la variable des mesures du phénomène auquel on s'intéresse;  $\bar{X}$  est la moyenne des mesures de  $X$ ; ( $w_{ij}$ ) est la matrice des poids spatiaux ; et  $W$  est la somme de tous les  $w_{ij}$ .

Lorsque l'indice est proche de 1, il n'y a pas d'autocorrélation spatiale. Plus l'indice se rapproche de 0, plus l'autocorrélation est positive, des points proches sont plus semblables que des points éloignés.

L'indice de Geary a ainsi été calculé pour des distances de 2.5 à 8 m pour les espèces d'intérêt et ce pour chaque répétition (7), à chaque temps de relevé (3) (Figure 3). Nous recherchons (i) si un profil d'autocorrélation est présent ; (ii) la distance seuil de cette autocorrélation.

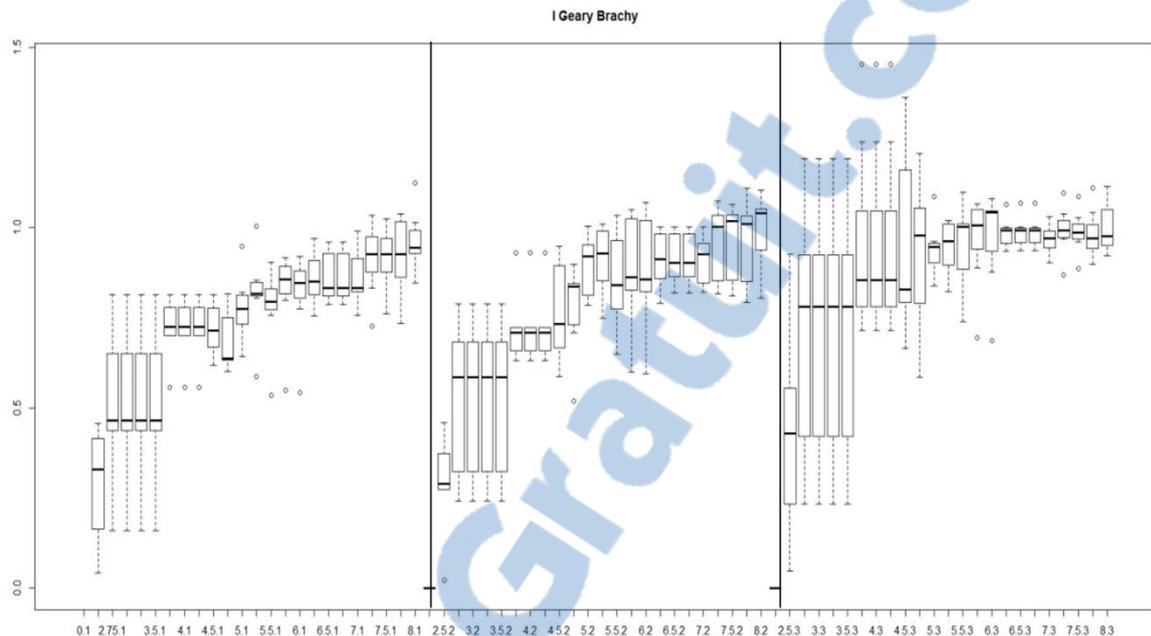


Figure 3. Exemple de valeur du C de Geary (*Brachymyrmex*) selon la distance pour chacun des 3 temps de relevés.

Ces différentes distances serviront à calculer l'autocovariance pour chacune des espèces afin de tester l'influence des sites voisins sur le site considéré.

#### I.4. Modèles mixtes

La prise en compte de l'autocorrélation spatiale suppose une violation de l'hypothèse de normalité des erreurs distribuées indépendamment et identiquement de la plupart des procédures statistiques standards (Dormann & al, 2007).

De plus, l'hypothèse d'indépendance des données n'étant pas vérifiée, le modèle choisit est donc le modèle linéaire mixte généralisé (GLMM) (Zuur & al, 2009). Ce modèle est une extension du modèle linéaire généralisé permettant la corrélation entre les observations et des données imbriquées. De surcroit, le prédicteur linéaire admet des effets aléatoires, supposés suivre une loi normale, en plus des effets fixes.

Le premier effet aléatoire pris en compte dans notre modèle est la date des relevés. Nous ne cherchons pas à comprendre l'évolution dans un temps à grande échelle de la présence et de l'abondance des fourmis mais leur évolution dans un temps à petite échelle *via* l'utilisation d'une ressource. Cependant, après étude de notre jeu de données à l'aide d'un modèle linéaire généralisé, la date apparaît comme étant une variable affectant significativement l'abondance des espèces, notamment celle de *Brachymyrmex* et de *Paratrachina* sp. La possibilité de mettre la date en effet aléatoire nous permet ainsi de prendre en compte cette variabilité dans notre modèle. En incluant  $1|date$ , le modèle supposera que les relevés réalisés à une même date seront vraisemblablement corrélés.

Le second effet aléatoire pris en compte est la composition initiale des sites. Pour ce faire, nous utiliserons les groupes déterminés à l'aide de la classification hiérarchique, ce qui nous permettra de regrouper des états initiaux similaires. On pose alors l'hypothèse que le groupe (*groupe*) relevé au premier temps (30min) révèle la communauté initiale à proximité du site (*ID*) dans le sens où la compétition pour la ressource n'a pas eu d'effet. Il est raisonnable de supposer que ce qu'il se passe au niveau d'un site aux 3 temps d'un relevé soit corrélé et soit dépendant d'un état initial. Nous avons donc créé la variable *IDgroupe* qui intègre ses considérations. Cette dernière n'influe que sur la variation de l'espèce au cours du temps (*laps*). Ainsi en incluant  $laps - 1 | IDgroupe$ , l'effet du temps sur l'arrivée ou le départ des fourmis intégrera la corrélation entre les sites qui ont la même composition initiale. Il faut noter que  $laps - 1$  n'a pas de rôle sur l'*intercept*, c'est-à-dire sur le nombre moyen d'individus initiaux. Par contre, dans le but d'avoir une meilleure estimation du temps et des autres variables, il influe sur la pente (coefficient) du laps et ce, selon le groupe initial.

L'originalité de notre modèle vient de l'utilisation des autocovariances, déterminées à l'aide des calculs de l'autocorrélation spatiale, de l'espèce étudiée (variable à expliquer) et des autres espèces (variables explicatives). Cette approche nous permet de prendre en compte l'espèce mais également d'incorporer les effets du comportement et des processus populationnels à notre modèle écologique (Betts & al, 2009).

Le modèle général initial utilisé sera le suivant pour les espèces étudiées :

$$N_{sp1} \sim \text{Poisson} (\mu_{sp1})$$

$$n_{sp1} = \alpha_{sp1} + laps + \beta_{sp2} \times n_{sp2} + \beta_{sp3} \times n_{sp3} + \beta_{sp4} \times n_{sp4} + \beta_{sp5} \times n_{sp5} + \beta_{acsp1} \times n_{acsp1} + \beta_{acsp2} \times n_{acsp2} + \beta_{acsp3} \times n_{acsp3} + \beta_{acsp4} \times n_{acsp4} + \beta_{acsp5} \times n_{acsp5} + \text{random}$$

$$\text{random} \sim N(0, \sigma_{\text{random}}^2)$$



avec  $n_{sp}$  le nombre d'individus de chaque espèce,  $\alpha_{sp}$  la valeur de l'intercept et  $\beta_{sp}$  le coefficient lié à l'abondance relative à chaque espèce.

La significativité des variables du modèle est testé en les supprimant à tour de rôle afin de comparer deux à deux le critère d'information d'Akaike (AIC) du modèle initial avec celui des sous-modèles à l'aide d'une ANOVA (Analyse de la variance). L'AIC mesure la qualité d'ajustement et la complexité du modèle (Zuur & al, 2009) et est défini par l'équation suivante :

$$AIC = -2 \ln L(\theta) + 2k$$

avec  $k$  le nombre de paramètres et  $\theta$ , la vraisemblance maximisée du modèle.

Pour chaque test réalisé, le seuil de significativité est de 0.05.

## I.5. Résultats et discussion

Afin de déterminer l'existence d'une répartition type des 10 espèces retrouvées sur la parcelle, une classification hiérarchique est réalisée pour chaque réplicat à chaque temps de relevé. Le nombre de classes obtenues dans chaque cas varie de 3 à 6. A chaque classe, le nombre moyen de chacune des espèces présentes sur ces sites « types » est déterminé. Par comparaison des classes obtenues, 7 classes d'attributs similaires sont définies sur les 21 classifications réalisées (Table 2).

Parmi les 10 espèces déterminées, seules 5 (*Brachymyrmex* sp., *M. ebeninum*, *Paratrechina* sp., *Pheidole* sp. et *S. geminata*) sont responsables de la construction des classes. Ce résultat n'est pas surprenant au regard du faible nombre d'individus des espèces non déterminantes. Chaque classe peut être ainsi caractérisée par la dominance de chacune des 5 espèces, par la quasi absence de fourmis et enfin par la codominance de 2 espèces (*Brachymyrmex* sp. et *Paratrechina* sp.).

Trois classes semblent évoluer au cours du temps. On observe en effet une transition, en terme d'occurrence, de la classe *Paratrechina* sp. vers la classe de codominance puis vers celle de *Brachymyrmex* sp. (Figure 4 et 5).

Les abondances de ces deux espèces sont significativement différentes selon les dates aussi bien pour *Brachymyrmex* (Test de Kruskal Wallis : KW = 71.2, ddl = 3, P = 2.357e-15) que pour *Paratrechina* (Test de Kruskal Wallis : KW = 227.8, ddl = 3, P = 2.2e-16).

Les 3 autres espèces ne sont significativement pas influencées par la date (Test de Kruskal Wallis,  $p > 0.05$ ). Trois hypothèses peuvent expliquer ce changement dans la répartition des espèces sur un laps de temps de 2 mois.

La disparition des *Paratrechina* sur la parcelle étudiée correspondant à l'arrivée de *Brachymyrmex* amène à l'hypothèse d'une même niche écologique (recouvrement complet des niches) pour ces 2 espèces. On pourrait également supposer que les niches sont différentes (recouvrement partiel des niches) mais que la disparition de *Paratrechina* est associée uniquement à l'utilisation de la ressource d'une manière plus compétitive de la part de *Brachymyrmex*. Dans les 2 cas, une compétition entre les espèces est ici observée : les 2 espèces n'ont pas forcément la même niche écologique (habitats, ressources, ...), mais *Brachymyrmex* serait plus apte à être en compétition avec les autres espèces dominantes de la parcelle et lui permettrait de prendre la place de *Paratrechina* sur l'acquisition de la ressource fournie.

Pour la suite de l'analyse, seules les 5 espèces d'intérêt sont gardées, le but étant de déterminer des espèces de fourmis ayant un potentiel efficace de prédation sur les charançons.

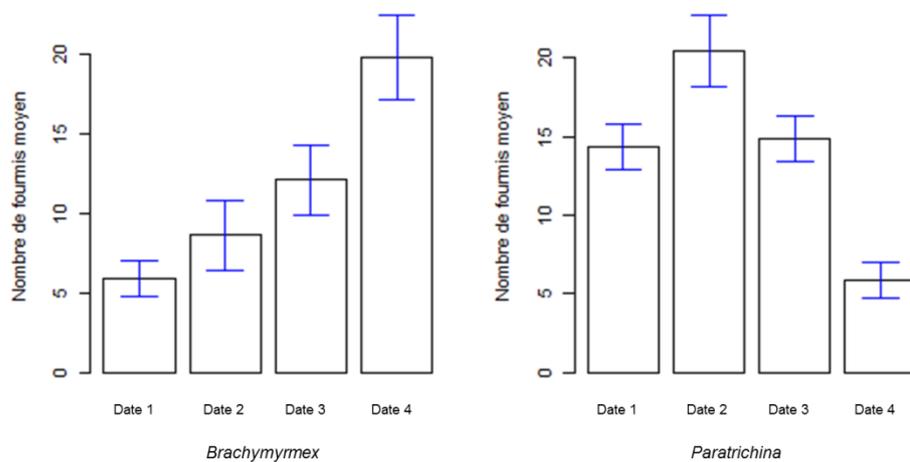


Figure 4. Evolution du nombre moyen de fourmis (ordonnée) sur l'ensemble de la parcelle en fonction de la date pour les 2 espèces *Brachymyrmex* sp et *Paratrechina* sp.

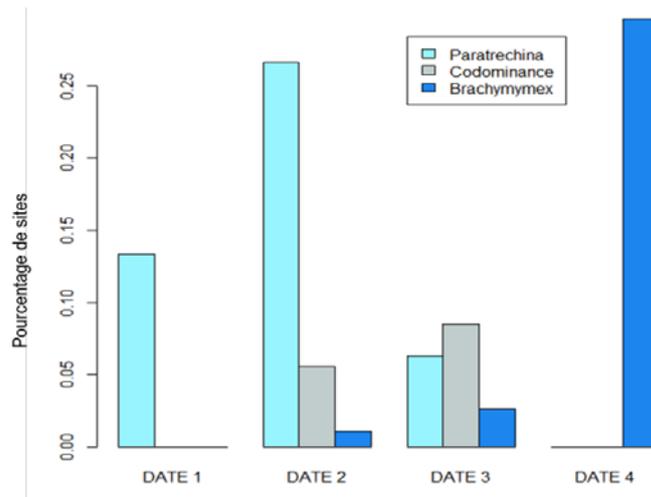


Figure 5. Pourcentage de site appartenant respectivement aux groupes *Brachymyrmex*, *Paratrechina* et codominant sur l'ensemble de la parcelle en fonction de la date.

Afin de prendre en compte dans notre modèle les processus biologiques intra- et interspécifiques, l'autocorrélation est calculée pour chacune des 5 espèces. L'indice d'autocorrélation de *Brachymyrmex* semble plafonner à 1 au-delà de 5 m. Nous prendrons 5 m comme étant la distance au-dessus de laquelle 2 plaques ne sont plus corrélées. Bien que la tendance ne soit pas nette pour *S. geminata*, l'indice semble plafonner à 1 au-delà de 4 m au 3<sup>ème</sup> temps (180m) de relevé. Il en est de même pour *Paratrechina* sp., dont la distance apparaît plus nettement. Pour *Pheidole* et *M. ebeninum*, une distance de 3m est clairement définie en dessous de laquelle une autocorrélation positive est constatée.

Dans notre modèle GLMM, nous avons supposé, à travers la variable *IDGroupe*, que ce qu'il se passe au niveau d'un site aux 3 temps d'un relevé est corrélé et dépendant d'un état initial. Pour soutenir cette hypothèse, des matrices de transition entre le temps 1 et 2, puis entre le temps 2 et 3 ont été réalisées (Figure 6). A partir de ces matrices, on peut constater que, dans la majorité des cas, une fois la classe déterminée au temps 1, soit la classe reste identique au temps 2 puis au temps 3, soit elle devient une classe non déterminée. L'intégration de la variable *laps-1|IDgroupe* en effet aléatoire semble donc particulièrement pertinente dans notre cas.

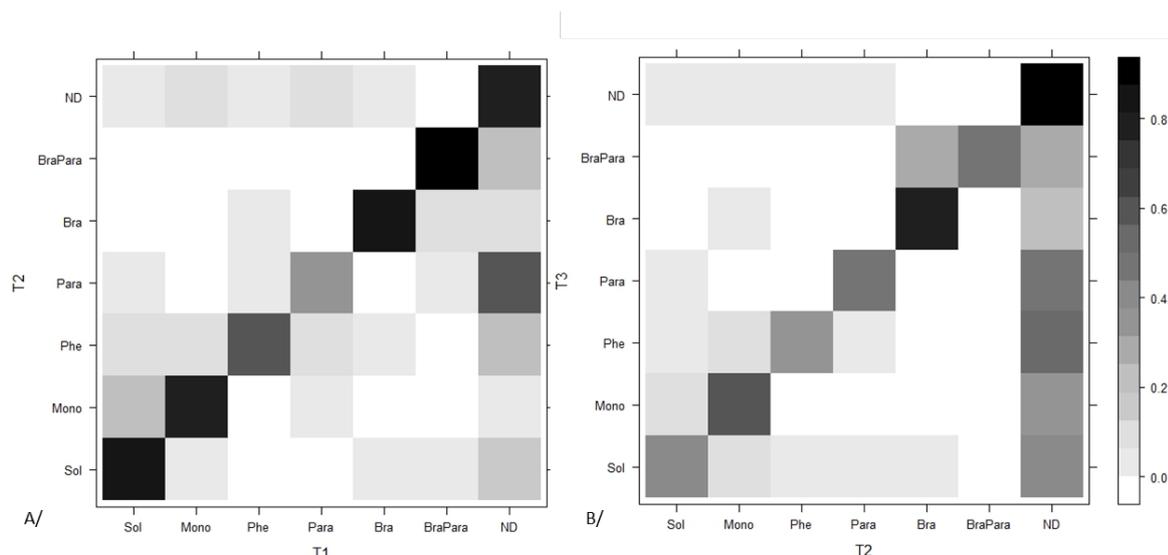


Figure 6. Matrices de transition des groupes définies par la classification hiérarchique. A/ Matrice entre les temps 1 et 2. B/ Matrice entre les temps 2 et 3.

A partir des résultats GLMM, nous observons, d'une manière générale, que chacune des espèces diminue significativement dans le temps (Table 2). Ceci s'explique par la diminution de la ressource proposée en lien avec sa consommation. Il semblerait donc qu'il n'existe pas de consommateur que l'on pourrait qualifier de secondaire sur la parcelle étudiée. Une fois la ressource découverte et dominée par une espèce, cette dernière la consomme jusqu'à épuisement.

Toutes les espèces ont un effet négatif sur la présence des autres au niveau du site considéré, exception faite de *Brachymyrmex* et *Paratrechina* qui ont un effet significativement positif l'une sur l'autre. Il semblerait donc que la présence de ces deux espèces soit corrélée supportant l'idée d'une niche écologique partagée. Ainsi, lorsqu'il y a dominance d'une espèce, il est possible d'observer l'autre sur un même site. Cette tolérance peut même aller jusqu'à la codominance comme observée lors de la classification hiérarchique. Cependant, on a pu constater au fur et à mesure des dates une disparition de la présence initialement dominante de *Paratrechina*. *Brachymyrmex* semble donc plus compétitrice que *Paratrechina* qui en vient à disparaître de la parcelle étudiée.

	Intercept	Bra	Mono	Para	Phe	Sole	acBra	acPara	acMono	acPhe	acSol	laps
<i>Brachymyrmex</i> sp.	2.253		-0.014	0.005	-0.021	-0.005	0.018	-0.006	NS	NS	0.012	-0.009
<i>M. ebeninum</i>	3.536	-0.061		-0.04	-0.05	-0.037	-0.005	NS	-0.004	-0.004	-0.003	-0.041
<i>Paratrechina</i> sp.	2.593	0.004	-0.011		-0.022	-0.013	NS	0.014	NS	0.004	NS	-0.005
<i>Pheidoles</i> sp.	3.676	-0.019	-0.026	-0.042		-0.039	0.005	0.006	NS	NS	-0.002	-0.014
<i>S. geminata</i>	3.472	-0.005	-0.029	-0.044	-0.071		0.01	0.015	0.012	0.006	0.016	-0.108

Table 2. Paramètres estimés des modèles GLMM sélectionnés pour les 5 espèces de fourmis étudiées.

On peut également noter que la présence de *Paratrechina* sur les sites environnants diminue la présence de *Brachymyrmex* au site considéré (Table 2 et Figure 7). Ceci conforte l'hypothèse d'une niche écologique identique. Les deux espèces peuvent partager ainsi pendant un temps les ressources sur un même site (interaction locale) mais se partagent spatialement les niches. L'absence d'effet du voisinage de *Brachymyrmex* sur *Paratrechina* peut s'expliquer par la forte présence au début de l'expérience de *Paratrechina* sur le site au contraire de *Brachymyrmex*. Ces résultats semblent bien démontrer un remplacement des populations de *Paratrechina* par *Brachymyrmex*.

Que ce soit localement ou dans le voisinage, excepté pour *Paratrechina* dans le voisinage dont l'effet est non significatif, toutes les espèces ont un effet négatif sur la présence de *M. ebeninum*. De plus, en présence de conspécifique dans le voisinage, la probabilité d'observer des *M. ebeninum* sur le site considéré est plus faible. Ce résultat suggère l'existence de petites colonies et/ou d'un fourragement limité dans l'espace.

On constate un effet négatif de toutes les espèces présentes localement sur la présence de *S. geminata* mais positif de toutes les espèces avoisinantes. Dans la littérature, *S. geminata* est décrite comme une espèce particulièrement compétitive (Gibb & Parr, 2012). Cependant on constate également que si elle ne domine pas rapidement en nombre, elle n'utilisera pas la ressources de ce site, il n'y a donc pas de recrutement si la dominance à une ressource est assurée par une autre espèce (Figure 8). Par contre, *S. geminata* est une espèce très compétitive si la découverte de la ressource est rapide. On peut également dire que si les autres espèces sont présentes sur un site voisin, *S. geminata* a plus de chance d'être observée sur le site considéré, suggérant une forte compétition sur les sites entre *S. geminata* et les autres espèces. La présence de conspécifique dans le voisinage augmente la probabilité d'observer *S. geminata* sur le site considéré. Ce résultat suggère l'existence de grandes colonies comme précédemment décrit dans la littérature.

Concernant *Pheidoles* sp, on constate un effet local négatif de toutes les autres espèces et un effet négatif uniquement de *S. geminata* dans le voisinage. Par contre, un effet positif du voisinage de *Brachymyrmex* et *Paratrechina* sur la présence locale de *Pheidoles* est observé. Les *Pheidoles* sont reconnues comme ayant un comportement faiblement agressif mais sont nombreuses lorsqu'elles sont présentes sur un site. Nos résultats supportent ces connaissances de l'espèce et suggèrent une forte compétition entre *Pheidole* sp. et *S. geminata*. En outre, nos résultats sont en contradiction avec l'hypothèse du trade-off découverte/dominance décrit pour *Pheidoles* et *S. geminata* selon laquelle *Pheidoles* découvre la ressource et *S. geminata*, entrant en compétition, domine par la suite. Dans notre étude, il semblerait que cette notion de trade-off n'existe pas et que lorsqu'une espèce découvre la ressource et recrute la première, elle reste dominante et consomme les ressources. Seules *Brachymyrmex* et *Paratrechina* peuvent partager un site et l'exploiter conjointement, même si ce partage ne semble pas être stable au niveau temporel (date).

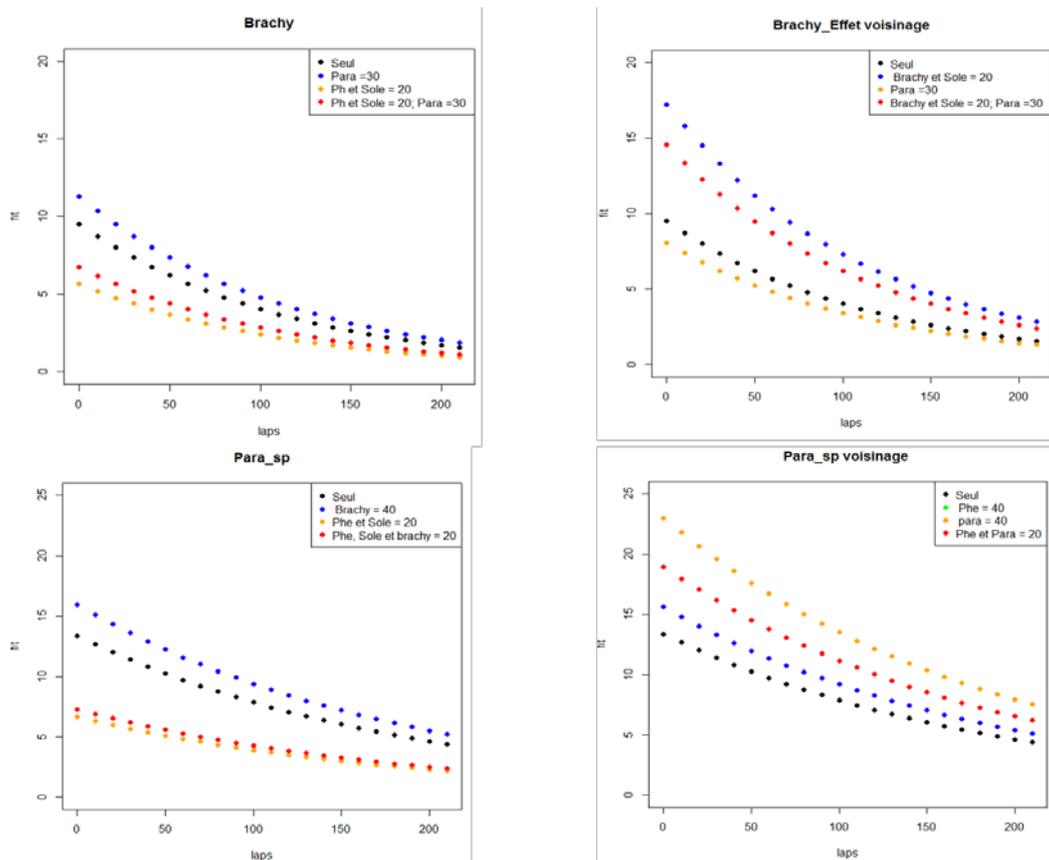


Figure 7. Prédiction de l'évolution des populations de *Brachymyrmex* sp. et *Paratrechina* sp.. On constate l'effet positif localement et négatif du voisinage de l'une sur l'autre, au contraire des autres espèces.

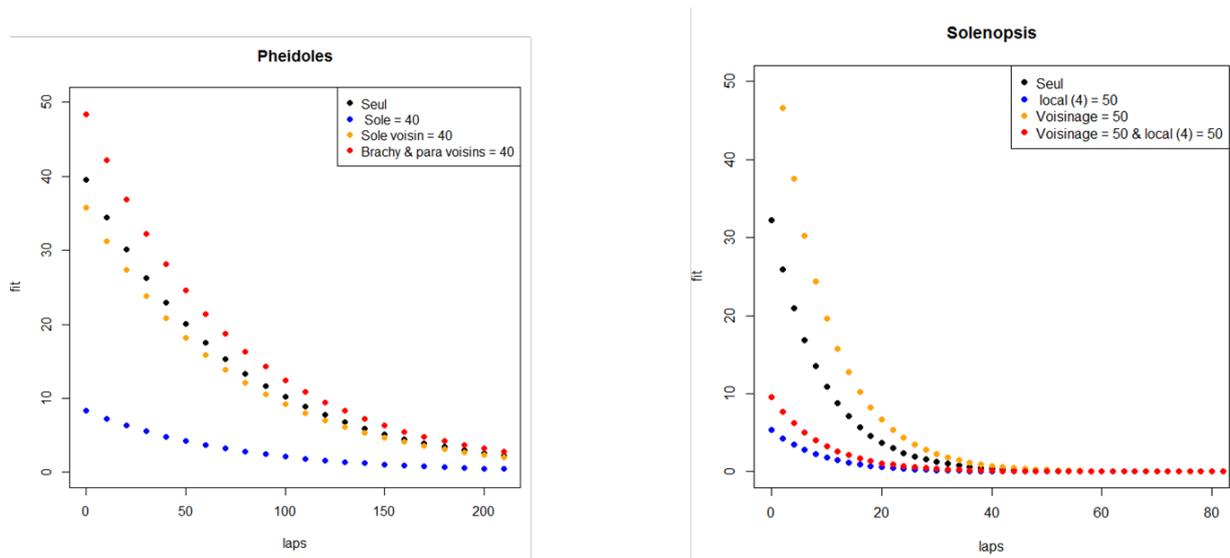


Figure 8. Prédiction de l'évolution des populations de *Pheidoles* sp. et *S. geminata*.

### I.6. Conclusion

Dans le but de lutter contre les ravageurs, deux espèces présentes sur la parcelle peuvent être des candidates potentielles en tant que prédateurs des charançons. *Brachymyrmex* est très présente sur la parcelle à la fin de l'étude. Cependant, cette espèce de petite taille semblerait plus efficace en tant que prédatrice des œufs de charançons plutôt que des adultes. *Pheidoles*, quant à elle, est présente partout sur la parcelle, en grande nombre, et pourrait donc être utilisée en tant que prédatrice des adultes, de par sa taille et les observations de prédatons. De plus, ces qualités en tant qu'espèce de lutte contre un ravageur ont déjà été appréciées dans d'autres études. Mais ces 2 espèces semblent partager les mêmes niches ce qui pourrait compromettre une utilisation conjointe. Cependant, malgré l'absence d'utilisation conjointe d'une ressource, un partage des ressources (sites) au niveau spatial est constaté dans notre étude.

## PARTIE II : Base d'un modèle MultiPest

Le modèle vise à simuler les pratiques agricoles et son environnement animal et végétal dans le but de prédire l'évolution des populations de bioagresseurs et d'éviter leur installation. Nous nous sommes intéressés ici aux bananeraies et à leur ravageur principal, les charançons des bananiers.

### II. 1. Présentation du modèle

Le modèle développé est un modèle individu centré multi-agent. L'utilisation d'un langage orienté-objet se prêtant particulièrement bien à ce type de modèle, nous avons choisi d'utiliser le langage objet C++.

L'objectif de ce travail est de poser les bases structurales d'un modèle agroécologique MultiPest. La première étape est de définir un agrosystème. Un agrosystème est composé de la culture mais également de l'environnement naturel, ces 2 compartiments pouvant contenir bioagresseurs et prédateurs.

Nous avons opté pour un modèle spatialement explicite et discret (modèle lattice ou en grille). Dans notre cas, l'environnement est un ensemble de cellules de coordonnées x et y. Ces cellules sont définies chacune par leur nature (culture de bananier, sol nu, environnement naturel, ...) et par les agents qui s'y trouvent (plante, insectes, ...). Notre méthode de modélisation permettra également de choisir l'échelle spatiale souhaitée (parcellaire ou paysagère). Par exemple, une cellule peut représenter la surface allouée à un bananier ou être une bananeraie, la cellule contiendra alors un ensemble (ou liste) de bananiers.

Notre modèle présente 2 échelles de temps (Figure 9): (i) le pas de temps 1, journalier de la croissance des bananiers et des charançons et (ii) le pas de temps 2, au cours duquel le comportement nocturne des charançons (déplacements, pontes) est simulé. Ce pas de temps peut varier de 5 minutes à 60 minutes (Carval *et al.* soumis).

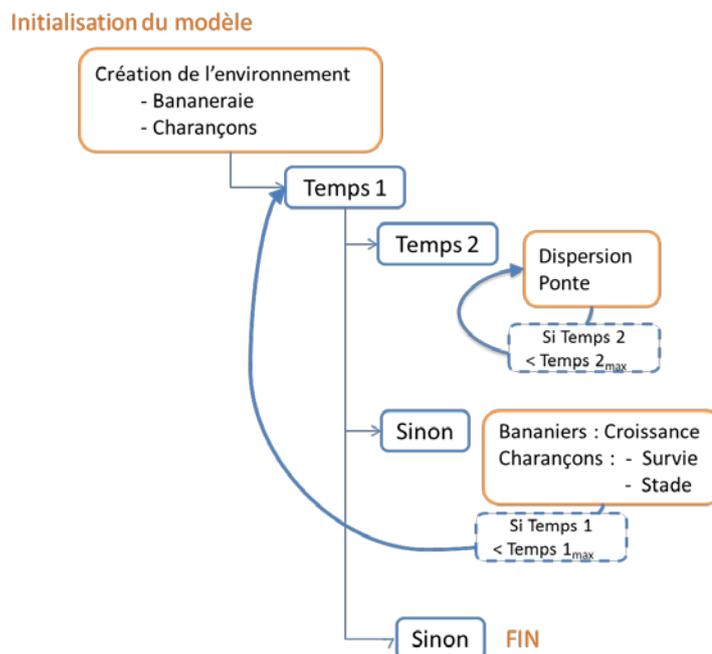


Figure 9. Représentation schématique de la modélisation à 2 échelles temporelles dans notre modèle Bananiers/Charançons

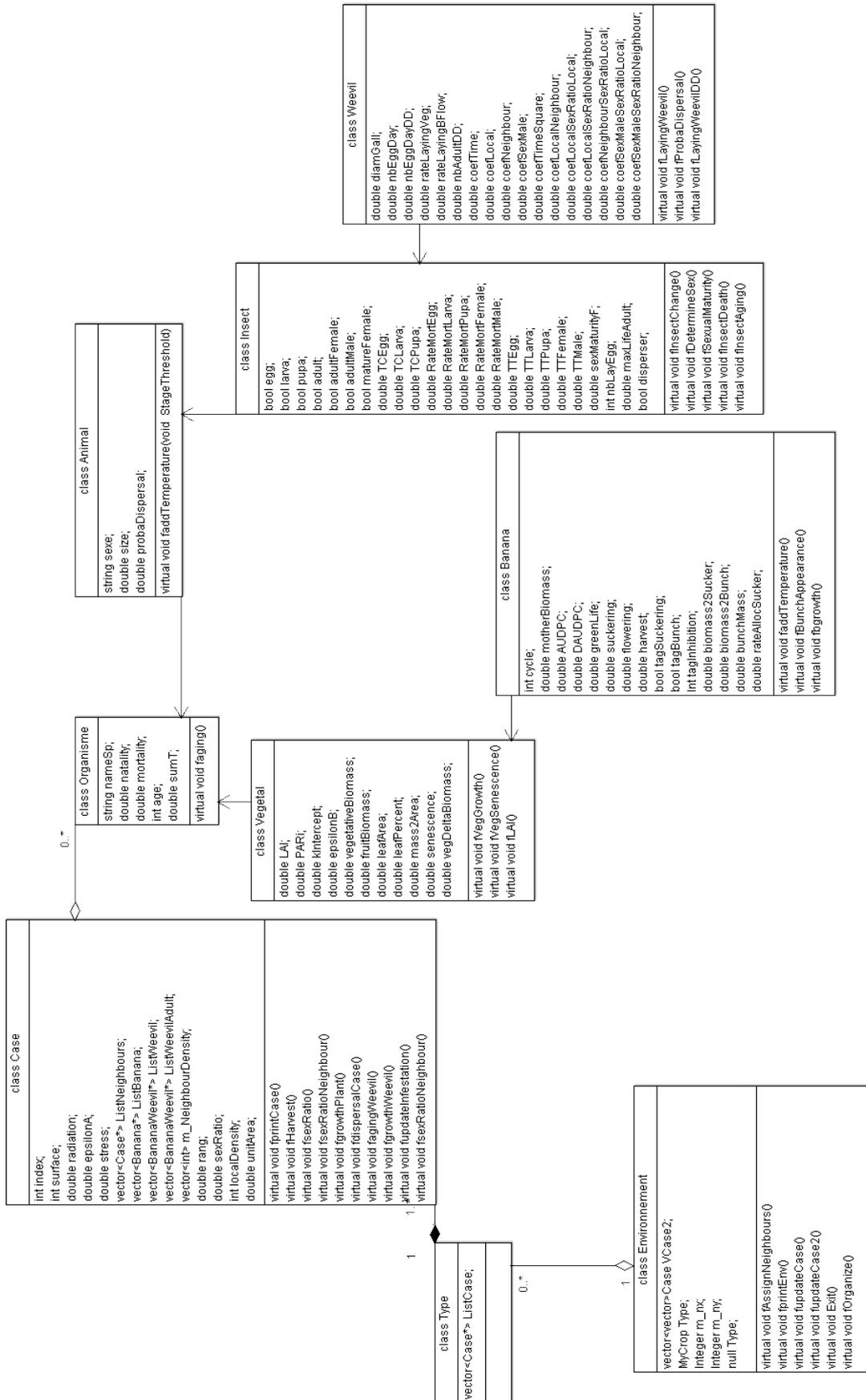


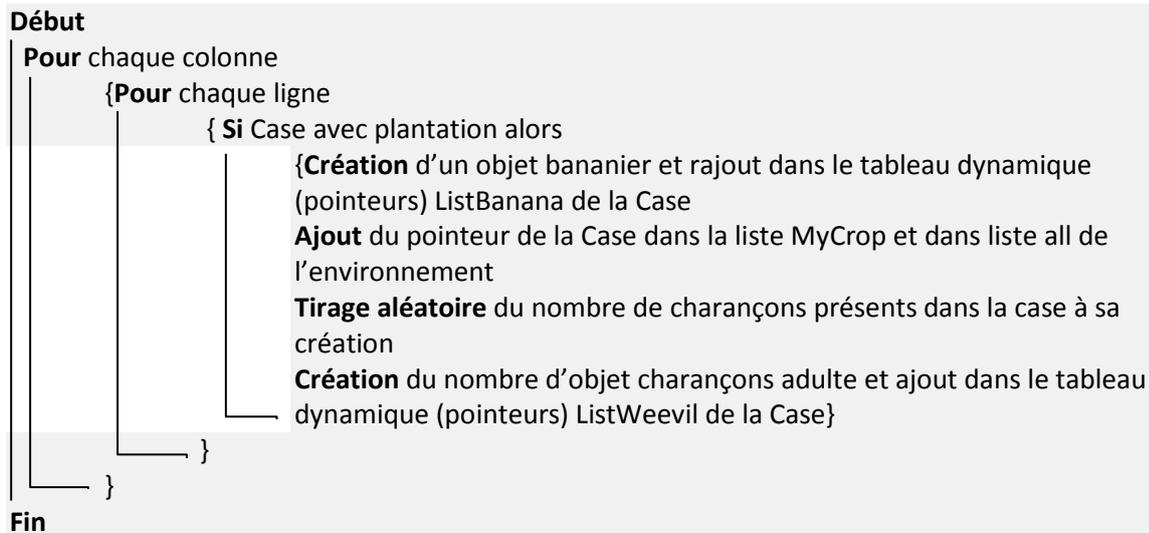
Figure 10. Diagramme de classes de la base du projet MultiPest (Modèle Charançon/Banancier). Pour la clarté la classe *Fungi* n'est pas représentée.

## II. 2. La classe Environnement

Le programme débute par la création de l'environnement avec la taille de la matrice environnement et le type d'organisation. La création de la matrice permet la création d'objet Case. Trois types d'organisation sont proposés : plantation monovariétale (également l'organisation par défaut), en échiquier (chessboard) et un rang sur 2 (in row).

L'initialisation du programme doit permettre de créer une culture infestée donc elle permet la création de bananiers et de charançons. Les bananiers et les charançons sont ainsi créés dans des cases et appartiennent à une liste de la Case. Ils font également parti de la culture et sont donc également listés dans le type de culture et ainsi dans l'environnement.

La création de la matrice suit l'algorithme suivant :



La classe environnement permet également d'assigner une liste de voisinage à chaque case (4 voisins adjacents). Cette liste de voisinage sera utilisée pour les déplacements du charançon qui sont dépendants à la fois de la densité et du sex-ratio local et de ceux du voisinage.

## II. 3. La classe Case

L'unité de modélisation est la case. Ainsi dans une case peuvent évoluer nos différents agents. Les agents sont répertoriés dans des tableaux dynamiques contenant des pointeurs vers ces agents.

Dans chaque case à chaque pas de temps 1, une fonction de croissance est appelée aussi bien pour la plante que pour les insectes.

La fonction de la croissance de la plante (fgrowthPlant()) est donc associée à une initialisation de la liste de plante de la Case à chaque pas de temps 1. Dans le cas où la plante est morte ou récoltée, cette dernière est enlevée de la liste.

Les charançons possèdent plusieurs stades et chaque stade est répertorié dans une liste de la Case. La fonction fupdateListWeevil() permet ainsi une mise à jour des listes charançons par stade (œufs, larve, pupa, adulte, adulte femelle, adulte male et total) à la création et à chaque pas de temps 1 (journalier).

Les charançons sont des insectes disperseurs. Ils ont donc la capacité de se déplacer dans l'environnement et ce, en fonction de différents paramètres propres au charançon. La fonction de dispersion du charançon étant dépendante du voisinage, on prend en compte la liste de voisin défini dans la classe environnement.

La fonction de dispersion `fdispersalCase()` est définie selon l'algorithme suivant à l'échelle de temps 2 du modèle :

**Début**

**Calcul** préalable de la densité et du `sexratio` local, ainsi que la densité et le `sexratio` du voisinage.

**Pour** chaque charançon

{**Si** ce charançon est adulte et disperseur

{**Pour** chaque Case voisine

{**Calcul** de la probabilité de bouger vers cette Case (`fprobaDispersal()`)

**Puis tirage aléatoire** en fonction de la probabilité de cette Case vers laquelle le déplacement est possible

**Si** tirage = 1 **alors**

{**Ajouter** la case voisine à une liste de destination possible}

**Sinon** la case voisine n'est pas ajoutée

}

**Si** la liste de destination n'est pas vide

{**Tirage aléatoire** de la destination

**Ajout** du charançon à la liste de charançons de la case de destination

**Retrait** du charançon de la liste de charançons de la case d'origine

}

}

**Fin**

De la même manière que pour le déplacement, la probabilité de ponte est dépendante de la densité des charançons présent dans la case et est possible à chaque temps 2. La fonction de ponte `fgrowthWeevil()` est définie par l'algorithme suivant :

**Début**

**Pour** chaque charançon de la case

{**Si** la case contient un bananier

{**Selon** la densité locale

{**Tirage aléatoire** d'un évènement de ponte

**Si** ponte

{**Création** d'un objet charançons de stade œuf

**Ajout** l'objet à la liste de pointeur}

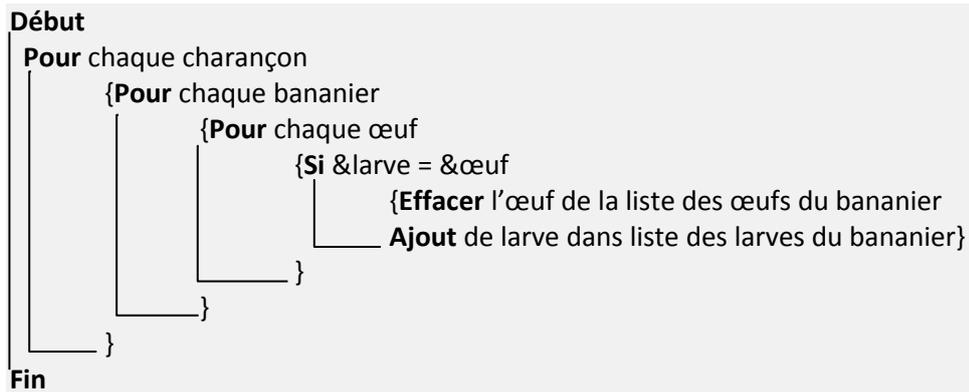
}

}

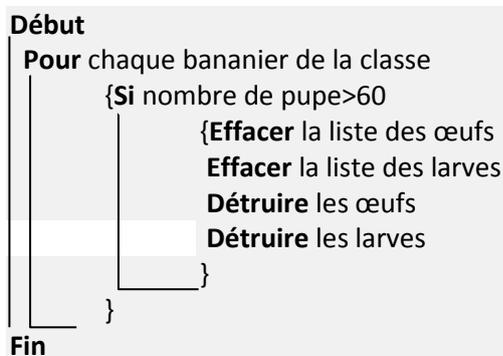
**Fin**

A  $T_{2max}$  (temps pour lequel on considère que les fonctions nocturnes du charançon sont terminées), on appelle les fonctions de croissance et la fonction `fagingInsect()`. De la même manière que pour les plantes, si le charançon est mort, on l'enlève de la liste des charançons de la case.

Après la croissance de chaque stade des charançons, il est nécessaire de mettre à jour les listes correspondant aux différents stades. La fonction de mise à jour `fupdateInfestation()` est défini selon l'algorithme suivant pour chaque passage d'un stade à l'autre (ici le passage de l'œuf à la larve):



Les œufs et les larves de charançons se nourrissent de la plante. On considère alors qu'à partir d'une circonférence d'attaque seuil (correspondant au nombre d'émergent car la taille de la galerie est de 1, ici de 60 pour les bananiers), la nourriture n'est plus suffisante pour le développement des juvéniles (Vinatier et al 2009). Cette fonction fdeathAC() suit l'algorithme suivant :



## II.4. Les bananiers

Les bananiers sont des végétaux. Ils héritent donc de la classe Vegetal qui regroupe tous les attributs et fonctions communs aux végétaux. Ces attributs sont répertoriés dans les Tables 3 et 4. La difficulté de la croissance des bananiers est associée au lien du pied mère avec le rejet qui ne se termine qu'à la mort ou la récolte du pied mère. L'énergie fournie par le pied mère est quant à elle dépendante de son état phénologique. Dès la formation du rejet, on le considère comme un objet Banana.

Une donnée importante dans la croissance des bananiers est la somme des degrés jours. Si cette somme est supérieure à un seuil, variable entre les végétaux, le passage à un stade phénologique particulier est permis, par exemple la floraison et la récolte des bananes.

Paramètre	Definition	Valeur par défaut /Formule
LAI	Energie lumineuse interceptée par la plante	$LAI(t) = S_{saine}/S_{case}$
PARI		$PARI(t) = \epsilon_a \cdot radiation \cdot [1 - \exp(-k_{intercept} \cdot LAI(t))]$
epsilonB	Efficacité de conversion lumineuse de la plante	0.018
vegetativeBiomass	Biomasse végétative	0.0
leafArea	Surface foliaire	2000
k_intercept	Coefficient d'interception de la lumière	0.7
leafPercent	Taux transformant la biomasse allouée en biomasse de feuille	0.34
mass2Area	Coefficient de transformation de la biomasse en surface	74000
senescence	Mortalité naturelle de la feuille	0.007
VegDeltaBiomass	Variation de biomasse végétative	$VegDeltaBiomass = \epsilon_{B} * PARI(t) * stress$
nbFruits	Nombre de fruits	$nbFruits = \text{int}(\text{round}(9 * vegetativeBiomass + 40))$

Table 3. Définitions des paramètres de la classe Vegetal

Paramètre	Definition	Valeur par défaut /Formule
cycle	Nombre de cycle	1
motherBiomass	Biomasse du pied mère	$biomassArea(t) = (1 - rateInhibition(t)) * tagInhibition(t) * VegDeltaBiomass(t) + motherBiomass(t)$
suckering	Rejetonnage, pied mère fournit de la biomasse à son rejet	$suckering = NormalDistribution(2000, 300.0)$
flowering	Nombre de jours à la floraison	$flowering = suckering + 300$
harvest	Nombre de jours à la récolte	$harvest = flowering + 900$
rateAllocSucker	Taux d'allocation au rejeton	0.3
rateInhibition	Taux d'inhibition de la croissance du rejet	0.5
biomass2Sucker	Biomasse de la mère allouée au rejet	$biomass2Sucker(t) = (VegDeltaBiomass(t) * rateAllocSucker * stress)$
biomass2Bunch	Allocation de la biomasse au régime	$biomass2Bunch(t) = VegDeltaBiomass(t) - biomass2Sucker(t)$
bunchMass	Masse du régime	$bunchMass(t) = bunchMass(t) + biomass2Bunch(t)$
biomassArea	Surface	$biomassArea(t) = (1 - rateInhibition * tagInhibition(t)) * VegDeltaBiomass(t) + motherBiomass(t)$

Table 4. Définitions des paramètres de la classe Banana

La fonction de croissance des bananiers est définie par l'algorithme suivant :

```

Début
  A chaque pas de temps 1
    {Calcul de - la somme de la somme des degrés jours
      - de l'initiation florale et détermination du nombre de fruits
      - de la surface de la biomasse
    Si présence de rejeton et variation de la biomasse végétative>0
      {Calcul de la biomasse allouée au rejet
      Transmission de cette biomasse au bananier rejet}
    Si présence d'un régime et variation de la biomasse végétative>0
      {Calcul de la biomasse allouée au régime en fonction de la somme des degrés jours et
      du nombre de fruits}
    Calcul de - la nouvelle surface foliaire
      - la nouvelle biomasse végétative
      - la sénescence
  }
Fin
  
```

## II.5. Les Charançons

De nombreuses fonctions associées à la croissance du charançon sont définies dans la classe mère *Insect* telles que la détermination du sexe (*fDetermineSex()*), le changement de stade (*fInsectChange()*), la maturité sexuelle (*fSexualMaturity()*) et la mort (*fInsectDeath()*).

La fonction de probabilité de dispersion est définie selon des coefficients obtenus après une analyse GLMM (Carval & al, soumis). L'équation utilisée est la suivante :

$$\begin{aligned}
 \text{logit}(P_D) = & \text{intercept} + \text{Coef}_{Time} * \text{Minutes} + \text{Coef}_{Local} * \text{LocalWeevils} + \text{Coef}_{Neighbour} \\
 & * \text{NeighboursWeevils} + \text{Coef}_{SexMale} * \text{Sex} + \text{Coef}_{Time^2} * \text{Minutes}^2 \\
 & + \text{Coef}_{LocalNeighbour} * \text{LocalWeevils} * \text{NeighbourWeevils} \\
 & + \text{Coef}_{LocalSexRatioLocal} * \text{LocalWeevils} * \text{LocalSexRatio} \\
 & + \text{Coef}_{LocalSexRatioNeighbour} * \text{LocalWeevils} * \text{NeighbourSexRatio} \\
 & + \text{Coef}_{CoefNeighbourSexRatioLocal} * \text{NeighbourWeevils} * \text{LocalSexRatio} \\
 & + \text{Coef}_{SexMaleSexRatioLocal} * \text{Sex} * \text{LocalSexRatio} + \text{Coef}_{SexMaleSexRatioNeighbour} \\
 & * \text{Sex} * \text{NeighbourSexRatio}
 \end{aligned}$$

Suivie de la transformation suivante, avec  $N$  le nombre de variables :

$$P_D = \frac{\exp(\text{intercept} + \sum_{i=1}^N \text{Coef}_i * V_i)}{1 - \exp(\text{intercept} + \sum_{i=1}^N \text{Coef}_i * V_i)}$$

Paramètre	Definition	Valeur par défaut /Formule
TCEgg; TCLarva; TCPupa;	Température en degrés jours pour atteindre le stade suivant	89 ; 626,0 ; 747,6
RateMortEgg; RateMortLarva; RateMortPupa; RateMortFemale; RateMortMale	Taux de mortalité des stades et des sexes des adultes	0.0157; 0.0686; 0.0257; 0.02; 0.02
TTEgg; TTLarva; TTPupa	Seuil de température de croissance de chaque stade	12; 8.8; 10.1
sexMaturityF	Nombre de jours pour arriver à maturité sexuelle	34.5
maxLifeAdult	Nombre de jours maximal de vie des adultes	748

Table 5. Définitions des paramètres de la classe Insect.

Paramètre	Definition	Valeur par défaut
diamGall	Diamètre des galeries par les larves	1
nbEggDay	Nombre d'oeufs pondus par jour	0.39
nbEggDayDD	Nombre d'oeufs pondus par jour avec effet densité dépendance	0.11
rateLayingVeg	Taux de ponte lorsque le bananier est à l'état végétatif	0.11
rateLayingBFlow	Taux de ponte lorsque le bananier est juste avant la foraison	0.41
nbAdultDD	Nombre d'adultes pour effet densité dépendance sur la fécondité	20

Table 6. Définitions des paramètres de la classe BananaWeevi

## II.6. Résultats et discussion

Les résultats présentés par la suite sont les résultats d'une bananeraie (20\*20) en plantation monovariétale. L'infestation par les charançons se fait par la gauche de la parcelle avec des valeurs comprises entre 0 et 50 pour chaque bananier. Le modèle est exécuté pendant 1000 jours.

Le temps de simulation pour 1000 pas de temps journaliers, soit 36 000 pas de temps pour la modélisation du comportement nocturne du charançon, est 499 secondes avec un ordinateur portable Dell® (Ubuntu Linux Version 3.2.0, processeur Intel® Core™ i5 CPU 2.39GHz)

Le modèle reproduit correctement la croissance des bananiers. La surface foliaire des bananiers de cycle 1 est inférieure à celle des autres cycles, ce qui est conforme à la réalité (Figure 11). Nous voyons également que la culture se désynchronise en raison de la variabilité de l'émission du rejet. On a donc plusieurs cohortes de bananiers au sein de la parcelle. Le modèle bananier centré reproduit bien le modèle SIMBA (Tixier & al, 2004).

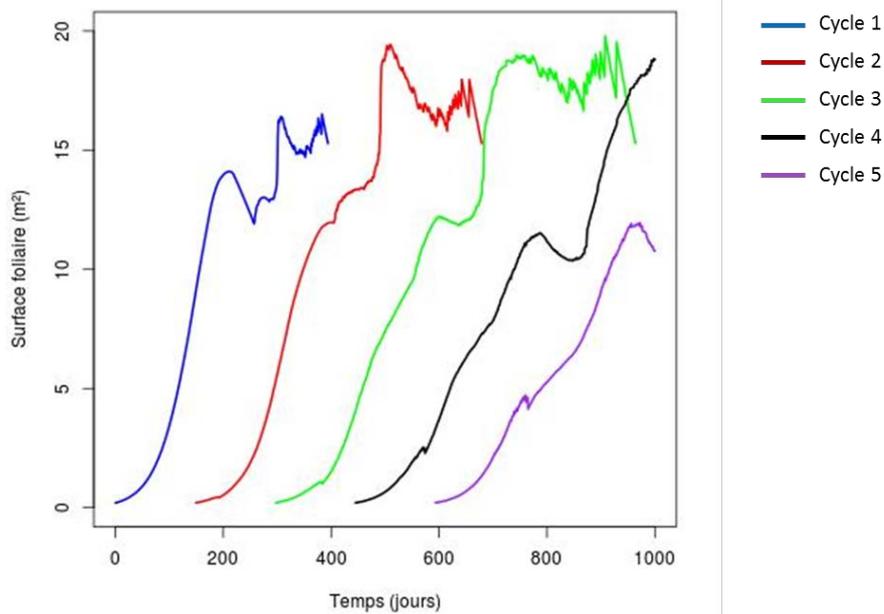


Figure 11. Représentation graphique de la surface foliaire des différents cycles de bananiers en fonction du temps obtenus par simulation.

L'infestation dans le temps des charançons est également reproduite avec des résultats en cohérence avec la réalité (Figure 12). Le nombre de charançons augmente progressivement avec le temps pour envahir totalement la parcelle.

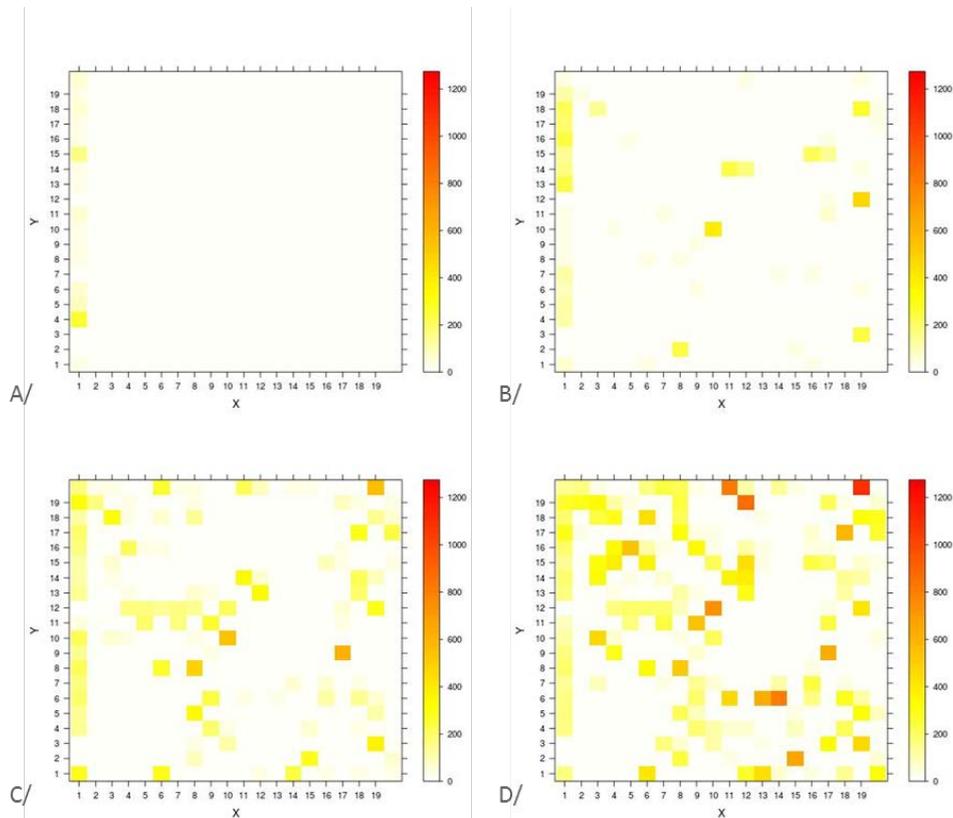


Figure 12. Représentation graphique de la densité de charançons adultes par bananier sur la parcelle de coordonnées (x,y) à 4 temps de simulation. A/ 230 jours, B/ 500 jours, C/ 750 jours et D/1000 jours.

L'infestation par les différents stades du charançon montre que les abondances sont corrélées (Figure 13). Le nombre d'adultes plus important s'explique par leur durée de vie. Le sexe ratio, équilibré à la naissance des charançons, semble rester équilibré dans le temps. Le déplacement des femelles est, en général, plus important que celui des mâles, mais diminue avec le nombre local de mâles. A l'inverse, plus les femelles sont nombreuses localement, plus les mâles se déplacent vers des patches voisins (Carval & al, article soumis), ce qui explique la stabilité du sexe ratio observée dans notre modèle sur les sites.

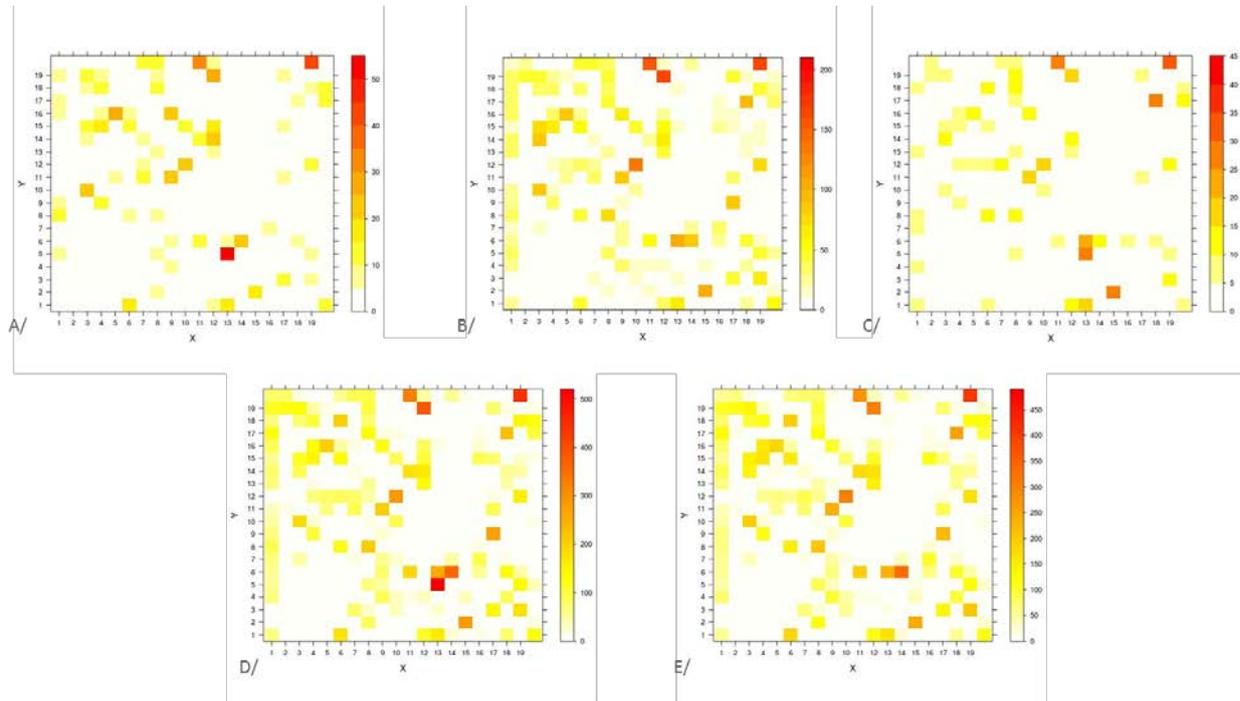


Figure 13. Représentation graphique de la densité de charançons par bananier sur la parcelle de coordonnées (x,y) à pour les différents stades. A/ Œufs, B/ larves, C/ Pupés, D/adultes femelles et E/ adultes males.

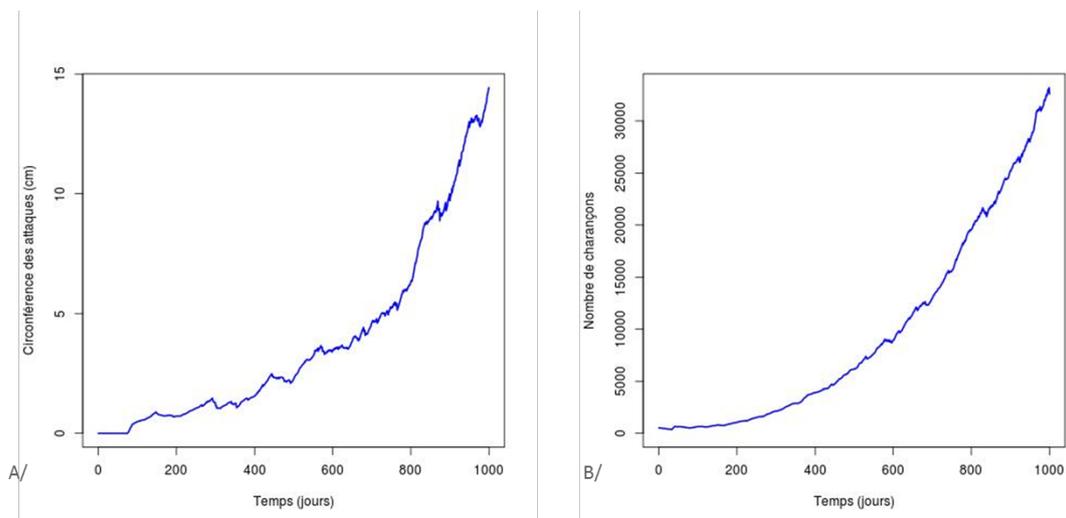


Figure 14. Représentation graphique A/ de la circonférence d'attaque du charançon et B/ du nombre de charançons au cours du temps.

La circonférence d'attaque des charançons corrélée au nombre de galeries dans les bananiers est également bien représentative du nombre de larves qui augmente avec le temps (Figure 14). De

plus, on constate que la dynamique de la population au cours du temps reflète bien ce qui a été décrit dans la littérature avec une perte de populations au départ de l'infestation, observation constatée dans les populations naturelles (Gold & al, 2001).

## II.7. Conclusion

Notre modèle, basé sur des observations naturelles décrites et sur des paramètres estimés (Tixier & al, 2006, 2007 ; Vinatier & al, 2009, 2011, Carval & al, article soumis) semble cohérent. Il reproduit des patrons observés dans les milieux naturels.

Par ailleurs, nous avons utilisé le détecteur d'erreur mémoire Valgrind -3.7.0 (Seward & al, 2011) qui a conclu sur l'absence de fuite de mémoire du modèle.

La structure mise en place permettra facilement l'incorporation d'autres agents végétaux, animaux et fongiques. Les différents algorithmes et les propriétés du C++ (héritage, association entre classes) seront utilisés pour incorporer les autres espèces de l'agrosystème en fonction des connaissances existantes et des questions posées. A moyen terme, ce modèle sera complété avec les paramètres du modèle Fijiensim précédemment développé, l'incorporation des communautés de fourmis et du thrips de la rouille argentée. Les différentes versions du modèle MultiPest seront validées à l'aide de base de données acquises ou en cours d'acquisition.

A plus long terme, un interface utilisateur sera développé avec Qt afin de diffuser le modèle à un plus large public.

## Conclusion générale

La première partie de stage a permis de prendre en compte les interactions des comportements de fourmis à travers une analyse statistique. Dans la seconde partie, des résultats obtenus à partir d'une analyse similaire (GLMM) ont pu être intégrés dans un modèle simulateur.

Les analyses statistiques permettent ainsi d'estimer des paramètres d'un modèle biologique et qui seront par la suite intégré dans les règles de décisions comportementales de l'agent biologique. Une fois le modèle validé à partir de données expérimentales (ex : suivi spatio-temporel de la colonisation d'une parcelle de bananeraie par les charançons), il pourra être utilisé de manière prédictive.

# Bibliographie

---

**Abera-Kalibata A.M., Gold C.S. and Van Driesche R.**, 2007. Composition, distribution, and relative abundance of ants in banana farming systems in Uganda. *Biological Control* 40 (2007) 168–178.

**Abera-Kalibata A. M., C. S. Gold C. S., Van Driesche R., Ragama P.E.**, 2008. Experimental evaluation of the impacts of two ant species on banana weevil in Uganda. *Biological Control* 46 (2008) 147–157.

**Altieri M.A.**, 1999. The ecological role of biodiversity in agroecosystems. *Agriculture, Ecosystems and Environment* 74 (1999) 19–31.

**Betts M.G., Ganio L.M., Huso, M.M.P, Som N.A., Huettmann F., Jeff Bowman J. and Brendan A. Wintle B.A.**, 2009. Comment on “Methods to account for spatial autocorrelation in the analysis of species distributional data: a review”. *Ecography* 32: 374-378.

**Chessel D., Thioulouse J. & Dufour A.B.**, 2003. Introduction à la classification hiérarchique. Fiche de Biostatistique.

**Dormann, C. F., McPherson J.M., Araujo M.B., Bivand R., Bolliger J., Carl G., Davies R.G., Hirzel A., Jetz W.**, 2007. Methods to account for spatial autocorrelation in the analysis of species distributional data: a review. *Ecography* 30: 609-628

**Duyck, P.-F., A. Lavigne, F. Vinatier, R. Achard, J. N. Okolle, and P. Tixier.** 2011. Addition of a new resource in agroecosystems: Do cover crops alter the trophic positions of generalist predators? *Basic and Applied Ecology* 12:47-55

**Gold, C. S., Pena, E. J. & Ekaramura, E. B.** 2001. Biology and integrated pest management for the banana weevil *Cosmopolites sordidus* (Germar) (Coleoptera: Curculionidae). *Integrated Pest Management Reviews*, 6, 79-155.

**Jayaraman, S., Ndiege, I. O., Oehlschlager, A. C., Gonzalez, L. M., Alpizar, D., Falles, M., Budenberg, W. J. & Ahuya, P.** 1997. Synthesis, analysis, and field activity of sordidin, a male produced aggregation pheromone of the banana weevil, *Cosmopolites sordidus*. *Journal of Chemical Ecology*, 23, 1145-1161.

**Lassoudière, A.** (2007) Le bananier et sa culture.

**Mollot G.**, 2012, Régulations biologiques de *Cosmopolites sordidus* dans le réseau trophique des bananeraies. Thèse, 126p.

**Parr C.L. & Gibb H.**, 2012. The discovery-dominance trade-off is the exception rather than a rule. *Journal of Animal ecology*, 81, 233-241.

R Core Team (2013). 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/>

**Tixier, P., Malezieux, E., Dorel, M. 2008 & Wery J.**, 2008. SIMBA, a model for designing sustainable banana-based cropping systems. *Agricultural Systems* 97 139–150

**Tixier, P., Malezieux, E. & Dorel, M.** 2004. SIMBA-POP: A cohort population model for long-term simulation of banana crop harvest. *Ecological Modelling*, 180, 407-417.

**Vinatier, F., Chailleux, A., Duyck, P.-F., Salmon, F., Lescourret, F. & Tixier, P.** 2010. Radiotelemetry unravels movements of a walking insect species in heterogeneous environments. *Animal Behaviour*, 80, 221-229.; 2011

**M.J. Way & K.L. Heong**, 2009. Significance of the tropical fire ant *Solenopsis geminata* (hymenoptera: formicidae) as part of the natural enemy complex responsible for successful biological control of many tropical irrigated rice pests. *Bulletin of Entomological Research*, 99, 503–512

**Zuur, A., Ieno, E.N., Walker, N., Saveliev, A.A., Smith, G.M., 2009** Mixed Effects Models and Extensions in Ecology with R.XXII, 574p.

## RESUME

L'amélioration de méthodes de lutte biologique des systèmes agricoles contre les différents agents de maladies implique une connaissance des réseaux trophiques du milieu. Les bananeraies sont des systèmes agricoles touchés par de nombreux bioagresseurs. Dans notre étude, nous nous concentrons sur l'étude des ravageurs des bananiers *C. sordidus* et les différents agents pouvant réguler ses populations.

Dans une première partie, nous nous intéressons à la compréhension de la structuration spatio-temporelle des fourmis, prédateurs généralistes. Pour ce faire, une analyse statistique des données récoltées sur une parcelle de bananiers classique est réalisée afin de sélectionner parmi les espèces déterminées les candidates potentielles de gestion contre *C. sordidus*.

Par la suite, les bases d'un modèle individu centré visant à être inclus dans un modèle MultiPest est développé. Ce modèle permet ainsi de simuler les différents cycles d'une bananeraie infestée par les charançons *C. sordidus*.

---

## ABSTRACT

Improvement of biocontrol methods against diseases in cropping systems involves trophic network knowledge. Banana crops are biological systems affected by numerous bioaggressors. In our study, we investigate about *C. sordidus*, a major pest of banana fields, and natural agents for pest management.

First part of this work leads to understand spatio-temporal structuration of ants, generalist predator on banana crops. A statistical analysis is realized on data collected in banana field in order to characterize potential candidates of *C. sordidus* pest management.

In a second part, basis of individual-based model to be include in a MultiPest model is developed. This model allow to simulate the different cycles of a banana crop infested by the banana weevil *C. sordidus*.