**Laboratoire 2 : Variation, sensibilité et élasticité**

***Applied Population Ecology*, Chapitre 2**

**Exercice 2.1: Tenir compte de la stochasticité démographique**

Dans cet exercice, vous allez prédire le changement dans la taille de la population de bœufs musqués entre 1936 et 1937, en tenant compte de la stochasticité démographique. Pour cet exercice, vous aurez besoin de générer des nombres aléatoires uniformes. Certaines calculatrices vous permettent de générer des nombres aléatoires uniformes en appuyant sur une touche. Si vous utilisez votre calculatrice, sautez l’étape 0 et allez à l’étape 1 (vous aurez besoin de 2 nombres aléatoires uniformes pour chaque répétition). Si vous n’avez pas cette option sur votre calculatrice, vous pouvez utiliser RAMAS Ecolab pour générer ces nombres (Voir l’étape 0).

Étape 0 : Démarrer RAMAS, sélectionner « Random Numbers », qui est un programme qui produit des nombres aléatoires. Le programme donnera deux nombres aléatoires uniformes (entre 0 et 1) sur l’écran. Pour obtenir une autre paire de nombres aléatoires uniformes, cliquez le bouton « Random ». (Pour quitter, cliquez « Exit » dans « File » ou pressez Alt-X)

Étape 1 : La population de bœufs musqués comprenait 31 individus en 1936. Écrivez ce nombre (N=31) sur un bout de papier. Les étapes qui suivent devront être répétées 31 fois, une fois pour chaque bœuf musqué sur Nunivak Island en 1936. Pour chaque répétition, utilisez une nouvelle paire de nombres aléatoires.

Étape 1.1 : Utilisez le premier nombre aléatoire pour décider si l’animal produit un jeune ou non. Si le premier nombre aléatoire *est inférieur* au taux de fécondité (f=0.227), alors *augmentez* N de 1, sinon, laissez le inchangé.

Étape 1.2 : Utilisez le deuxième nombre pour décider si l’animal survit ou meurt. Si le deuxième nombre *est supérieur* au taux de survie (s=0.921), alors *diminuez* N de 1, sinon, laissez le inchangé.

Étape 2 : Après avoir répété les étapes ci-dessus 31 fois, notez le N final. C’est votre estimation de la taille de la population de bœufs musqués en 1937.

Étape 3 : Répétez les étapes 1 et 2 quatre fois, pour un total de cinq essais. Vous aurez cinq estimations de la taille de la population de bœufs musqués en 1937. Commentez la variabilité parmi les résultats des cinq essais.

**Exercice 2.2 : Construire un modèle pour le bœuf musqué**

Dans cet exercice vous utiliserez RAMAS pour construire et analyser un modèle stochastique pour la population de bœufs musqués sur Nunivak Island.

Étape 1 : Démarrez RAMAS et sélectionnez le programme « Population Growth (single population models) » en cliquant sur l’icône correspondant.

\* Pour de l’aide « on-line » au sujet du logiciel Ramas EcoLab, pressez F1, double cliquez sur « Getting started » et ensuite sur « Using RAMAS Ecolab ». Vous pouvez aussi appuyer sur F1 à n’importe quel moment pour obtenir de l’aide sur la fenêtre (ou boîte de dialogue) dans laquelle vous vous trouvez.

\*Pour effacer tous les paramètres et commencer un nouveau modèle, sélectionner « New » dans le menu « Model » (ou presser Ctrl-N)

Étape 2 : Dans le menu « Model », sélectionnez « General Information » et entrez un titre approprié. Entrez les paramètres suivants :

Replications : 0

Duration : 12

*NOTES : Réglez le nombre de répétitions à 0 est un moyen pratique pour que le programme fasse une simulation déterministe, même si l’écart type du taux de croissance est supérieur à 0. Notez que le dernier paramètre de la fenêtre, soit l’option d’utiliser ou non une stochasticité démographique est inutilisable et ce, car lorsque nombre de répétitions est de 0, le programme considère par défaut qu’il s’agit d’une simulation déterministe.*

Cliquez sur « OK ».

Ensuite, dans le menu « Model », sélectionnez « population ». Souvenez vous que la population de bœufs musqués sur Nunivak Island commença en 1936 avec 31 individus et un taux de croissance moyen de 1.148. Entrez donc les paramètres suivants sur l’écran :

Initial abundance : 31

Growth Rate (R) : 1.148

*NOTES : Le paramètre “Standard deviation of R » ne peut pas être changé, car nous allons d’abord faire tourner une simulation déterministe, dans laquelle l’écart type ne sera pas utilisé. De même, « Survival rate (s) » est utilisé seulement pour modéliser la stochasticité démographique, il est donc ignoré par le programme en cas de simulation déterministe.*

*Pour cet exercice, vous pouvez aussi ignorer les deux derniers paramètres de cette fenêtre (« density dependence » et « carrying capacity »). La sélection par défaut pour « density dependence type » est « Exponential » ce qui réfère à une croissance exponentielle sans densité dépendance. Nous discuterons de la densité dépendance et de la capacité de support du milieu dans un prochain exercice.*

Cliquez « OK » et sauvegardez votre modèle dans un fichier.

Étape 3 : Dans le menu « Simulation », sélectionnez « Run » pour lancer une simulation. La simulation va tourner pour 12 intervalles de temps. Vous verrez « Simulation complete » apparaître au bas de l’écran quand ce sera fini.

Fermez la fenêtre « Simulation ».

Étape 4 : Dans le menu « Results » sélectionnez « Trajectory summary ». Décrivez la trajectoire que vous voyez. Quelle est la taille finale de la population?

Étape 5 : Fermez la fenêtre « Trajectory summary ». Dans le menu « General Information », réglez « Replications » à 100. Ensuite, cliquez dans la boite correspondant à « Use demographic stochasticity ». Ceci ajoutera de la stochasticité démographique dans le modèle. Les paramètres devraient maintenant être :

Replications : 100

Duration : 12

Use demographic stochasticity (coché)

Cliquez OK et sélectionnez le menu « Population ». Souvenez vous que le taux de survie de la population était de 0.921 et que l’écart type observé pour le taux de croissance était de 0.075. Entrez donc les paramètres suivants sur l’écran :

Initial abundance : 31

Growth Rate (R) : 1.148

Survival rate (s): 0.921

Standard deviation of R: 0.075

Cliquez “OK” et “Run” pour commencer une simulation.

Après les cinq premières répétitions, le programme illustrera chaque trajectoire de population produite. Comparez ces trajectoires à celle obtenue lors de la simulation déterministe. Est-ce que l’une de ces trajectoires est identique à la trajectoire déterministe? Quelle est la cause de la différence?

Étape 6 : À la fin de la simulation, fermez la fenêtre « simulation » et sauvegardez le modèle. Sélectionnez ensuite « Trajectory summary ». Vous verrez une trajectoire de population. Décrivez cette trajectoire.

Dans quel intervalle varient les tailles de population finales?

\*Vous pouvez essayer de lire l’intervalle sur le graphique ou, si vous voulez être plus précis, vous pouvez voir les résultats sous forme d’un tableau de nombres. Pour cela, cliquez le deuxième bouton en partant de la gauche « Show numbers » en haut de la fenêtre. La première colonne montre l’unité de temps, les autres montrent cinq nombres résumant l’abondance et sa variabilité pour chaque unité de temps : (1) minimum et (2) moyenne - écart-type, (3) moyenne, (4) moyenne + écart-type et (5) maximum.

Étape 7 : Dans le menu « Results », sélectionnez « Extinction/Decline » D’après cette courbe, quel est le risque que la population décline à 31 individus? Il peut être difficile de lire le risque d’après la courbe. Pour déterminer ce nombre précisément, cliquez le bouton « Show numbers », et descendez dans la fenêtre jusqu’à voir « 31 » dans la première colonne. Notez la probabilité qui correspond à ce seuil.

**Exercice 2.3 : Construire des courbes de risque**

Dans cet exercice vous allez construire une courbe de risque de déclin (*interval decline risk curve*) basée sur le modèle du bœuf musqué. Si vous aviez quitté le programme après la fin de l’exercice précédent, ouvrez le fichier que vous aviez sauvegardé à l’étape 6 de l’exercice 2.2. Si vous n’aviez pas sauvegardé votre modèle, entrez les paramètres de populations comme décrit à l’étape 5 de l’exercice 2.2.

Étape 1 : Au cours de la prochaine étape nous allons générer des trajectoires uniques. Pour vous y préparer, sélectionnez « General Information » et changez le nombre de répétitions « Replications » à 1. Changez aussi « duration » et réglez le à 5. Assurez vous que « Use demographic stochasticity » est coché. Cliquez OK. Sauvegarder le modèle sous un nouveau nom.

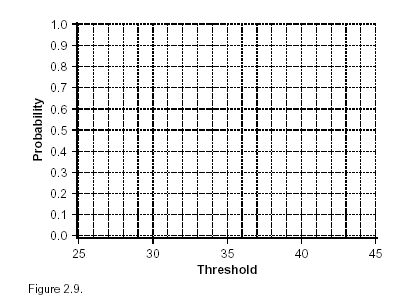
Étape 2 : Générez une trajectoire unique aléatoire basée sur le modèle de l’exercice 2.2. Pour se faire, faites tourner le modèle et affichez le résumé de trajectoires sous forme d’un tableau de nombres (voir étape 6 de l’exercice précédent). Notez la plus petite valeur que la trajectoire de population a atteint entre les unités de temps 1 et 5 de cette unique répétition. (Note : Ignorez l’unité de temps 0 pour laquelle l’abondance est toujours 31).

Étape 3 : Répétez l’étape 2, 20 fois au total.

Étape 4 : Vous avez maintenant 20 tailles minimales de population. Classez-les en ordre croissant et utilisez le tableau ci-dessous pour générer des fréquences à partir des résultats de taille minimum de population. Pour se faire, notez par ordre croissant, dans la première colonne du tableau, les tailles de population minimales que vous avez obtenues. Il se peut que vous ayez obtenu plusieurs fois les mêmes tailles de population. Notez-les seulement une fois dans le tableau. Vous utiliserez certainement seulement une partie des lignes du tableau. Dans la deuxième colonne, notez combien de fois vous avez obtenu chacun des nombres notés dans la colonne 1. Dans la troisième colonne, cumulez les nombres de la deuxième colonne (comme dans le tableau 2.1 p. 42 du livre/document PDF *Applied Population Ecology*). Dans la quatrième colonne, calculez les probabilités en divisant les fréquences cumulées (troisième colonne) par le nombre total d’essais effectués (20). Notez que le tableau construit ici est similaire au tableau 2.1 (p.42), mais vos nombres seront différents puisque vous effectuez ici 20 répétitions alors que le tableau 2.1 a été construit à partir de 10 000 répétitions.

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Taille de la population (Nc) | Nombre de simulations qui atteignent une taille =Nc | Nombre cumulé de simulations (qui atteignent une taille ≤Nc) | Probabilité de décliner à Nc |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |
|  |  |  |  |

Étape 5 : Tracez le graphique des probabilités en fonction de la taille de population sur la figure 2.9.



**Exercice 2.4 : Analyse de sensibilité**

Au cours de cet exercice, vous utiliserez le modèle du bœuf musqué de l’exercice 2.2 pour analyser la sensibilité de la probabilité de quasi-explosion aux paramètres du modèle. Notre but est de décider quel paramètre du modèle a le plus d’influence sur la probabilité que la population de bœuf musqué atteigne 150 individus. Vous devrez considérer cette probabilité comme une mesure du succès du projet de réintroduction : supposez que le projet sera considéré comme un succès si la population de bœuf musqué atteint 150 individus au cours des 12 premières années.

Étape 1 : Ouvrez le modèle stochastique que vous aviez sauvegardé à l’étape 5 de l’exercice 2.2. Dans cet exercice, nous appellerons ce modèle « le modèle standard ». Regardez la courbe « Explosion/Increase ». Notez la probabilité d’atteindre 150 individus.

\* Il se peut qu’il soit difficile de lire la probabilité précisément sur le graphique à l’écran. Utilisez la procédure suivante pour obtenir un nombre précis. (Note : cette procédure pourrait aussi être utilisée dans la partie « Extinction/Decline » (exercice 2.2).)

Cliquez sur le bouton « Show numbers » et descendez jusqu’à trouver « 150 » dans la première colonne. Notez la probabilité qui correspond à cette valeur seuil.

\* Si « 150 » n’apparaît pas dans le tableau, cliquez sur le troisième bouton en haut de la fenêtre (« Scale »). Une fenêtre comme celle ci-dessous apparaîtra avec différents paramètres du graphique (les nombres exacts peuvent être différents de ceux dans votre simulation).

Title : **Explosion/Increase**

Autoscale (checked)

X-Axis label **Threshold**

Minimum 46

Maximum 456

Y-Axis label **Probability**

Minimum 0.00

Maximum 1.00

Premièrement, désélectionnez la boite correspondant à « Autoscale » en cliquant dessus. (Ceci fait en sorte que le programme utilise les valeurs entrées sur l’écran au lieu de tracer les axes automatiquement). Ensuite, changez la valeur maximale sur l’axe des x et remplacez la par la valeur seuil (ici 150). Cliquez OK.

Retournez dans le tableau et descendez jusqu’à la dernière ligne qui vous donnera le seuil (150) et la probabilité d’atteindre ou d’excéder ce seuil. Notez cette probabilité :

Probabilité d’atteindre 150 individus =

Étape 2 : Créez huit nouveaux modèles basés sur le modèle standard. Pour chaque modèle, augmentez ou diminuez un des quatre paramètres du modèle de 10% (voir ci-dessous) et gardez les autres trois paramètres similaires au modèle standard.

\* Notez qu’il y a des restrictions. Par exemple, le taux de survie (s) ne peut pas être inférieur à 0 ou supérieur à 1. Aussi, l’abondance initiale doit être un entier. Faites les ajustements ou les approximations nécessaires pour ces paramètres. Sauvez chaque modèle dans un fichier différent. Notez les valeurs utilisées pour chaque paramètre et le nom des fichiers correspondant. Remplir le tableau ci-dessous :

Abondance initiale: 31

Taux croissance (R) : 1.148

Taux survie (s) : 0.921

Écart-type de R : 0.075

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **Paramètres** | **Valeur basse / Nom fichier** | **Valeur haute / Nom fichier** |
| Abondance initiale |  |  |
| Taux croissance (R) |  |  |
| Taux survie (s) |  |  |
| Écart-type de R |  |  |

Étape 3 : Faites tourner des simulations stochastiques pour chacun des huit modèles créés à l’étape précédente. Après chaque simulation, regardez les résultats de quasi-explosion et notez la probabilité que la population de bœufs musqués atteigne 150 individus dans les 12 premières années. Notez vos résultats dans le tableau ci-dessous.

**Probabilité d’atteindre 150 individus**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Paramètres** | **Valeur basse / Nom fichier** | **Valeur haute / Nom fichier** | **Différence** |
| Abondance initiale |  |  |  |
| Taux croissance (R) |  |  |  |
| Taux survie (s) |  |  |  |
| Écart-type de R |  |  |  |

Étape 4 : Pour chaque paramètre, soustraire la probabilité obtenue avec la valeur basse de celle obtenue avec la valeur haute du paramètre. Discutez les résultats.

1. Dans quelle direction chaque paramètre affecte-t-il le résultat?
2. Quel paramètre affecte le plus les résultats quand le changement est de 10%? Qu’est-ce que ce résultat suggère concernant les études de terrain qui tentent d’estimer ces paramètres ou concernant des projets futurs similaires à celui-ci?

Notez que la sensibilité des résultats à une différence de ± 10% de taux de survie, du taux de croissance ou de son écart-type peut être interprétée en terme de précision dans l’estimation de ces paramètres, ou en terme de validité de ces paramètres si un projet similaire était lancé à d’autres endroits. À l’inverse, la sensibilité des résultats à une différence de ± 10% dans l’abondance initiale ne peut pas être interprétée en terme de précision : il n’est pas difficile de compter 31 animaux! Par contre, elle peut être interprétée en terme d’effet du nombre initial d’individus introduits sur le succès du projet.