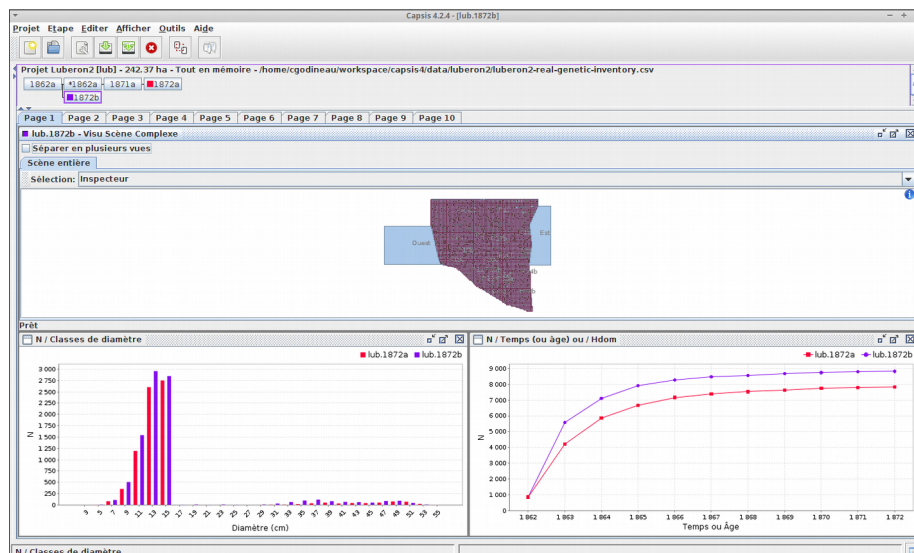
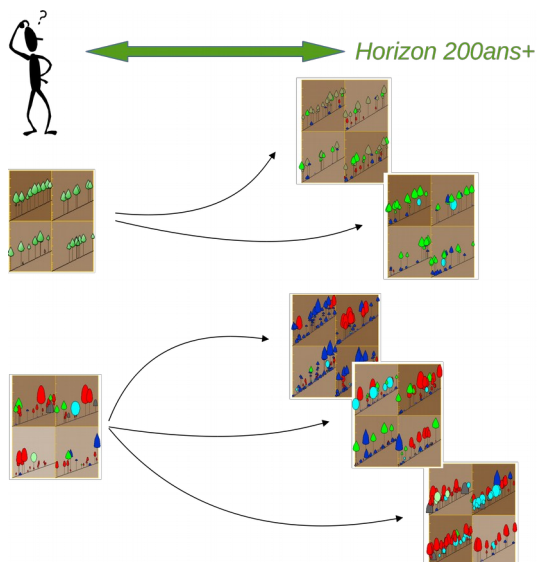


# Un nouveau simulateur d'interventions sylvicoles avec prise en compte de la diversité génétique : LUBERON2



## Qu'est-ce que c'est ?

- C'est un modèle de croissance et de dynamique de peuplement en régénération naturelle sur lequel on peut simuler différentes compositions génétiques initiales, différents traitements sylvicoles et différents régimes de perturbations.
- C'est un outil de représentation schématique du peuplement et de visualisation graphique de ses caractéristiques permettant de suivre les réponses au traitement sylvicole ou de comparer les effets de différentes sylvicultures dans différents contextes.
- Par rapport aux outils existants, une première originalité tient à la prise en compte de la diversité génétique dans les deux sens, c'est un *modèle couplé démo-génétique* :
  - effets de la diversité génétique sur la dynamique du peuplement et sur la réponse à la sylviculture ;
  - effets de la dynamique et de la sylviculture sur l'évolution de la diversité génétique.
- Une seconde originalité tient à la prise en compte d'un régime de perturbation aléatoire que l'on peut paramétrer.
- Ce simulateur fonctionne sur des arbres individuels spatialisés, à l'échelle d'un peuplement, sur quelques cycles de régénération.

## Pourquoi ?

- Ce simulateur peut être utilisé à plusieurs fins :
  - à des fins de gestion, pour comparer différentes options sylvicoles ;
  - à des fins de recherche, pour mieux comprendre comment les processus dynamique et les interventions sylvicoles interfèrent ;
  - à des fins pédagogiques, pour faire prendre conscience des évolutions passées ou illustrer des scénarios futurs de la forêt.

- Il permet, entre autres, de :
  - comparer différentes sylvicultures en peuplement génétiquement hétérogène ;
  - visualiser les effets d'interaction sylviculture x perturbations ;
  - tester le devenir de différentes compositions génétiques initiales ;
  - etc.
- ATTENTION : ce simulateur est conçu pour des approches comparatives, pas pour de la prédiction quantitative qui nécessiterait une recalibration de l'ensemble des processus dans chaque contexte particulier (voir ci-dessous « Comment ça marche ? »).

## Pour qui ?

- Le simulateur a été conçu avant tout pour les services R&D de la forêt publique et de la forêt privée et pour des chercheurs : ces utilisateurs ont la capacité d'utiliser toutes les flexibilités d'utilisation proposées.
- Un usage plus simple est également possible en s'appuyant sur les options par défaut qui sont proposées.
- Un usage plus avancé permet aux développeurs de la communauté CAPSIS de modifier et de faire évoluer le code informatique, ou d'en extraire des parties pour leurs propres besoins.

## Comment ça marche ?

- Le simulateur s'appuie avant tout sur un modèle de dynamique forestière déjà validé pour un type de peuplement (souvent une espèce), dans une gamme d'environnements donnée. LUBERON2 s'appuie sur un modèle de croissance non spatialisé de peuplement régulier de Cèdre de l'Atlas.
- Sur ce modèle initial ont été greffés différents processus nécessaires au couplage démo-génétique : pour LUBERON2 il a fallu spatialiser les arbres (irrégularisation par bouquets), introduire les processus de dispersion et de régénération. Ces transformations du modèle initial sont une première cause de changement des prédictions du modèle : il garde ses vertus comparatives pour le type de peuplement choisi mais ses prédictions quantitatives restent à valider.
- En amont de ce cœur du modèle démo-génétique, un programme informatique permet de simuler des génotypes pour chaque arbre du peuplement initial tout en respectant certaines consignes données par l'utilisateur (ou options définies par défaut) sur la diversité génétique globale souhaitée du peuplement initial. Les génotypes portent à la fois sur des gènes codant pour la croissance ou pour la sensibilité aux perturbations, et des gènes neutres sans effet.
- Lors des cycles d'évolution du peuplement les performances de croissance, survie et reproduction de chaque individu sont déterminées par les processus démographiques, de nouveaux semis apparaissent dont les génotypes sont déterminés par le processus de reproduction entre leurs parents : c'est donc l'ensemble des processus démo-génétiques qui détermine l'évolution du peuplement.
- L'opérateur peut introduire des traitements sylvicoles pas à pas ou de façon automatisée (non disponible pour le moment).
- Des perturbations aléatoires dont le régime, fréquence et intensité, est paramétrable (actuellement régime fixe) peuvent être incluses.

## Comment on l'utilise ?

- Le simulateur fonctionne sur PC.
- Pour démarrer les simulations, l'utilisateur doit fournir un inventaire d'arbres spatialisés, répartis dans des parcelles caractérisées par leur indice de fertilité ; les données génétiques peuvent être fournies par l'utilisateur ou générées par le simulateur.
- Il y a deux modes d'utilisation principaux : un mode en fenêtre graphique et un mode script (non disponible pour le moment).
- Un guide pour les utilisateurs est en préparation, proposant différents niveaux de lecture plus ou moins experte selon le type d'utilisation.
- ATTENTION : en utilisation experte, de nombreuses options sont proposées au choix mais certaines font appel à des informations difficiles à obtenir. C'est une autre raison pour se limiter à des approches comparatives et pour ne pas hésiter, en cas de doute, à tester plusieurs choix dans ces options.

## Qui l'a réalisé ?

- LUBERON2 a été réalisé à l'INRA par Claire Godineau et Nicolas Beudez, avec l'appui de François de Coligny, Sylvie Muratorio, Leopoldo Sanchez, François Courbet, Christine Deleuze, Christian Pichot, François Lefèvre, et avec l'aide des partenaires du projet « *Évaluation des impacts génétiques de pratiques sylvicoles pour l'adaptation pour la conception* », co-financé par le RMT AFORCE et le CG84, pour la conception.

## État de la réalisation en juin 2018 ?

- La version présentée en Juin 2018 est une première version fonctionnelle, encore sommaire :
  - le couplage démo-génétique est fonctionnel ;
  - il est possible de générer différents types de composition génétique initiale ;
  - un premier type de régime de perturbation est proposé ;
  - des premiers visualiseurs d'impacts génétiques sont disponibles.
- Vos réactions lors de cette première présentation nous aideront à bien finaliser le produit.
- Il reste des points à finaliser dans LUBERON2, notamment :
  - proposer la possibilité de choix d'autres modèles de croissance appartenant à la même famille de modèles, notamment Hêtre ou Sapin ;
  - diversifier la gamme de régimes de perturbations (feu, tempête, attaques de ravageurs) ;
  - développer une version pour utilisation en mode script ;
  - affiner le contrôle de la composition génétique initiale (par ex. pour tenir compte des corrélations génétiques entre caractères) ;
  - développer d'autres outils de représentation graphique des impacts génétiques (par ex. un graphe sur la production à court-terme et le potentiel évolutif) ;
  - et vos suggestions...

## Et après ?

- Grâce à la modularité de la plate-forme CAPSIS, on prévoit d'étendre la démarche de couplage démo-génétique avec prise en compte de perturbations et contrôle de la composition génétique initiale à d'autres simulateurs de dynamique forestière développés sur la même plate-forme