



HAL
open science

La R.O. pour préserver la biodiversité

Alain Billionnet

► **To cite this version:**

Alain Billionnet. La R.O. pour préserver la biodiversité. *Tangente* (Paris), 2020, 75, pp.58-60. hal-03188437

HAL Id: hal-03188437

<https://hal.science/hal-03188437v1>

Submitted on 16 Mar 2022

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

La Recherche Opérationnelle, pour préserver la biodiversité

par Alain Billionnet

La biodiversité, contraction des mots « biologique » et « diversité », représente la diversité des organismes vivants et de leurs milieux de vie. L'érosion de la biodiversité est de plus en plus rapide et sa préservation est devenue un enjeu majeur. De nombreux pays se sont engagés à enrayer cette érosion et ont adopté pour cela différentes stratégies.

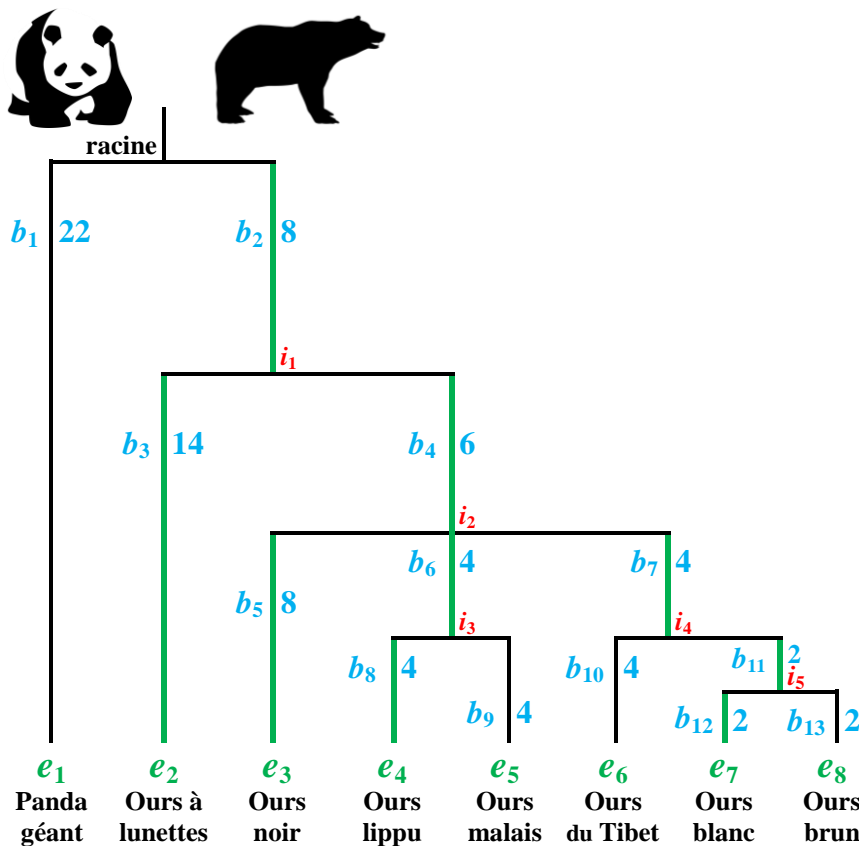
Comment mesurer la biodiversité ?

De nombreux indicateurs peuvent être utilisés pour mesurer la biodiversité d'un site. Par exemple, la *richesse spécifique* mesure le nombre d'espèces différentes présentes sur le site. Nous utilisons ici un indicateur plus riche mais un peu plus complexe, la *diversité phylogénétique* { XE "Diversité phylogénétique" }. Il est fondé sur la notion d'arbre phylogénétique { XE "Arbre phylogénétique" } associé à un ensemble d'espèces et rend compte de l'histoire évolutive { XE "Arbre phylogénétique:histoire évolutive" } de ces espèces. D'après certains spécialistes, le taux de disparition de cette diversité est encore plus important que celui de la disparition de la richesse spécifique.

Prise en compte de l'héritage évolutif des espèces : la Diversité Phylogénétique (DP)

Un arbre phylogénétique, \mathcal{A} (inspiré de [3]) :

8 espèces d'Ours (Ursidae), e_1, e_2, \dots, e_8 , 5 sommets internes, i_1, i_2, \dots, i_5 , et 13 branches, b_1, b_2, \dots, b_{13} , avec leur longueur en millions d'années. La DP des 8 espèces vaut 84. Celle du sous-ensemble $\{e_2, e_3, e_4, e_7\}$ vaut 52 et les branches impliquées dans son calcul sont en vert.



La disparition des 2 espèces e_1 et e_2 est plus préjudiciable à la biodiversité que la disparition des 2 espèces e_4 et e_6 puisque dans le premier cas la DP diminue de 36 et dans le second, de 8.

Un arbre phylogénétique (AP) { XE "Arbre phylogénétique" } est composé d'un sommet racine, de sommets internes, de sommets feuilles qui représentent les espèces et de branches reliant ces différents sommets. Par exemple, dans l'arbre \mathcal{A} ci-contre, la branche b_1 relie la racine à l'espèce e_1 et la branche b_6 relie le sommet interne i_2 au sommet interne i_3 . Il y a une orientation implicite des branches, de la racine vers les feuilles. On peut donc considérer que chaque branche a une extrémité initiale et une extrémité terminale. À chaque branche { XE "Arbre phylogénétique:branche" } est associée une longueur qui reflète, selon le type d'arbre considéré, les changements évolutifs qui se sont produits depuis l'extrémité initiale de la branche jusqu'à son extrémité terminale ou, plus simplement, le temps écoulé entre ses deux extrémités. Elle fournit donc un indicateur global sur la quantité d'évolution que l'on peut associer à la branche. Dans un AP, un sommet possède les caractères communs à tous ses

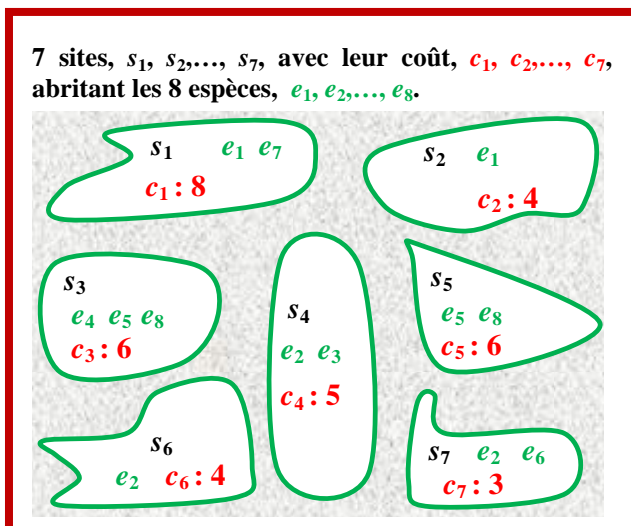
descendants et peut donc être considéré comme un de leurs ancêtres. Parmi les différentes définitions de la DP, nous retenons ici celle de Faith [4] : la DP d'un ensemble d'espèces est égale à la somme des longueurs des branches de l'AP associé à ces espèces ; la DP d'un sous-ensemble de ces espèces est égale à la somme des longueurs de toutes les branches de cet arbre situées « au-dessus » de ces espèces. Une branche est située au-dessus de l'espèce e s'il existe un chemin depuis son extrémité terminale jusqu'à e ; on dit alors que e est située « au-dessous » de cette branche.

Déterminer un ensemble d'espèces de DP maximale est facile

Le problème consistant à déterminer, parmi m espèces, k espèces de DP maximale peut être résolu facilement par un algorithme *glouton* { XE "Diversité phylogénétique:algorithme gourmand" }. Peu de problèmes d'optimisation peuvent être résolus de façon exacte par ce type d'algorithme qui consiste à effectuer à chaque étape un choix *optimal à cette étape*. Cet algorithme débute avec un ensemble vide puis consiste à lui ajouter progressivement k espèces, l'une après l'autre, de la façon suivante : à chaque étape, on ajoute l'espèce e qui maximise la DP de l'ensemble déjà obtenu enrichi de l'espèce e . Cherchons, parmi les 8 espèces ci-dessus, munies de l'arbre \mathcal{A} , un sous-ensemble de 5 espèces de DP maximale. L'algorithme glouton donne, par exemple, les espèces e_1, e_2, e_3, e_4 et e_6 – dans cet ordre – dont la DP est 74. Il y a plusieurs solutions.

Les aires protégées, un rôle primordial

Elles sont terrestres ou maritimes et visent à assurer à chaque espèce ou site menacé un espace où son avenir est garanti.



Par exemple, d'après l'Union Internationale pour la Conservation de la Nature (UICN), les gorilles des montagnes ne vivent plus que dans certaines aires protégées d'Afrique. Comment choisir ces aires ? Les ressources disponibles pour ces aires protégées étant évidemment limitées, il faut les utiliser le mieux possible. L'analyse coût/efficacité est ainsi primordiale.

On s'intéresse à des espèces plus ou moins menacées vivant sur un ensemble de sites. La protection d'un site a un coût qui diffère d'un site à l'autre et couvre des aspects monétaires, écologiques et sociaux. Pour chaque site, on connaît toutes les espèces considérées qui y vivent. Le problème consiste à déterminer un sous-ensemble de sites que nous appellerons pour simplifier la présentation « réserve », de coût inférieur ou égal à une certaine valeur et le plus intéressant possible du point de vue de la

biodiversité. Nous cherchons donc ici une réserve abritant un ensemble d'espèces de DP maximale. Ce problème est dit *NP-difficile* (cf. page xx). Cependant, il peut être aisément abordé et résolu par la programmation mathématique, une branche des mathématiques qui s'intéresse à la recherche de la « meilleure » solution d'un problème, parmi un très grand nombre de solutions possibles.

La programmation mathématique, un outil puissant pour modéliser et résoudre des problèmes d'optimisation complexes

Un programme mathématique consiste généralement à rechercher l'optimum d'une fonction de n variables, appelée fonction objectif ou encore fonction économique et permettant de mesurer la qualité d'une solution. Les variables sont soumises à des contraintes qui, comme la fonction objectif, sont linéaires ou non linéaires (cf. page xx). La programmation mathématique est ainsi un cadre très général pour aborder les problèmes d'optimisation dans de nombreux domaines. Un de ses atouts – par rapport à d'autres approches permettant de résoudre des problèmes d'optimisation – est sa souplesse puisqu'il est très facile de modifier la fonction économique ainsi que les contraintes si cela s'avère nécessaire. La mise en œuvre informatique de cette approche est particulièrement simple en utilisant un langage de modélisation couplé à un solveur et de puissants langages de ce type ainsi que des solveurs extrêmement efficaces sont disponibles. Notons cependant que le fait de pouvoir formuler un problème sous la forme d'un programme mathématique n'implique pas qu'il puisse être résolu en un temps raisonnable.

Choix d'une réserve de diversité phylogénétique maximale

Connaissant l'AP associé à un ensemble d'espèces, e_1, e_2, \dots, e_m , vivant sur un ensemble de sites, s_1, s_2, \dots, s_n , comment déterminer une réserve optimale, c'est-à-dire une réserve de coût inférieur ou égal au budget disponible, B , et abritant un ensemble d'espèces de DP maximale ? On note b_1, b_2, \dots, b_p les branches de l'arbre, $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_p$ les longueurs correspondantes, c_i le coût de protection du site s_i et $S(k)$ l'ensemble des indices des sites abritant l'espèce e_k . Soit x_i la variable booléenne qui vaut 1 si le site s_i est retenu pour former la réserve et 0 sinon. Soit y_k la variable booléenne qui vaut 1 si et seulement si l'espèce e_k vit dans cette réserve. Afin d'exprimer la DP des espèces présentes dans la réserve en fonction des variables y_k on utilise une variable booléenne supplémentaire, t_j , qui vaut 1 si et seulement si la branche b_j contribue à cette DP. Cela est le cas si et seulement s'il existe un chemin de l'extrémité terminale de b_j vers au moins une des espèces protégées, c'est-à-dire une espèce e_k telle que $y_k=1$. On a donc $t_j = \min\{\sum_{k \in F(j)} y_k, 1\}$ où $F(j)$ désigne l'ensemble des indices des feuilles de l'arbre – des espèces – situées au-dessous de b_j . Le problème posé peut alors être formulé par le programme linéaire en variables booléennes P₁ XE "Programmation linéaire:en variables booléennes" }.

maximiser $D(t) = \sum_{j=1,p} \lambda_j t_j$
sous les contraintes

P :

- (1) : $\sum_{i=1,n} c_i x_i \leq B$
- (2) : $y_k \leq \sum_{i \in S(k)} x_i \quad (k=1, \dots, m)$
- (3) : $t_j \leq \sum_{k \in F(j)} y_k \quad (j=1, \dots, p)$
- (4) : $t_1, \dots, t_p, x_1, \dots, x_n, y_1, \dots, y_m \in \{0, 1\}$

La fonction économique, $D(t)$, exprime la somme des longueurs de toutes les branches situées au-dessus des espèces protégées et donc la DP de ces espèces. D'après (1), le coût de protection de la réserve ne doit pas dépasser B . D'après (2) et (4), la variable booléenne y_k ne peut prendre la valeur 1 que si l'espèce e_k est présente dans au moins un des sites sélectionnés. A cause de (3), de (4) et du fait que l'on cherche à maximiser $D(t)$, la variable booléenne t_j prend, à l'optimum de P, la valeur $\min\{\sum_{k \in F(j)} y_k, 1\}$.

Le décideur sait ainsi que, compte tenu de la contrainte budgétaire, la meilleure solution consiste à protéger les sites s_i tels que $x_i=1$ dans une solution optimale de P.

Nous avons présenté un exemple simplifié de démarche scientifique, fondée sur la Recherche Opérationnelle, permettant d'aider les décideurs confrontés à des problèmes d'optimisation liés à la préservation de la biodiversité, problèmes extrêmement nombreux et variés. Faute de place, la notion d'incertitude n'apparaît pas ici. Elle est cependant souvent à prendre en compte dans les politiques de protection de la nature. Enfin, une collaboration étroite entre « théoriciens » et « praticiens » est nécessaire durant toutes les étapes d'un projet visant à préserver la biodiversité.

P appliqué aux sites s_1, \dots, s_7 et à l'arbre phylogénétique \mathcal{A} avec un budget de 12 unités

maximiser $22t_1 + 8t_2 + \dots + 2t_{13}$
sous les contraintes
 $8x_1 + 4x_2 + \dots + 3x_7 \leq 12$
 $y_1 \leq x_1 + x_2$
 $y_2 \leq x_4 + x_6 + x_7$
 ...
 $y_8 \leq x_3 + x_5$
 $t_1 \leq y_1$
 $t_2 \leq y_2 + y_3 + y_4 + y_5 + y_6 + y_7 + y_8$
 ...
 $t_{13} \leq y_8$
 $x_1, x_2, \dots, x_7, y_1, y_2, \dots, y_8, t_1, t_2, \dots, t_{13} \in \{0, 1\}$

Réserve optimale : s_2, s_4, s_7

Coût : 12

Espèces protégées : e_1, e_2, e_3, e_6

DP : 66

Ainsi, il n'existe pas de réserve de coût inférieur ou égal à 12 et de DP supérieure à 66.

Quelques secondes de calcul suffisent pour résoudre le problème avec une centaine de sites, un millier d'espèces et plusieurs milliers de branches dans l'arbre associé.

Notons que s_3 et s_7 forment une réserve de *richesse spécifique* maximale; elle coûte 9 et protège 5 espèces de DP 52. Le programme mathématique associé à ce problème est obtenu à partir de P en remplaçant la fonction économique par $R(y) = \sum_{k=1,m} y_k$ et en supprimant les contraintes (3) et toutes les variables t_j .

Références

1. Billionnet, A. 2007. Optimisation discrète. Dunod.
2. Billionnet, A. 2013. Mathematical optimization ideas for biodiversity conservation. EJOR, 231, 514-534.
3. Bininda-Emonds, O.R.P., Gittleman, J.L., Purvis, A. 1999. Building large trees by combining phylogenetic information: A complete phylogeny of the extant Carnivora (Mammalia). Biological Reviews, 74, 143-175.
4. Faith, D.P. 1992. Conservation evaluation and phylogenetic diversity. Biological Conservation, 61, 1-10.
5. Pellens, R., Grandcolas, P. (Editors). 2016. Biodiversity conservation and phylogenetic systematics: Preserving our evolutionary heritage in an extinction crisis. Springer.