

ÉTUDE DE LA POPULATION DE GRANDS DAUPHINS DE L'ARCHIPEL DE MOLÈNE

ANNÉE 2020

*Estimation de la probabilité de survie, de la taille et de la
structure sociale de la population*



Table des matières

Objectifs de l'étude	2
Synthèse des données 2020.....	2
Bilan du suivi de terrain pour la collecte de données	2
Photo-Identification.....	3
Probabilité de survie	4
Méthode de calcul	4
Résultats	5
Taille de la population	5
Méthode de calcul	5
Résultats	5
Structure sociale.....	7
Choix de l'échantillon	7
Méthode de calcul	7
Résultats	9
Indices d'association	9
Division en communautés.....	10
Variables sociales – individus clés.....	11
Bilan.....	13
Bibliographie	14

Cette étude est réalisée dans le cadre du contrat de recherche et développement relatif au Projet Grands dauphins Molène 2020-2022 qui lie le Groupe d'Étude des Cétacés du Cotentin (GECC) et l'Office Français de la Biodiversité (OFB).

Objectifs de l'étude

Le projet de recherche vise à étudier le groupe côtier de grands dauphins de l'archipel de Molène dans le Parc Naturel Marin d'Iroise (PNMI). Une estimation de la taille, de la probabilité de survie et de la structure sociale de cette population a été réalisée à partir de la synthèse des données disponibles en 2020.

Synthèse des données 2020

Bilan du suivi de terrain pour la collecte de données

62 sorties en mer ont été effectuées sur l'archipel de Molène entre les mois de mai et de septembre 2020 par les agents PNMI-OFB dont la répartition est présentée en Tableau 1.

Tableau 1 : Nombre total de sorties pour chaque mois entre mai et septembre 2020.

Mai	Juin	Juillet	Août	Septembre
11	16	13	9	13

Au cours de ces sorties, 25 observations de grands dauphins ont été effectuées. Seulement 13 d'entre elles ont permis de collecter des photographies pour la méthode de photo-identification. Le détail des observations par mois est présenté dans le Tableau 2.

Tableau 2 : Nombre total d'observations de grands dauphins et nombre d'observations avec photo-identification des grands dauphins pour chaque mois entre mai et septembre 2020.

	Mai	Juin	Juillet	Août	Septembre
Nombre total d'observations	3	5	7	6	4
Nombre d'observations avec photo-identification	1	3	5	3	1

Le jeu de données de photo-identification comprend 1 588 photographies prises entre mai et septembre 2020 par les agents du PNMI-OFB. Le détail du nombre de photographies intégrées dans la base OBSenMER est présenté dans le Tableau 3.

Tableau 3 : Nombre de photographies intégrées dans la base OBSenMER et identifiées, pour chaque mois entre mai et septembre 2020.

Mai	Juin	Juillet	Août	Septembre
63	167	185	123	77

Photo-Identification

Les photos prises lors des sorties en mer de prospection autour de l'archipel de Molène ont été triées puis transférées dans la base de données OBSenMER. Chaque photo a ensuite été analysée et comparée aux photos du catalogue rassemblant tous les ailerons des grands dauphins identifiés sur l'archipel de Molène : c'est le travail de **photo-identification**. Cette méthode consiste à identifier chaque individu à partir des différentes marques visibles sur son aileron dorsal ou sur son corps.

Entre mai et septembre 2020, 49 grands dauphins de l'archipel de Molène ont été identifiés (Figure 1).

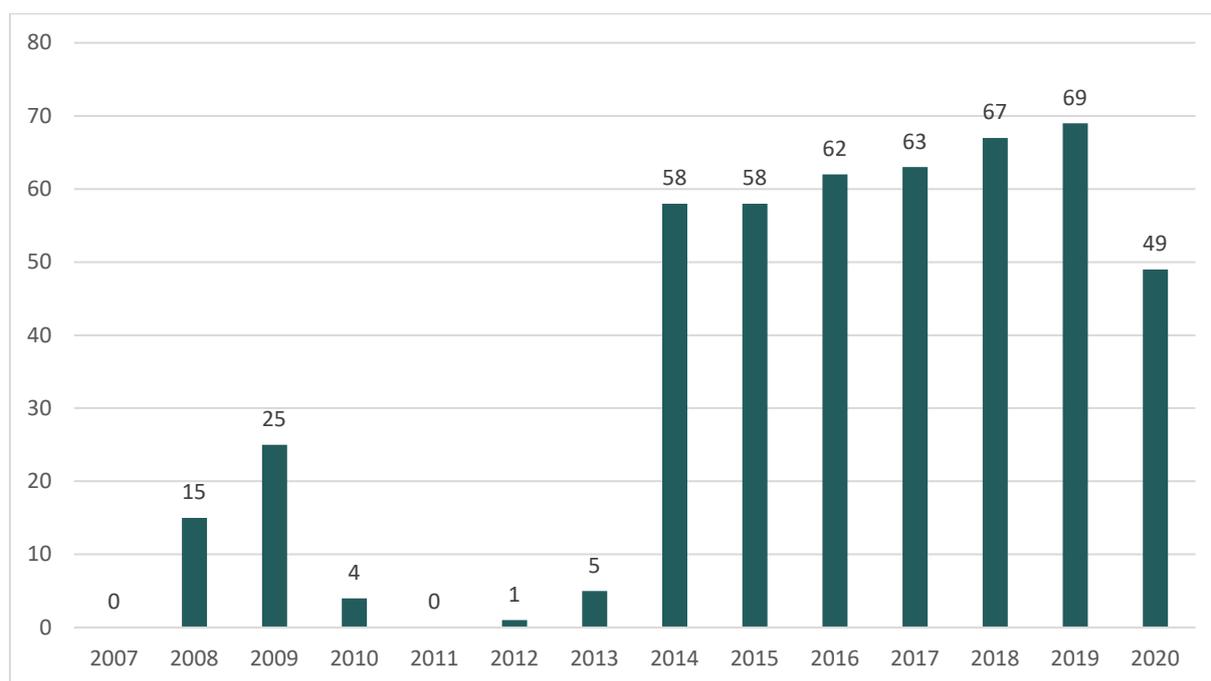


Figure 1 : Nombre d'individus différents identifiés chaque année entre 2007 et 2020.

Depuis 2007, 122 grands dauphins différents ont ainsi été identifiés au sein de la population de Molène et ajoutés au catalogue. Entre 2019 et 2020, 8 nouveaux individus sont entrés au catalogue (Figure 2).



Figure 2 : Nombre de grands dauphins de l'archipel de Molène identifiés dans le catalogue entre 2006 et 2020.

Probabilité de survie

Méthode de calcul

La probabilité de survie est estimée à partir des données de photo-identification avec un modèle de Capture-Marquage-Recapture (CMR) implémenté dans le logiciel E-surge. Cette probabilité de survie correspond à une survie apparente, c'est-à-dire qu'elle prend en compte la mortalité réelle et les événements d'émigration.

L'analyse s'effectue en 5 étapes :

1. Construire les histoires de capture de chaque individu observé entre 2014 et 2020. Pour chaque année, si un individu est observé il est noté 1, sinon il est noté 0.
2. Tester l'adéquation des données avec les modèles CMR (tests de « Goodness of Fit » avec le logiciel U-CARE). Cette étape est nécessaire pour détecter d'éventuels écarts aux hypothèses de base des modèles CMR qui pourraient biaiser les résultats.
3. Implémenter le modèle CMR dans le logiciel E-Surge.
4. Tester différentes hypothèses sur les probabilités de survie et de détection (constantes sur la période d'étude ou différentes dans le temps).
5. Choisir la meilleure combinaison de paramètres avec le critère de sélection de modèle AIC.

Résultats

La probabilité de survie est constante sur la période d'étude (2015-2020). Elle est estimée à **0.89 (IC 95% 0.84-0.93)**.

Taille de la population

Méthode de calcul

Le calcul de l'estimation de la taille de la population s'effectue en 2 grandes étapes :

1. Estimer le nombre d'individus marqués dans la population, en utilisant les estimations des probabilités de survie et de détection obtenues précédemment, avec la formule suivante :

$$\hat{N}_t = \frac{n_t}{p_t}$$
 avec N_t la taille totale de la population l'année t, p_t la probabilité d'observer les individus l'année t et n_t le nombre d'individus marqués présents l'année t.

$n_t = u_t + m_t$ avec u_t le nombre de nouveaux individus l'année t et m_t le nombre d'individus précédemment observés et toujours vivants l'année t.

$m_t = \sum_{j=1}^{t-1} u_j \cdot \prod_{i=j}^{t-1} \varphi_i$ avec φ_i la probabilité de survie l'année i.

2. Estimer le nombre total d'individus dans la population.
 - a. Calculer le ratio θ . Il s'agit d'un facteur de correction qui renseigne la proportion d'individus marqués au sein de la population totale. Ce ratio est estimé à partir des photographies comportant au moins deux individus.
 - b. Corriger les estimations du nombre d'individus marqués par le facteur de correction.

Pour les années 2014 et 2015, cette méthode n'est pas applicable. Les estimations pour ces années ont été réalisées avec des modèles CMR en population fermée. La méthode de calcul est détaillée dans les rapports de Maxime DOMEAU (2018) et Valentine ANDRÉ (2017).

Résultats

Pour l'année 2020, le ratio θ est de 0.53 avec un intervalle de confiance de 95% = (0,48-0,58). Il est nettement inférieur aux estimations du ratio θ des années précédentes (Tableau 4).

Quant à l'estimation de la taille de population de l'archipel de Molène, elle s'élève de **139 individus** avec un intervalle de confiance de 95% = (105 - 192).

Les résultats pour l'ensemble des années 2014 à 2020 sont présentés dans le Tableau 4 et la Figure 3.

Tableau 4 : Synthèse des ratios ϑ et des estimations de la taille de la population de grands dauphins de l'archipel de Molène entre les années 2014 et 2020 avec un indice de confiance à 95%. Les ratios ϑ ont été calculés à l'aide d'un script R.

Année	Ratio θ	Estimation des individus de Molène
2014	0.59 [0.55 - 0.64]	80 [71 - 91]
2015	0.70 [0.62 - 0.77]	68 [61 - 77]
2016	0.66 [0.64 - 0.69]	86 [78 - 97]
2017	0.70 [0.66 - 0.73]	84 [76 - 92]
2018	0.63 [0.61 - 0.65]	85 [75 - 96]
2019	0.64 [0.61 - 0.66]	100 [85 - 112]
2020	0.53 [0.48 - 0.58]	139 [105 - 192]

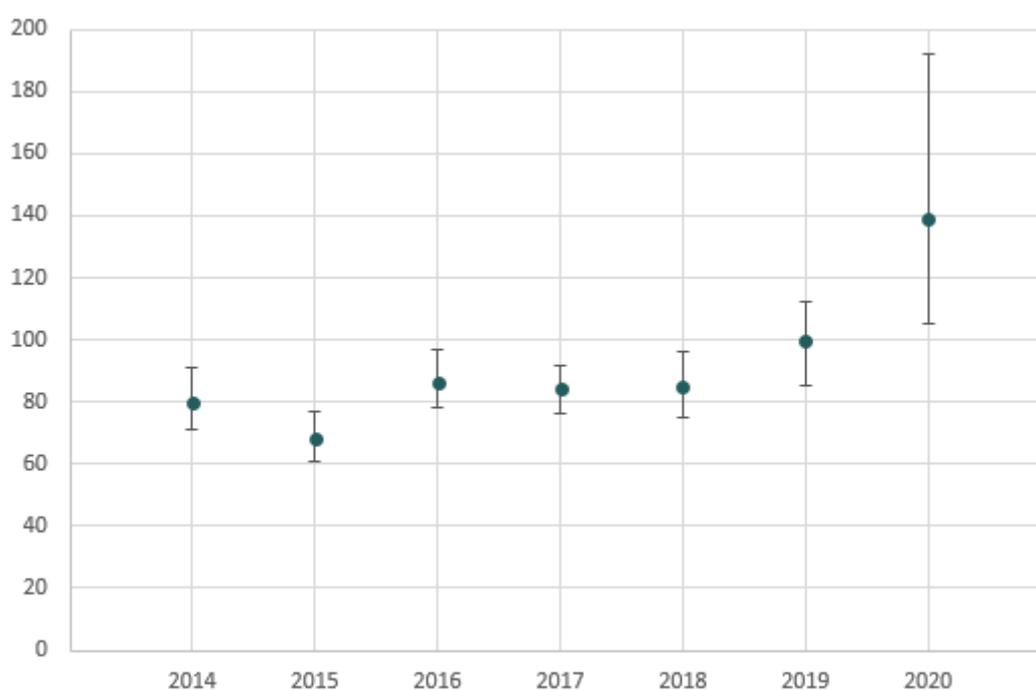


Figure 3 : Estimation de la taille de la population de grands dauphins pour l'archipel de Molène et des intervalles de confiance entre 2014 et 2020.

La population semble stable sur la période d'étude 2014-2019. En ce qui concerne l'année 2020, l'estimation du ratio θ est plus faible cette année et la probabilité de détection estimée est également plus faible que les années précédentes. Ces deux facteurs expliquent l'augmentation de l'estimation de la taille de la population. À noter que le nombre de sorties expertes avec rencontre de grands dauphins et prise de photographies semble faible comparé au nombre total de sorties pour cette année 2020. En effet, en moyenne sur la période 21% des sorties en mer seulement ont permis d'obtenir des photographies de grands dauphins.

L'évolution de la population (stable ou en augmentation) pourra être vérifiée avec les données collectées dans les années à venir.

Structure sociale

Les travaux présentés ici s'appuient sur les méthodes d'analyses de la structure sociale de la population des grands dauphins en mer de la Manche, menés par Marie Louis (Louis 2014, Louis *et al.* 2015) et par Laila Blandel (stage M2 GECC, Blandel 2018).

Choix de l'échantillon

Pour analyser de façon fiable et robuste la structure sociale de la population, les données utilisées doivent répondre à plusieurs critères. Premièrement, elles doivent être issues d'un échantillonnage spatio-temporel homogène ; à cette fin, nous avons donc gardé les données collectées entre les mois de mai et de septembre. Cette période estivale est plus propice aux sorties en mer par rapport aux autres saisons. De plus, se concentrer sur la période estivale limite les éventuels biais dans l'analyse de la structure sociale liés à son évolution au cours des saisons. Deuxièmement, les individus lisses (M1) ont été retirés de l'échantillon car il est difficile de les identifier. Troisièmement, les groupes de dauphins qui n'ont pas été entièrement photographiés devraient être exclus de l'échantillon. Cependant, cette information n'est pas renseignée pour la population de l'archipel de Molène. Pour terminer, un seuil minimum de 5 identifications par individu est requis afin d'éviter les biais induits par un faible nombre d'observations et d'éliminer les individus de passage.

Après l'application de tous ces critères, il reste 69 individus observés au sein de 259 groupes de grands dauphins entre 2014 et 2020.

Méthode de calcul

La structure sociale est représentée sous la forme d'un réseau : les individus sont des points (ou nœuds) et les connexions entre deux individus sont des traits (ou liens). Ce lien entre deux individus peut être plus ou moins fort et le calcul d'un indice d'association permet de donner une valeur à ce lien.

Il existe plusieurs indices d'association, dont le *Simple Ratio Index* (SRI) ou le *Half Weighted Index* (HWI). Pour cette étude, nous avons fait le choix d'utiliser la formule de calcul du SRI :

$$SRI = \frac{X}{X + YA + YB}$$

X : nombre de fois où l'individu A et l'individu B sont vus ensemble dans un même groupe

YA : nombre de fois où l'individu A est observé sans B

YB : nombre de fois où l'individu B est observé sans A

Les indices SRI varient de 0 (jamais vus ensemble) à 1 (toujours vus ensemble) et sont regroupés dans une matrice dite matrice des associations. Cette matrice est la base de la construction du réseau social et permet d'effectuer différents tests et calculs donnant des informations sur les caractéristiques de la structure sociale.

- **Vérification des associations préférentielles**

Un test de permutation (méthode de Monte-Carlo, 10 000 permutations) est effectué pour vérifier l'existence d'associations préférentielles, c'est-à-dire que le fait que les associations observées soient différentes du hasard. Si la distribution des indices de la matrice d'associations calculés précédemment est plus grande que les 10 000 distributions des indices des matrices d'associations permutées selon un modèle aléatoire, alors il y a bien présence d'associations préférentielles.

- **Détection des communautés**

Une communauté est un ensemble d'individus partageant plus de liens entre eux qu'avec les autres individus de la population. Plusieurs méthodes ont été développées pour détecter les communautés au sein d'une population, nous utilisons ici la mesure de la modularité du réseau à partir du coefficient de modularité Q . Ce coefficient est compris entre -1 et 1. Si Q est négatif, cela suppose une absence de structure de groupe. Si Q est supérieur ou égal à 0,3 alors la division des groupes est robuste.

Un test de Mantel est réalisé sur 10 000 permutations afin de vérifier si les indices d'association entre les membres d'une communauté sont plus forts qu'avec les membres des autres communautés.

- **Variables sociales**

Le degré de connectivité d'un individu au sein de la structure sociale peut être calculé à partir des indices d'association et selon plusieurs variables sociales. Le *Strength* (grégarisme) correspond à la somme des indices d'association d'un individu. Plus l'individu a des associations fortes avec d'autres individus, plus il aura un *Strength* élevé et plus il sera grégaire. L'*Eigenvector centrality* (centralité) correspond à la force d'association globale d'un individu, c'est-à-dire à la force de l'individu et à la force de tous ceux à qui il est associé. Plus l'*Eigenvector centrality* est élevé, plus les associations de l'individu et de ses « associés » sont fortes et plus l'individu a une position centrale dans le réseau. Le *Betweenness* (cohésion) est égal au nombre de fois où un individu est sur le chemin le plus court entre deux autres individus quelconques du réseau. Plus le *Betweenness* d'un individu est élevé, plus il fait le lien entre les autres individus et plus il est garant de la cohésion de la population.

Les individus avec les valeurs des variables sociales les plus élevées sont donc des individus importants dans la population. Pour identifier ces individus clés, nous avons choisi de prendre les valeurs extrêmes situées au-dessus d'un seuil correspondant à 95% de la distribution des valeurs pour chaque variable sociale. Ce seuil est fixé de façon arbitraire.

Résultats

Indices d'association

Le test de permutation de Monte-Carlo montre que l'écart-type de la matrice d'indices d'association observés est significativement supérieur aux écarts-types des 10 000 matrices permutées suivant un modèle aléatoire. Ce résultat confirme que les associations formées par les grands dauphins de l'archipel de Molène ne sont pas dues au hasard.

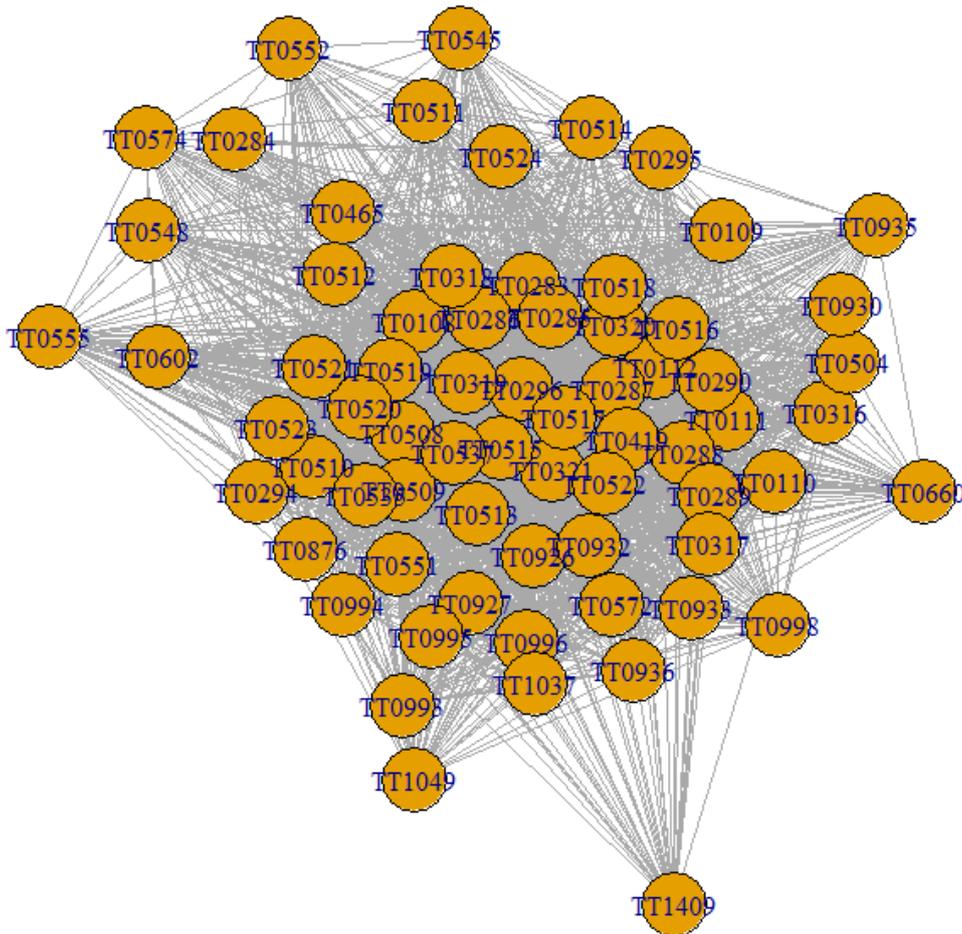


Figure 4 : Sociogramme de la population de Molène. Chaque cercle est un dauphin et chaque trait est un lien entre deux individus.

Il semble que la population des grands dauphins de Molène soit assez unie : aucun individu ou groupe d'individus n'est isolé des autres (Figure 4), même si les indices d'association SRI sont relativement faibles pour la majorité des paires d'individus (dyades) (<0.1) (Figure 5). Ceci peut s'expliquer par le fonctionnement de type fission-fusion généralement observé chez les populations de grands dauphins correspondant à des associations fluides dans l'espace et dans le temps.

La Figure 6 montre cependant que quelques individus sont plus faiblement liés à la population, avec des indices d'association maximale proches de 0.1. Il s'agit en particulier des individus TT0935 (SRI max = 0.14) et TT0284 (SRI max = 0.14).

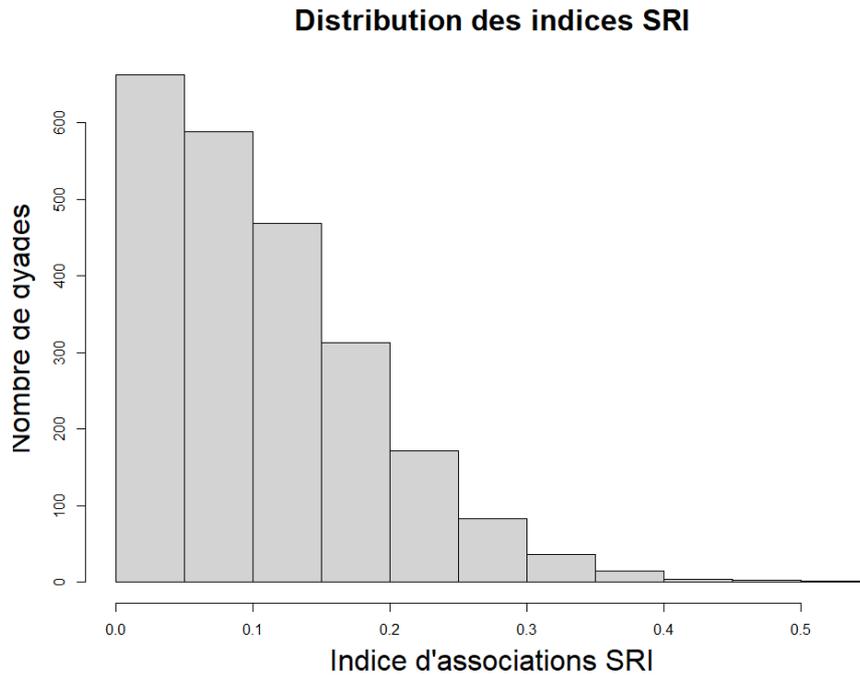


Figure 5 : Distribution des indices d'association SRI de toutes les paires d'individus (dyades) de la population de Molène.

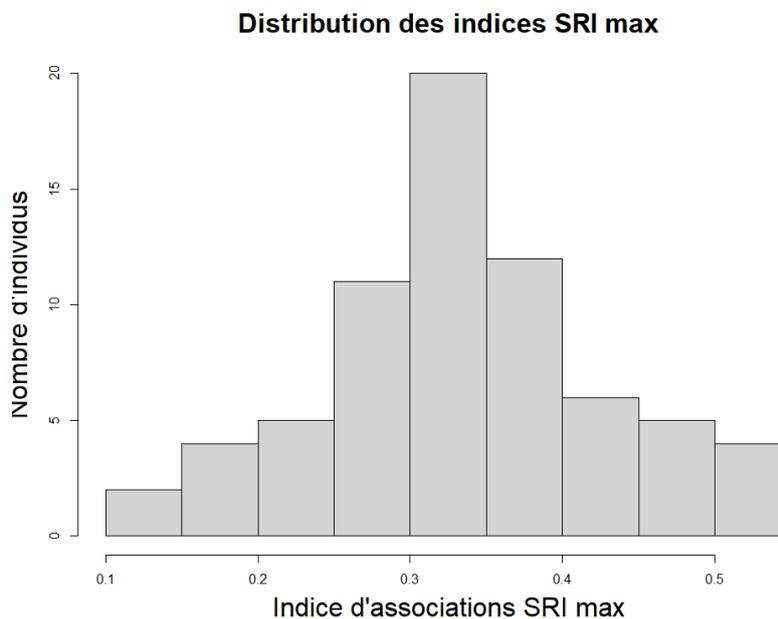


Figure 6 : Distribution des indices d'association SRI maximum pour chaque individu de la population de Molène.

Division en communautés

La méthode de mesure de la modularité propose une division de la population en trois communautés. Cependant, le coefficient de modularité Q est inférieur à 0.3 ($Q=0.10$), cette division n'est donc pas robuste. Il semble que la population de Molène forme une seule communauté.

Variables sociales – individus clés

Les distributions des valeurs obtenues pour les différentes variables sociales sont présentées dans les Figures Figure 7, Figure 8 et Figure 9. Les individus clés identifiés pour chaque variable sont indiqués dans le Tableau 5.

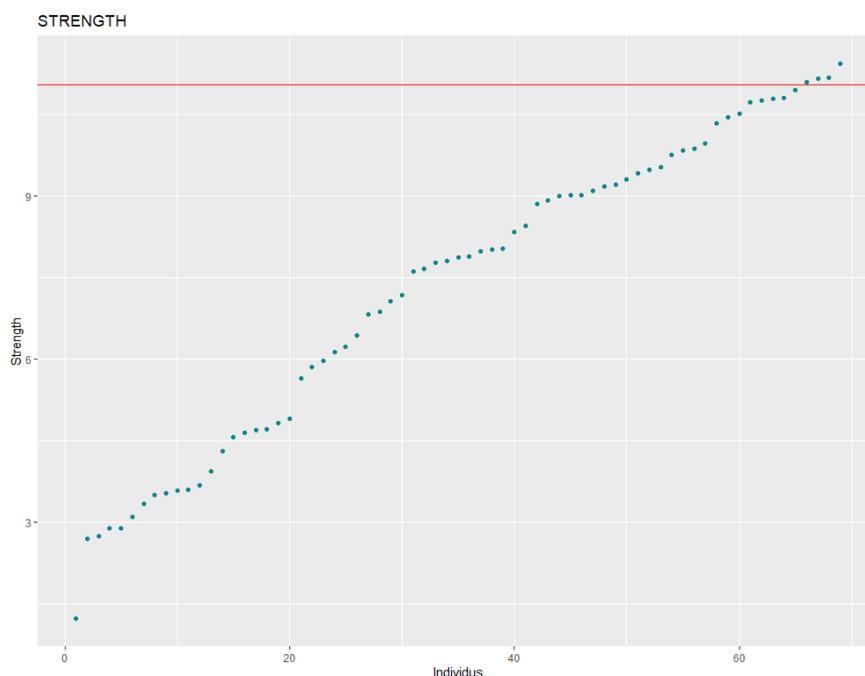


Figure 7 : Représentation de la distribution des individus selon la valeur obtenue pour le Strength (grégarisme). La ligne rouge correspond au seuil de 95% de la distribution des valeurs et permet de sélectionner les individus ayant les valeurs les plus élevées.

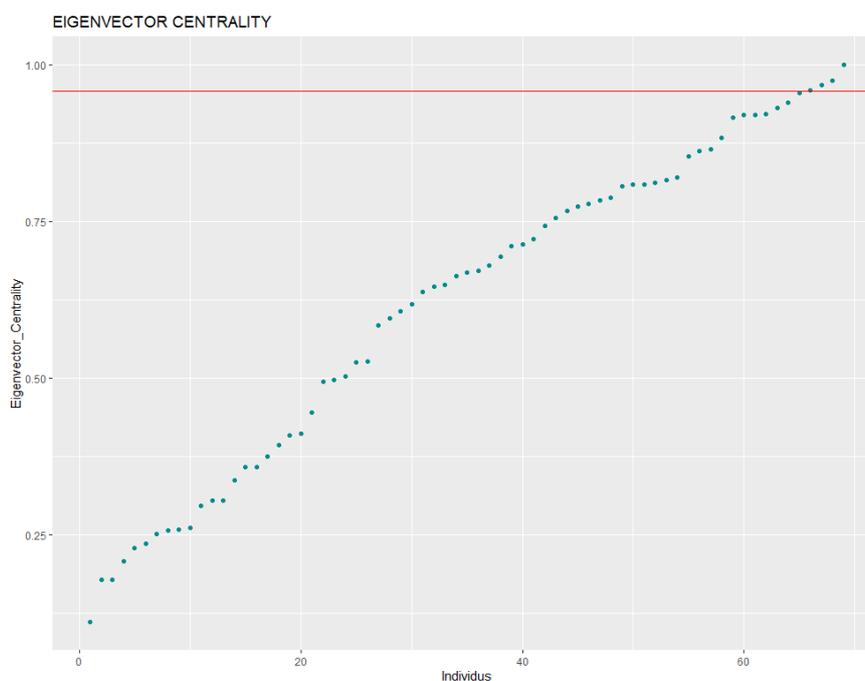


Figure 8 : Représentation de la distribution des individus selon la valeur obtenue pour l'Eigenvector Centrality (centralité). La ligne rouge correspond au seuil de 95% de la distribution des valeurs et permet de sélectionner les individus ayant les valeurs les plus élevées.

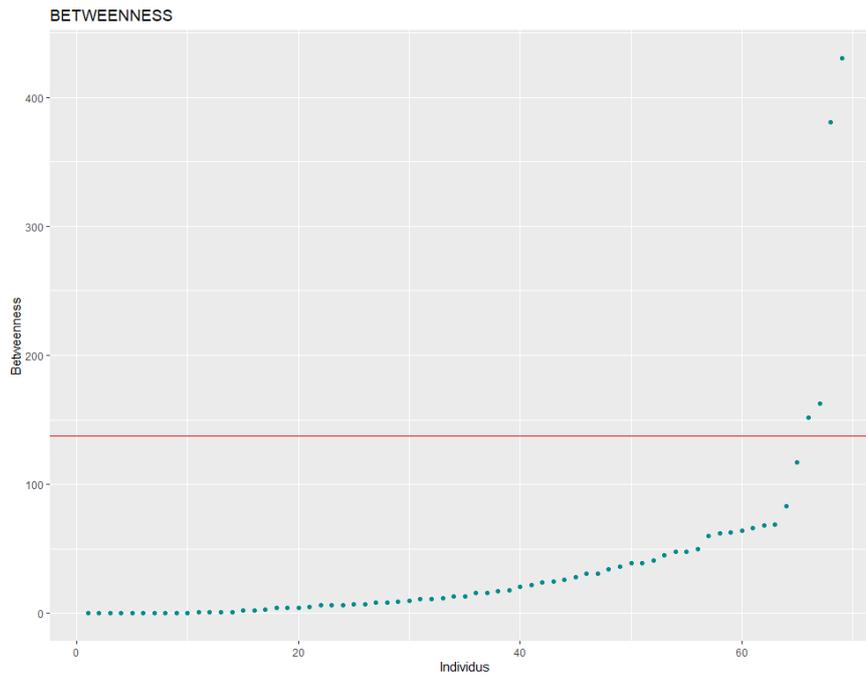


Figure 9 : Représentation de la distribution des individus selon la valeur obtenue pour la Betweenness (cohésion). La ligne rouge correspond au seuil de 95% de la distribution des valeurs et permet de sélectionner les individus ayant les valeurs les plus élevées.

Tableau 5 : Individus clés par variable sociale, individus avec les valeurs des variables sociales au-dessus de 95% de la distribution de ces valeurs.

STRENGTH		EIGENVECTOR CENTRALITY		BETWEENNESS	
Individu	Valeur	Individu	Valeur	Individu	Valeur
TT0515	11.44	TT0515	1.00	TT1409	430.5
TT0508	11.18	TT0508	0.97	TT0555	381.0
TT0535	11.16	TT0321	0.97	TT0545	162.5
TT0321	11.10	TT0296	0.96	TT1049	151.5

La variable *Betweenness* met particulièrement en évidence deux individus : TT1409 et TT0555 (Figure 9). Ces deux individus sont fortement impliqués dans la cohésion de la population.

TT1409



TT0555



Pour l'analyse des critères *Strength* et *Eigenvector Centrality*, on retrouve trois individus clés en commun pour ces deux variables : TT0321, TT0508 et TT0515. Ces trois individus sont hautement grégaires et occupent une position centrale dans le réseau social de la population.

TT0321



TT0508



TT0515



Bilan

La population de grands dauphins de l'archipel de Molène semble en bonne santé du point de vue des paramètres démographiques. La probabilité de survie des adultes est assez élevée (0.89 - IC 95% 0.84-0.93), ce qui est attendu pour une espèce longévive comme le grand dauphin. La taille de la population est stable, potentiellement en légère augmentation (mais ce n'est pas significatif). L'estimation pour l'année 2020 est à interpréter avec précaution du fait des biais liés à la sous-estimation du ratio θ et de la probabilité de détection cette année.

Cette étude a également permis une première analyse de la structure sociale de cette population. Les résultats indiquent que la population est globalement unie et forme une seule communauté sociale. Plusieurs individus ont été identifiés comme des individus clés au sein de la population : TT1409 et TT0555 sont fortement impliqués dans la cohésion de la population, tandis que TT0321, TT0508 et TT0515 sont particulièrement grégaires et occupent une position centrale dans le réseau social.

Bibliographie

Blandel L (2018). Structure sociale des grands dauphins (*Tursiops truncatus*) en mer de la Manche. Rapport de Master 2, Université de Nice Sophia-Antipolis. 36p.

Louis M (2014). Social, ecological and genetic structures of bottlenose dolphins, *Tursiops truncatus*, in the Normano-Breton gulf and in the North-East Atlantic. Thèse de doctorat, Université de la Rochelle, 270 p.

Louis M, Gally F, Barbraud C, Béésau J, Tixier P, Simon-Bouhet B, Rest K Le, Guinet C (2015). Social Structure and Abundance of Coastal Bottlenose Dolphins, *Tursiops truncatus*, in the Normano-Breton Gulf, English Channel. *J Mammal* 96:481–493.