Approche de modélisation de dynamique forestière avec considération d'observations spatiales et estimation du stock de carbone

Bertrand TEGUIA

02 Août 2017

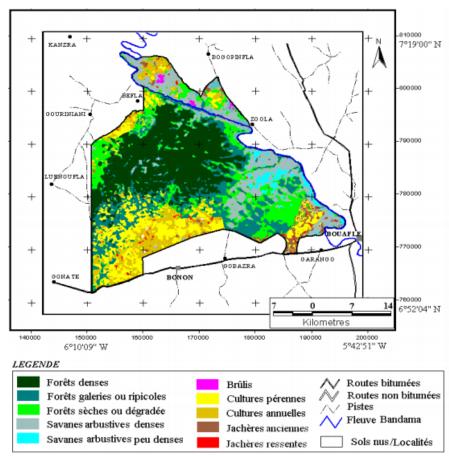
Table des matières

Ι	Introduction	3
ΙΙ	Modélisation	4
	II.1 Dynamique interne d'un sous-peuplement	4
	II.2 Interaction entre sous-peuplement	5
II	IPrédiction de la dynamique	6
	III.1 Cas de la dynamique interne	7
	III.1.1 Prédiction de la mortalité :	7
	III.1.2 Prédiction de la croissance	9
	III.1.3 Prédiction du recrutement	10
	III.2 Cas de l'interaction	10
ΙV	Calcul du stock de carbone	11
\mathbf{V}	Conclusion	11

I Introduction

L'utilisation d'une cartographie d'occupation du sol couplée au données collectées sur le terrain fournit nécessairement une meilleur souplesse de performance prédictive en modélisation des processus de dynamique forestière. En effet, l'absence de la variable espace dans le modèle, suppose que les paramètres démographiques (survie, fertilité) peuvent être considérés comme constant sur l'ensemble de la zone modélisée. Les images satellitaires permettent d'avoir la composition colorée de la forêt, ce qui donne la structure de la végétation et donc renseigne sur la discrimination du sol. On parvient ainsi à caractériser et cartographier la couverture végétale, puis évaluer la dynamique forestière. C'est suite à cela que nous estimons par calcul sur la biomasse, le stock de carbone.

FIGURE 1 – Carte d'occupation du sol du parc National de la Marahoué issue de la classification de l'image Landsat ETM+ de 2003 [1]



Dans ce document, nous présentons en premier comment nous modélisons l'hétérogénéité forestière du niveau global au niveau individuel, ce qui permettra de rentrer dans des dynamiques interne de sous peuplement et leurs interactions. En second, nous donnons la démarche de prédiction de la dynamique. Nous terminons par une approche d'estimation du stock de carbone qui peut se traduire à un facteur près au calcul de la biomasse de quelques sous-peuplements résultant de la prédiction obtenu par le modèle.

II Modélisation

On considère obtenu après traitement des images de satellite, une fragmentation géographique du peuplement forestier. Supposons alors que le peuplement puisse être découpé en K souspeuplement $P_1, P_2, \cdots, P_K.[2]$ Le sous-peuplement $P_k, 1 \leq k \leq K$ est décrit au temps t par son vecteur effectif $N_k(t)$. La dynamique interne du sous-peuplement P_k est définie par un modèle démographique :

$$N_k(t+1) = A_k(t, N_k(t))N_k(t)$$

La dynamique du peuplement résulte des K dynamiques internes et des interactions entre les sous-peuplements : l'état du peuplement étant décrit par un grand vecteur :

$$N(t) = \begin{pmatrix} N_1(t) \\ N_2(t) \\ \vdots \\ N_K(t) \end{pmatrix}$$

Dont l'évolution est définie par une équation du type :

$$N(t+1) = \begin{pmatrix} A_1(t, N_1(t)) & I_{12}(t) & \cdots \\ I_{21}(t) & A_2(t, N_2(t)) \\ \vdots & & \ddots \end{pmatrix} N(t)$$

Où les matrices $A_k(t, N_k(t))$ sur la diagonale principale définissent les dynamiques internes et les matrices $I_{jk}(t)$ définissent les interactions (migration, etc) entre le sous-peuplement j et le sous-peuplement k.

II.1 Dynamique interne d'un sous-peuplement

La dynamique interne d'un sous peuplement est définie comme vu précédemment par une matrice sur la diagonale principale. Nous nous plaçons dans le cas d'un modèle densité-dépendant, c'est à dire que la variation dans le temps de l'état de la sous-population influence sa propre dynamique. Il ne s'agit pas cependant d'une dépendance explicite du temps mais d'une variation des coefficient des matrices au cours du temps [3].

Les arbres d'un sous-peuplement sont distribués dans des classes de diamètre, sa population est alors discrétisée de la manière suivante :

Pour un sous peuplement k on a :
$$N_k(t) = (N_{k1}(t), N_{k2}(t), \cdots, N_{kL}(t))$$

 $N_{ki}(t)$, $(1 \le i \le L)$ étant le nombre d'arbre dans la classe de diamètre i du sous-peuplement k au temps t.

Pour décrire l'évolution d'un tel système on utilise le modèle de Usher densité-dépendant [3], qui repose sur les hypothèses suivantes :

- **Hypothèse de Markov** : l'évolution d'un individu entre deux pas de temps t et t+1 dépend de son état au temps t;
- **Hypothèse de Usher**: pendant un pas de temps, un individu peut soit rester dans sa classe, soit passer dans la classe supérieure, ou soit mourir; chaque individu peut donner naissance à de nouveaux individus dans la première classe.

La dynamique de la population entre les temps t et t+1 est définie par la relation :

$$N_k(t+1) = A_k(t, N_k(t))N_k(t) = M_k(t)N_k(t) + R_k(t)$$

 $M_k(t)$ est une matrice $(L+1)\times(L+1)$:

$$M_k(t) = \begin{pmatrix} q_{k1}(t) & 0 & \cdots & 0 \\ p_{k1}(t) & q_{k2}(t) & \cdots & 0 \\ 0 & \ddots & \ddots & & \\ \vdots & \cdots & p_{k(L-1)}(t) & q_{kL}(t) & 0 \\ m_{k1}(t) & \cdots & & m_{kL}(t) & 1 \end{pmatrix}$$

$$R_k(t) = \begin{pmatrix} r_k(t) \\ 0 \\ \vdots \\ 0 \end{pmatrix}$$

Où

- La matrice $M_k(t)$ est une matrice Markovienne, dont la chaîne de Markov associée a pour variable aléatoire la catégorie dans laquelle se situe un arbre arbitraire.
- $-q_{kl}(t)$ est la probabilité qu'un arbre reste dans la classe l en survivant.
- $-p_{kl}(t)$ est la probabilité qu'un arbre quitte la classe l pour la classe l+1 en survivant.
- $-m_{kl}(t)=1-p_{kl}(t)-q_{kl}(t)$ $(l=1,\cdots L-1)$ et $m_{kL}(t)=1-q_{kL}(t)$ sont les probabilité de mortalité dans la classe d'indice l.
- La matrice R représente le recrutement, $r_k(t) = f(N_k(t), D_k(t))$ est le nombre moyen de recrut dans le sous-peuplement.
- $r_k(t)$ exprime, la compétition à l'intérieur du sous-peuplement. On peut interpréter ce terme comme un apport de recrutés provenant de la banque de graines du sol. Il est donc non négatif [4], au sous-peuplement.

II.2 Interaction entre sous-peuplement

La structure de la cartographie du peuplement forestier renseigne sur les interactions à prendre en compte. On peut considérer comme négligeable l'interaction entre peuplement non adjacents étant donné qu'il repose essentiellement sur la migration entre sous-peuplement. De plus que les compétitions évoluent en sens inverse de la distance entre arbre. Ainsi la dynamique du peuplement aura sa matrice avec nécessairement des sous-matrices nulles.

Considérons une interaction traduisant la migration du sous-peuplement j vers le sous-peuplement k. Nous déduisons la structure de la matrice $I_{kj}(t)$ à partir d'analyse sur le modèle de Usher multisites. Celui ci est également une variante matricielle du modèle logistique de population de LotKa Voltera [5].

On considère toujours la discrétisation en classe d'âge de la population, et pour le cas d'espèce, on s'intéresse à :

- la probabilité pour qu'un arbre de la classe l du sous-peuplement j soit vivant dans la classe l+1 du sous-peuplement k au temps t+1
- la probabilité qu'un arbre de la classe l du sous-peuplement j reste dans sa classe en allant dans le sous peuplement k au temps t+1
- la probabilité qu'un arbre de la classe l du sous-peuplement j meurt dans sa classe en ayant étant allé dans le sous peuplement k au temps t+1

Par cette démarche nous restons dans un modèle complet en explorant tous les cas possible, quoi que bien souvent on ne s'intéresse qu'à la probabilité de croissance avec changement de sous peuplement où les matrices $I_{kj}(t)$ sont en générale des matrices diagonales, la migration ne s'effectuant qu'après la naissance [5].

Mais on se propose de rester dans le cas générique tout en simplifiant sans le dénaturer, il s'agit de mettre pour l'interaction, plus d'accent sur le fait que c'est la migration qui est dominante, donc l'apparition en un intervalle de temps d'individu du sous-peuplement j dans le sous-peuplement k. On procède alors comme suit :

$$I_{kj}(t)N_k(t) = \Lambda_{kj}(t) = \begin{pmatrix} \lambda_{(kj)1}(t) \\ \vdots \\ \lambda_{(kj)l}(t) \\ \vdots \\ \lambda_{(kj)L}(t) \\ \lambda_{(kj)(L+1)}(t) \end{pmatrix}$$

- $-\lambda_{(kj)l}(t), 1 \leq l \leq L$ est le nombre moyen d'arbres du sous-peuplement j qui ont émigrés dans la classe l du sous-peuplement k [6].
- $-\lambda_{(kj)(L+1)}(r)$ est le nombre moyen d'arbres du sous-peuplement j qui ont émigrés dans le sous-peuplement k et ont trouvés la mort.

Remarque:

- $-\lambda_{(kj)l}(t) \geqslant 0, \forall l \geqslant 1.$
- La matrice $I_{kj}(t)$ dois se lire comme la matrice de migration de j vers k.

Au niveau de l'agrégation, la simplification du modèle se présente comme suit :

$$N(t+1) = \begin{pmatrix} A_1(t, N_1(t)) & I_{12}(t) & \cdots \\ I_{21}(t) & A_2(t, N_2(t)) \\ \vdots & & \ddots \end{pmatrix} N(t)$$

$$= \begin{pmatrix} A_1(t, N_1(t))N_1(t) + \Lambda_{12}(t) + \cdots \\ \Lambda_{21}(t) + A_2(t, N_2(t))N_2(t) + \cdots \\ \vdots & & \ddots \end{pmatrix}$$

Donc cette procédure nous permet de passer une étape de multiplication matricielle.

Cette manière de procéder que nous avons s'accommode mieux avec la collecte des données. En effet, le nombre d'émigrés pour un pas de temps est naturellement plus accessible que la proportion des émigrés, ceci permet aussi une meilleur clairvoyance au niveau de la modélisation, car on est conduit à une régression de poisson plus simple plutôt qu'une régression logistique, quoique les deux soient présent dans le modèle global.

III Prédiction de la dynamique

Dans la section précédente, nous avons montré comment les composantes de la dynamique forestière sont modélisées. La prédiction se fait à base de variables explicatives de surface terrière et d'espèce. Nous donnons ici le procédé d'estimation des coefficients nécessaires à la détermination des matrices de la dynamique.

III.1 Cas de la dynamique interne

On s'abstient de préciser ici, le sous peuplement. Donc les indices peuvent avoir tout un autre sens, mais tout ce qui est fait ici est réduit à l'échelle d'un sous-peuplement de la cartographie initiale.

Le sous-peuplement étant subdivisé en classe de diamètre, Dans une classe, nous voulons pour chaque arbre d'une espèce, inférer sur les trois processus à l'aide de données de surfaces terrières de toutes les classes de diamètre. Ce qui nous fait L variables explicatives. Mais cela nous conduit à un modèle par espèce, ce qui n'est pas réaliste vu la richesse spécifique et la faible représentation de certaines espèces. D'où l'idée de regrouper les espèces pour chacun des trois processus séparément et de faire une régression en mélange [7].

III.1.1 Prédiction de la mortalité :

On représente les données de la manière suivante :

Table $1 - 7$	<u> Fableau de c</u>	données pour la	ı mortalité,	$i=1,\cdots N$

Y		X			
m	n	Esp	X_1		X_L
	•••	•	•	:	•
$m_{s,i}$	$n_{s,i}$	s	$x_{s,i,1}$	• • •	$x_{s,i,L}$
:	:	•	•	:	:

Y désigne la variable aléatoire à expliquer à laide des données de la variable X qui est la partie déterministe.

- m désigne le nombre d'arbres morts
- n désigne le nombre d'arbres observés
- Esp désigne l'espèce. **NB** : les valeurs de cette colonne sont répétitives. On notera S le nombre d'espèce et n_s le nombre de fois que figure l'espèce s sur le tableau de données.
- $-X_1, \dots, X_L$ désignent les variables explicatives, chacune donnant la surface terrière de la classe diamétrique de son indice.
- Hypothèse: On admet l'indépendance entre les lignes du tableau de données.

Remarque: Dans la pratique, les lignes représentent les parcelles où plusieurs observations sur les arbres d'une espèce ont étés faites.

On pose $x_{s,i} = (1, x_{s,i,1}, \dots, x_{s,i,L})$, le vecteur de données des variables explicatives de l'individu(les arbres de l'espèce s d'une parcelle) à la ligne i.

Étant donné que les données de chaque ligne représentent les observations sur plusieurs arbres, on se procède par la modélisation pour un seul arbre afin de parvenir à la modélisation pour une espèce.

Soit a un arbre de l'espèce de la ligne i et s l'espèce présente. Notons $y_{s,i,a}$ la variable aléatoire binaire à valeur dans $\{0, 1\}$ donnant la mort(1) ou la vie(0) de l'arbre a. $y_{s,i,a}$ suit une loi de Bernoulli, on note $p_{s,i,a} = \mathbb{P}\{y_{s,i,a} = 1\}$ son paramètre.

Pour inférer sur la mortalité des arbres de la ligne i, on pourrait penser à un modèle logistique ?? à l'aide des variables explicatives. Cependant, les mêmes valeurs de variables explicatives servent à l'explication de la mortalité de tous les arbres à cette ligne, ainsi la probabilité de mourir $p_{s,i,a}$ est considéré indépendante directement à l'arbre a, et donc, il n'est pas question de régression logistique sur une ligne (homoscédasticité).

$$p_{s,i,a} = p_{s,i} \quad \forall a$$

En considérant la variable $y_{s,i}$ comme celle donnant la mortalité sur tous les $n_{s,i}$ arbres de la ligne $i, y_{s,i}$ est une répétition de loi de Bernoulli, donc une loi Binomiale $\mathcal{B}(n_{s,i}, p_{s,i})$. L'estimateur du maximum de vraisemblance de la probabilité de mourir sur les n_i arbres est $\frac{m_{s,i}}{n_{s,i}}$.

Or cette estimation est aussi inconnue puisqu'elle correspond à la partie aléatoire du tableau de données ??. L'observation répétée sur les parcelles de l'espèce s donnant n_s données $x_{s,j}, j \in \{1, \dots, n_s\}$, nous conduit alors à un problème de régression logistique car $\frac{m_{s,j}}{n_{s,j}} \in]0, 1[$ est une probabilité. (on envisage pas la possibilité d'une totale mort de tous les arbres dans une parcelle, $m_{s,j} < n_{s,j}$).

Ainsi, le modèle de régression sur la mortalité des arbres d'une espèce, est le modèle logistique qui s'écrit :

$$\operatorname{logit}\left(\frac{m_{s,j}}{n_{s,j}}\right) = \theta_0 + x_{s,j,1}\theta_1 + \dots + x_{s,j,L}\theta_L = x_{s,j}\theta \quad j = 1, n_s$$
(1)

Remarque:

- Cette forme du modèle logistique est sa forme générale, on parle de modèle logistique à données groupés ou répétées. L'observation de la variable réponse Y est vu comme le rapport $\underline{\underline{m}}$
- l'indice j est utilisé pour les lignes du tableau de données correspondant à l'espèce s, on utilise pas l'indice i parce que l'ordre n'est pas le même, ceci nous permet de nous affranchir de la définition d'une fonction injective entre les indices.

Nous sommes donc parvenu à trouver le modèle de régression pour une espèce. Or comme nous avons spécifier depuis l'introduction de cette partie que le nombre d'espèce est très divers et on retrouve la présence d'espèces rares. On fait donc l'hypothèse d'une loi mélange (mélange de loi logistique) sur l'ensemble des espèces. On note K le nombre de composantes du mélange. Il s'agira donc d'estimer le vecteur de paramètre $\theta = (\pi_1, \dots, \pi_K, \theta_1, \dots, \theta_K)$ où les π_k représentent les paramètres du mélange et $\theta_k = (\theta_{k,0}, \dots, \theta_{k,L})$.

Ecriture de la loi mélange

Supposons que l'espèce s est du groupe k, on pose $\frac{m_{s,j}}{n_{s,j}} = p_{s,j,\theta_k}$. On a :

$$\mathbb{P}(y_{s,j} = m_{s,j}) = \binom{n_{s,j}}{m_{s,j}} p_{s,j,\theta_k}^{m_{s,j}} (1 - p_{s,j,\theta_k})^{n_{s,j} - m_{s,j}}$$
(2)

En considérant l'indépendance des observations sur l'espèce (hypothèse), on a

$$\mathbb{P}\{(y_{s,1},\cdots,y_{s,j},\cdots,y_{s,n_s})=(m_{s,1},\cdots,m_{s,j},\cdots,m_{s,n_s})\}=\prod_{j=1}^{n_s}\binom{n_{s,j}}{m_{s,j}}p_{s,j,\theta_k}^{m_{s,j}}(1-p_{s,j,\theta_k})^{n_{s,j}-m_{s,j}}$$
(3)

En utilisant l'inverse de la fonction logit ??, si on pose

$$P(y_s|x_s,\theta_k) = \mathbb{P}\{(y_{s,1},\cdots,y_{s,j},\cdots,y_{s,n_s}) = (m_{s,1},\cdots,m_{s,j},\cdots,m_{s,n_s})\}$$

on a alors la k^{e} composante du mélange suivante :

$$P(y_s|x_s, \theta_k) = \prod_{j=1}^{n_s} \binom{n_{s,j}}{m_{s,j}} \left(\frac{\exp(x_{s,j}\theta_k)}{1 + \exp(x_{s,j}\theta_k)}\right)^{m_{s,j}} \left(1 - \frac{\exp(x_{s,j}\theta_k)}{1 + \exp(x_{s,j}\theta_k)}\right)^{n_{s,j} - n_{s,j}}$$
(4)

$$= \prod_{j=1}^{n_s} \binom{n_{s,j}}{m_{s,j}} \frac{\exp(x_{s,j}\theta_k)^{m_{s,j}}}{(1 + \exp(x_{s,j}\theta_k))^{n_{s,j}}}$$
 (5)

D'où la loi mélange

$$P(y_s|x_s,\theta) = \sum_{k=1}^K \pi_k P(y_s|x_s,\theta_k) = \sum_{k=1}^K \pi_k \prod_{j=1}^{n_s} \binom{n_{s,j}}{m_{s,j}} \frac{\exp(x_{s,j}\theta_k)^{m_{s,j}}}{(1+\exp(x_{s,j}\theta_k))^{n_{s,j}}}$$
(6)

Remarque: x_s et y_s font référence à tous les données qui correspondent à l'espèce s.

On utilise alors l'algorithme EM pour déterminer θ , qui permettra d'avoir pour une classe l où on a observé la variable réponse Y, une estimation de la probabilité de mourir d'un de ses arbres.

III.1.2 Prédiction de la croissance

On a le tableau 2

Table 2 – Tableau de données pour la croissance, $i = 1, \dots N$

Y		X			
g	n	Esp	X_1	• • •	X_L
:	•	•	:	:	•
$g_{s,i}$	$n_{s,i}$	s	$x_{s,i,1}$		$x_{s,i,L}$
:	:	:	:	:	:

Dans notre cas de figure, la croissance se présente exactement comme la mortalité, en effet, la croissance est modélisé comme une variable binaire tout comme la mortalité, ainsi pour un arbre a quelconque, on a les deux éventualités suivante : {"granir", "pas grandir"}. Le procédé est donc exactement le même que celui de la mortalité(remplacement de m par g). On déduit alors la loi mélange :

$$P(y_s|x_s\theta) = \sum_{k=1}^K \pi_k P(y_s|x_s, \theta_k) = \sum_{k=1}^K \pi_k \prod_{j=1}^{n_s} \binom{n_{s,j}}{g_{s,j}} \frac{\exp(x_{s,j}\theta_k)^{g_{s,j}}}{(1 + \exp(x_{s,j}\theta_k))^{n_{s,j}}}$$
(7)

III.1.3 Prédiction du recrutement

Pour le recrutement, on se limite à la première classe. Donc il y a un seul θ à déterminer pour l'estimation du nombre moyen de recrutés au sein du sous-peuplement.

Table 3 – Tableau de données pour le recrutement, $i = 1, \dots N$

Y	X				
r	Esp	X_1		X_L	
:	•	•	:	•	
$r_{s,i}$	s	$x_{s,i,1}$	• • •	$x_{s,i,L}$	
:	:	•	•	:	

Nous considérons directement dans cette partie l'idée de loi mélange, comme loi régissant les observations pour une espèce.

 $r_{s,i}$ désigne pour l'espèce s, le nombre moyen de recrut à la ligne i. Si on note $y_{s,i}$ la variable aléatoire réponse de cette ligne, on sait d'après la définition du modèle de Poisson que $y_{s,i}$ suit une loi de poisson $\mathcal{P}(\lambda_{\theta_k,s,i})$. On a la relation :

$$\lambda_{\theta_k,s,i} = \exp(x_{s,i}\theta_k)$$

On a pour l'espèce s

$$\mathbb{P}\{(y_{s,1},\cdots,y_{s,j},\cdots,y_{s,n_s}) = (r_{s,1},\cdots,r_{s,j},\cdots,r_{s,n_s})\} = \prod_{j=1}^{n_s} \frac{\lambda_{\theta_k,s,j}^{r_{s,j}}}{r_{s,j}!} \exp(-\lambda_{\theta_k,s,j})$$
(8)

On déduit alors la densité mélange de régression log-linéaire suivante :

$$P(y_s|x_s, \theta) = \sum_{k=1}^{K} \pi_k \prod_{j=1}^{n_s} \frac{\exp(r_{s,j} x_{s,j} \theta_k - \exp(x_{s,j} \theta_k))}{r_{s,j}!}$$
(9)

$$\theta = (\pi_1, \cdots, \pi_K, \theta_1, \cdots, \theta_K)$$

Rappel de notation : l'indice j lié à l'espèce n'est pas dans le même ordre que l'indice i qui est plus générale et lié au tableau de données.

III.2 Cas de l'interaction

Pour l'interaction on se sert d'un modèle similaire à celui du recrutement de la dynamique interne des sous-peuplement. Il y a cependant deux différence fondamentales :

- Les données de variables explicatives sont obtenues différemment.
- Et le modèle s'applique à toutes les classes de diamètres du sous peuplement destinataire plus une classe pour les arbres recrutés morts.

 X_1, \dots, X_L désignent les variables explicatives, chacune donnant la surface terrière de la classe diamétrique de son indice dans le sous peuplement des immigrés correspondant. Par exemple dans le cas $I_{kj}(t)$, il s'agit des surfaces terrières du sous-peuplement j.

Table 4 – Tableau de données pour la migration, $i = 1, \dots N$

Y	X			
r	Esp	X_1		X_L
:	•	•	:	• • •
$r_{s,i}$	s	$x_{s,i,1}$	• • •	$x_{s,i,L}$
:	:	:	:	:

A l'issu, on obtient donc la même expression pour la loi mélange que le modèle de recrutement interne des sous-peuplement, avec une autre signification pour les données des variables explicatives. Le tout répété sur toutes les classes permet d'aboutir à la détermination de $\Lambda_{kj}(t)$ correspondant à l'interaction $I_{kj}(t)$.

IV Calcul du stock de carbone

Le calcul du stock de carbone forestier dans les arbres est obtenu, pour l'ensemble des arbres, en multipliant la matière sèche de la biomasse aérienne par un facteur de conversion (CF) [8]. La biomasse aérienne correspondant à la masse de matière végétale ligneuse sèche par unité de surface. La biomasse aérienne totale en bois se répartit en biomasse aérienne du tronc et biomasse aérienne du houppier (branches). L'estimation de la biomasse aérienne des arbres se fait à partir des équations allométriques en intégrant les paramètres dendrométriques issues de l'inventaire forestier.

Donc, après prédiction de la dynamique de l'ensemble du peuplement par le modèle, pour faire une estimation du stock de carbone, on calcul dans un premier temps, la biomasse aérienne par classe diamétrique sur l'ensemble de la population forestière, et ensuite on fait la somme. Pour déterminer les masses des arbres, on se sert de la relation de la masse volumique $\rho \times V = M$, le volume étant obtenu par découpage de l'arbre en plusieurs cylindres puis en sommant, et la masse volumique obtenu par des expériences. Le tout doit être multiplié par le facteur de conversion et voir un facteur d'expansion pour avoir la valeur du stock de carbone [9].

V Conclusion

Nous sommes arrivé au terme de notre approche de modélisation de la dynamique forestière partant d'une cartographie du peuplement, avec un survol sur la manière d'estimer le stock de carbone qui sera présent après prédiction. Sans être allé dans les plus profond détails, nous avons à l'aide du modèle de Usher, donné un modèle pour la dynamique interne et la dynamique externe d'un sous peuplement issu de la carte qui permet de discrétiser la population par sa végétation. Nous soulignons aussi que ce modèle pour s'appliquer doit se faire dans le respect des hypothèses qui ont été présenté, et cela se fait par un choix judicieux de temps entre les inventaires, et aussi le choix de l'écart de taille entre les classes de diamètre.

La poursuite de ce travail peut conduire, avec l'appuis de l'outil informatique et des algorithmes que l'on peut déduire sur la base de l'approche de modélisation que nous avons présenté, à une simulation cohérente de la dynamique de la forêt, que l'on peut même rendre visible par graphisme.

Références

- [1] Dibi N'Da Hippolyte, Kouakou N'Guessan Edouard, Egnankou Wajda Mathieu, and Afflan Kouadio. Apport de la télédétection au suivi de la déforestation dans le Parc National de la Marahoué (Cöte dIvoire). Département de Biologie Végétale, Faculté des Sciences et Techniques, Université Nationale d'Abidjan, 22 B.P. 582, Mai 2009.
- [2] Franc Alain, Gourley-Fleury Sylvain, and Picard Nicolas. Une introduction a la modelisation des forets heterogenes (chapitre 2). Engref.
- [3] Zetlaoui Mélanie. Aspects statistiques de la stabilité en dynamique des populations : application au modèle de Usher en foresterie. PhD thesis, Université Paris XI, Dec 2006.
- [4] Ouédraogo Dakis-Yaoba. Prédiction de la dynamique forestière à l'aide d'un modèle matriciel qui incorpore la variabilité de la réponse des espèces à l'environnement : Application dans une forêt tropicale humide semi-décidue d'Afrique centrale. PhD thesis, Université Montpellier II, Dec 2011.
- [5] Lett Christophe. Modélisation et simulation de la dynamique des écosystèmes forestiers : des modèles agrégés aux modèles individuels spatialisés. PhD thesis, CNRS et Universite Louis Pasteur-Strasbourg I, Nov 1999.
- [6] T Mahdjoub, E Ouaddah, and A Hakem. Exploitation optimale d'une ressource renouvelable forestière soumise à un environnement stochastique. Université Abou-Bekr Belkaïd, Tlemcen, B.P 119, Algerie, Fev 2010.
- [7] Teguia T. Bertrand. Classification non supervisée et suivi des processus de dynamique forestière. Mémoire, Université de Yaoundé I, Ecole Nationale Supérieure Polytechnique, Jui 2016.
- [8] TOUNG Dany. Estimation de la quantité de carbone stockée par une forêt en reconstitution : cas d'une jeune jachère dans la forêt classée de la Mondah. Ecole Nationale des Eaux et Forêts du Cap-Estérias (Gabon), 2010.
- [9] FRM(Forêt Rssources Management). Estimation des stocks de carbone à l'échelle d'une concession forestière: Exemple des concessions forestières de Bétou et Missa-Congo 595948 ha, Fev 2010.