



HAL
open science

Écologie et conservation d'une espèce endémique à la Martinique, le Moqueur gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*).

Steven Son

► **To cite this version:**

Steven Son. Écologie et conservation d'une espèce endémique à la Martinique, le Moqueur gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*).. Biodiversité et Ecologie. Université des Antilles, 2020. Français. NNT: . tel-03330971

HAL Id: tel-03330971

<https://hal.science/tel-03330971v1>

Submitted on 1 Sep 2021

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.



Université des Antilles

École doctorale pluridisciplinaire ED 589

Milieu insulaire tropical à risques : Protection, Valorisation, santé et développement.

Thèse

Présentée pour l'obtention du titre de

DOCTEUR DE L'UNIVERSITE DES ANTILLES

Mention : « Biologie et Physiologie des organismes et des populations »

Par **Steven SON**

ÉCOLOGIE ET CONSERVATION D'UNE ESPECE ENDEMIQUE A LA MARTINIQUE, LE MOQUEUR GORGE-BLANCHE (*RAMPHOCINCLUS BRACHYURUS BRACHYURUS*).

Soutenue le 03/12/2020 à Faculté de Droit et Economie (Campus de Schoelcher).

Membres du jury :

Rapporteurs : Mr Vincent BRETAGNOLLES
Mr Philippe FELDMANN

Directeur de recherches, CNRS, Villiers-en-Bois
Directeur de recherches, CIRAD, Montpellier

Examineurs : Mme Cécile RICHARD-HANSEN
Mr Olivier GROS
Mr Justin DANIEL
Mr Pascal-Jean LOPEZ

Chercheur, ONCFS, Juvignac
PR, Université des Antilles, Guadeloupe
PR, Université des Antilles, Martinique
Directeur de recherches, CNRS, Paris

Mr Daniel IMBERT

MCF HDR, Université des Antilles, Guadeloupe
Directeur de thèse

Mr Jean-Raphaël GROS-DÉSORMEAUX Chargé de recherche, CNRS, Martinique

Co-encadrant de thèse

À mon grand-père M. Edouard SON surnommé « Estivin' », qui aura tout donné pour sa famille et ses enfants.

Vous arrivez devant la nature avec des théories, la nature flanque tout par terre.

Pierre-Auguste Renoir

Le seul savoir qui influence vraiment le comportement, c'est celui qu'on a découvert et qu'on s'est approprié soi-même.

Carl Rogers

La nature hait l'uniformité et aime la diversité. C'est là peut-être que se reconnaît son génie.

Bernard Werber. **Les Fourmis.**

Remerciements

Après trois années dans cette grande aventure qu'est la thèse et de nombreuses réflexions sur les conditions de vie des doctorants, on comprend qu'il s'agit d'une étape difficile à mener, et voire même impossible à mener seul. Par conséquent, je voudrais dans cette partie remercier l'ensemble des personnes qui ont rendu cette recherche possible par leur participation.

Je voudrais dans un premier temps remercier les personnes qui ont accepté de juger ce travail de recherche, qui m'ont fait des retours, et dont les conseils me permettront de progresser.

Je souhaite exprimer ma gratitude à mon directeur de thèse, Daniel Imbert, pour ses précieux conseils, son sérieux, sa réactivité, son immense patience, et ses remarques formatrices qui m'ont permis d'avoir une réflexion sur la démarche scientifique et la pertinence des méthodes employées. Malgré la distance entre les deux pôles de l'Université des Antilles, il a toujours été disponible en cas de soucis et je l'en remercie.

Je souhaite remercier plus particulièrement mon co-directeur de thèse, Jean-Raphaël Gros-Désormeaux, pour le temps passé sur le terrain (à me bizuter ou à me retrouver perdu dans la forêt) alors que les nombreuses responsabilités ne cessaient de croître pour lui, pour sa gentillesse, sa disponibilité, son implication, pour son soutien dans les moments les plus difficiles, pour les moments de joie, pour ses conseils non seulement pour la thèse mais aussi pour ma vie future, pour m'avoir appris à redécouvrir la culture de mon île avec des discussions riches, pour m'avoir motivé même lorsque les missions étaient difficiles et stressantes, pour avoir sacrifié bien des jours fériés, pour des heures de réflexion, pour les moments où il m'a aidé et pour tous les repas qu'il m'a payé en attendant mon financement de deuxième année. Jean-Raphaël, des remerciements spéciaux sont de rigueur car ton implication au cours de ces années a été quelque chose de remarquable et d'unique. Une dame que nous connaissons tous les deux m'a dit un jour que «c'est le Seigneur qui t'a mis sur ma route car il ne dort pas ! », ce qui montre que ton implication dans mon travail de recherche a été la plus complète possible. Merci pour tout.

Je remercie aussi les organismes qui ont rendu cette recherche possible. Ainsi, je remercie tout d'abord, la Collectivité Territoriale de la Martinique pour son financement et la confiance portée à la jeunesse de notre pays, même si les formalités administratives universitaires restent complexes et ralentissent souvent les financements. Je voudrais également remercier Madame Aurélie Nélla et son équipe, sans qui cette recherche aurait cessé à la fin de la première année.

Je voudrais remercier l'Association Caribaea Initiative pour son soutien financier dans le cadre de missions et de formations scientifiques au cours des différents Workshop dans la Caraïbe. Merci au président de l'association, Frank Cézilly, qui m'aura soutenu au cours du Master 2 et qui m'a présenté ce sujet de thèse. Ses conseils avisés, son implication et son fort intérêt pour former des jeunes dans la Caraïbe donnent l'espoir d'une amélioration pour le futur de la recherche dans cette zone. Un grand merci à Caribaea Initiative de permettre à des jeunes passionnés de pouvoir réaliser leur passion. Je remercie

également tous les étudiants de Caribaea Initiative rencontrés et tout particulièrement Christopher Cambrone pour son aide et son sérieux, tous mes vœux de réussite pour ta thèse.

Des remerciements spéciaux pour Sébastien Motreuil et ses enfants qui m'auront aidé et soutenu au cours des missions de capture. Je remercie Sébastien pour sa formation, sa rigueur de terrain, ses astuces. Finalement, je ne suis pas devenu un ermite fou à la recherche des moqueurs gorge-blanche, j'ai plus de barbe qu'au début de la thèse mais je pense que c'est encore raisonnable. Merci pour tout.

Je voudrais remercier le Laboratoire Caribéen de Sciences Sociales (L.C.2.S.) de m'avoir si bien accueilli et intégré. Merci au Professeur Justin Daniel pour ses remarques avisées, pour les discussions et les explications sur le fonctionnement de nombreuses institutions. Votre passion pour la photographie m'a donné envie de comprendre comment sont réalisées les plus belles photos. J'espère un jour atteindre un niveau de connaissance tel que le vôtre sur bien des aspects.

Je remercie la gestionnaire du laboratoire Pascale Campus qui au cours de ces trois années m'aura accompagné. Pour ta gentillesse, ta bonne humeur, ton franc parler, nos rires et ton implication continuelle à ce que l'on réussisse, un grand merci à toi. Malgré ton immense charge de travail, ta volonté et tes actions pour nous permettre de travailler et nous faire avancer sont toujours présentes. Comme dirait Dimitri, « tu es la Maman qui s'occupe des petits ». Merci encore.

Je remercie Jonathan Priam pour son aide, ses méthodes de travail, ses connaissances sur de nombreux logiciels et matériels informatiques, mais aussi pour sa conscience professionnelle, les moments de délire au coin repas, ses 'tips et astuces' et infos nouvelles, son esprit vif, sa bonne humeur et ses coups de stress. Le trio « BUvette - Géant - Douceur Créole » aura rythmé ces deux dernières années, ta complicité et ta volonté de l'excellence m'auront motivé à me dépasser également.

Je voudrais remercier Karine Gali et Isabelle Vestris, qui après les avoir rencontrées donnent envie de devenir juriste ou au moins de s'intéresser fortement au Droit. Karine, désolé pour ta voiture, mais un énorme merci pour toutes les discussions et les encouragements, ta volonté de faire fonctionner les institutions et ton implication pour les étudiants m'ont fait comprendre que même lorsque tout fonctionne mal, des personnes se sacrifient et se battent pour les eux. Isabelle, merci pour cette bonne humeur, pour les discussions endiablées avec Rodolphe et pour les fous rires. Je ne pouvais te remercier sans citer la « Divine Providence » qui fait que tout arrive pour un bien, n'est-ce pas ?

Je voudrais remercier Rodolphe Solbiac qui par ses discussions m'a remémoré et appris ce qu'était l'identité Caribéenne. Par ses discours d'une structure remarquable, par l'utilisation de tournures discursives, conceptuelles, méthodologiques, m'a fait comprendre l'importance du discours, des mots, des mimiques, actions et postures. Nos échanges conceptuels avec Jean-Raphaël, ont contribué à mûrir ma réflexion, ont développé mon discernement, et m'ont permis de mieux comprendre les comportements et surtout à mieux connaître la culture martiniquaise. Les principes de « Programmateur culturel », de « systèmes » et des problèmes qu'ils entraînent auront été le carburant alimentant le moteur de ma compréhension des comportements humains.

Je voudrais remercier Cédric, Thibault et Mélanie rencontrés cette dernière année et dont la bonne humeur et les conseils m'auront motivé à achever ce manuscrit.

Je voudrais remercier toutes les autres personnes que j'ai rencontrées à la faculté des lettres et sciences humaines, que je n'ai pas citées et qui se reconnaîtront.

Je remercie le Parc Naturel Régional de la Martinique qui par l'action de nombreuses personnes a permis la réalisation de cette recherche. Parmi elles je voudrais remercier le conservateur des réserves naturelles nationales Laurent Louis-Jean ainsi que Jean-Claude Nicolas pour la collaboration menée dans le cadre de ces missions.

Je voudrais adresser des remerciements particuliers à Thomas Alexandrine, pour son sérieux, sa ponctualité, son intérêt, sa passion pour son travail, sa patience, le temps passé sur le terrain au cours des missions de captures, de prospections et d'identifications, sans qui la majorité des données n'auraient pas été recueillies et sans qui cette recherche n'aurait pas été aussi loin. Pour les bons moments et les rigolades avec « tonton Paco » que je remercie également. Tonton Paco, on se croiera peut-être un jour à Trinidad!

Je remercie aussi Christophe Auguste pour son sérieux sur le terrain, pour ses identifications précieuses, pour ses connaissances naturalistes dans beaucoup de domaines. Si un jour on doit renommer le Courbaril, j'aurais proposé comme nom scientifique le *Christophus Augustus* !

Mes remerciements vont aussi à toute l'équipe qui a participé au recueil de données, je citerai Bruno (le Badboy), Yoann (merci de m'avoir fait découvrir Shingeki no Kyojin) et Livia, merci encore pour votre sérieux et votre bonne humeur.

Un grand merci aux gars du Château Dubuc, qui lorsque je sortais des bois trouvaient toujours le moyen de nous faire rire et qui auront également participé aux missions à leur façon. Merci pour les cafés et les floups, qui auront été bien utiles.

Merci également aux personnes avec qui j'ai collaboré en dehors de ces organisations. Je remercie Alexis Georges Tayalay, pour ses conseils, ses méthodes de terrain qui m'auront évité bien des ennuis, pour le matériel prêté ainsi que pour le logement. Je reste convaincu que vous êtes la personne qui connaît le mieux les moqueurs gorge-blanche. Je remercie aussi l'association le Carouge pour leur collaboration, leur passion et leur efficacité.

Je voudrais remercier Patrick Berrebi, pour ses explications, pour le temps pris sur les analyses génétiques et avec qui la collaboration aura été fructueuse, riche conceptuellement et humainement. Je remercie le laboratoire Biosphère, et particulièrement Madame Juliette Smith-Ravin qui m'aura accordé l'accès au laboratoire pour la préparation des échantillons sanguins. Je remercie l'ensemble des doctorants que j'aurai croisé au cours de ces trois années, j'espère que vous arriverez tous sans exception à achever cette merveilleuse aventure qu'est la thèse.

Merci aux quelques stagiaires que j'ai encadrés, qui ont fait preuve de sérieux et d'écoute.

Maintenant que j'ai remercié l'ensemble des personnes du « monde du travail » qui m'ont aidé à la réalisation de cette thèse, il est temps de passer aux remerciements des personnes qui m'ont soutenu dans ma vie privée, ma famille.

Je commence par la personne à l'origine de ma propre personne, à ma maman Rita j'adresse les plus grands remerciements. A toi qui as toujours été là, qui m'a accompagné, qui t'es inquiétée, qui t'es impliquée, qui n'as eu de cesse de me soutenir tous les matins et tous les soirs, qui est la personne qui a le plus investi et qui a cru en moi (je pense qu'une page de remerciements ne suffirait pas), merci infiniment.

Je remercie également mes frères et leurs compagnes pour leur soutien et l'intérêt porté à mon travail au cours de ces trois dernières années.

À Eddy qui n'a eu de cesse de faire des navettes, de veiller et de me dépanner tout le temps, de me faire sortir certains dimanches ou pour les soirées de carnaval et qui m'a empêché de passer certains Noël seuls, un grand merci. À Ralph, qui aura compris que galérer dans la forêt n'était pas mon activité favorite. À Jean-Marc, merci pour ses discussions scientifiques. À Sébastien, merci pour tes conseils, ton dernier sur la rédaction des remerciements m'aura bien servi!

Je voudrais remercier une personne qui sur son lit m'a soutenu toutes ces années et qui a une capacité impressionnante pour observer les petits oiseaux, à ma grand-mère Agathe SON. ManzeF je te remercie pour tout.

Je remercie mon oncle Patrick, pour son aide et son savoir-faire. Malheureusement comme tu l'as remarqué tonton, même lorsque j'essaie de piéger autre chose que des oiseaux, je n'attrape que des oiseaux !

Je remercie aussi Marie-Ange pour son intérêt pour sa passion des oiseaux, qui aura nourrit la mienne avec ses observations, ses questions et ses remarques.

Je remercie Carole pour ses encouragements. À mon parrain Daniel et ma marraine Christiane, je pourrai maintenant passer vous voir plus souvent.

Je remercie Nathalie pour son accueil, ses barbecues et ses choucroutes, qui m'ont « reboosté » et Aurélien pour les moments de détente et de gaming.

Je remercierai aussi toutes les autres personnes de ma famille qui m'ont soutenu et qui se reconnaîtront. Ainsi que toutes les personnes qui m'ont encouragé de diverses manières, de près ou de loin.

Enfin, cette recherche n'aurait jamais vu le jour sans une personne qui me supporte, me soutient, m'aide, me conseille, m'écoute, et me comprend depuis plus de cinq ans et avec qui je partage bien plus de choses qu'avec quiconque, qui n'a jamais cessé de croire en moi-même à plus de 6000 kilomètres de distance parfois. À ma chérie et tout fraîchement Docteure, Mélanie ROLAND qui après autant d'années et de difficultés pense toujours à moi, un énorme merci du fond du cœur.

Cette thèse, aura nécessité l'aide et la participation d'une longue liste de personnes, d'un point de vue anthropocentré, traditionnellement, on ne remercie que les personnes humaines mais je voudrais dans une démarche socio-écocentrée remercier l'ensemble des organismes vivants que j'ai côtoyé tout au long de ces années. Je remercierai donc, les moqueurs gorge-blanc (*Ramphocinclus brachyurus*), les Gros becs (*Saltator albicollis*), les Sporophiles rouge-gorge (*Loxigila noctis*), les Sporophiles cici (*Tiaris bicolor*), les Parulines jaune (*Setophaga petechia*), les Sucriers à ventre jaune (*Coereba flaveola*), les Carouges (*Icterus bonana*), les Merles à lunettes (*Turdus nudigenis*), les Merles quiscales (*Quiscalus lugubris*), les

Coulicou Manioc (*Coccyzus minor*), les Tourterelles à queue carrées (*Zenaida aurita*), les Tyrans gris (*Tyrannus dominicensis*), les Colibris Huppés (*Orthorhyncus cristatus*), les Colibris madère (*Eulampis jugularis*), ainsi que toutes les espèces d'oiseaux de passage, tombés dans nos filets.

Cette période où j'ai côtoyé ces espèces m'a fait comprendre le comportement du personnage de Bring M. Backalive à la recherche du Marsupilami. Je ne comprenais pas pourquoi ce personnage n'abandonnait jamais malgré toutes les péripéties qu'il subissait. Je comprends à présent que pour atteindre les objectifs que l'on se fixe, il est plus que nécessaire de faire preuve d'autant de ténacité que lui.

Un grand merci à tous.

Sommaire

Introduction	15
PARTIE 1 : Construction scientifique d'un enjeu de conservation	24
Chapitre 1 : Cadrage conceptuel et théorique	25
1.1. Liminaire	25
1.2. Morphologie : une variable d'évaluation de la condition corporelle.	29
1.3. Démécologie : la nécessité d'évaluer les effectifs de l'espèce.....	30
1.4. La connaissance des sites de nutrition et de nidification : un impératif pour la conservation de l'espèce.....	36
Chapitre 2 : Contexte historique de la production de savoir sur le Moqueur gorge-blanche.	39
2.1. Construction d'un enjeu de conservation.	41
2.2. État de l'art de la production de savoir sur le Moqueur	43
2.3 Présentation du modèle "sociobiologique"	51
Chapitre 3 : Contexte socio-écologique du site d'étude.....	58
3.1. La Réserve naturelle de la Caravelle.....	60
3.2. Les écotopes du Moqueur gorge-blanche.....	64
PARTIE 2 : Matériel et méthodes de recherche.....	68
Chapitre 4 : Sites d'étude et échantillonnage.	69
4.1.Capture-marquage Recapture (C.M.R.)	69
4.2. Évaluation de l'habitat	74
Chapitre 5 : Évaluation démographique.....	76
5.1. Géotypages et sexages.....	76
5.2. Estimation de la taille de la population (<i>NC</i>).	78
5.3. Évaluation de la diversité génétique.....	78
5.4. Estimation de l'effectif efficace (<i>Ne</i>).	81
Chapitre 6 : Évaluation de la condition corporelle.....	82

Chapitre 7 : Évaluation des conditions de nidification et d'alimentation	85
7.1. Les conditions de nidification	85
7.2. Les conditions d'alimentation	88
PARTIE 3 : Résultats et discussion.....	93
Chapitre 8 : Résultats de la recherche	94
8.1. Évaluation démographique.....	95
8.2. Évaluation de la condition corporelle.....	105
8.3. Évaluation des conditions de nidification et d'alimentation	117
Chapitre 9: Discussion	126
9.1. Des limites méthodologiques	126
9.2. Des effectifs particulièrement faibles.....	129
9.3. L'existence d'une unique population.....	133
9.4. Une absence de dimorphisme sexuel	136
9.5. Des conditions de nidification et d'alimentation précaires	139
9.6. Une espèce en "danger critique d'extinction"	143
Conclusion générale	146
Bibliographie	152
Annexes.....	168
Annexe 1: La nomenclature internationale des Aires protégées dans les Petites Antilles	168
Annexe 2 : Arrêté de création de la Réserve naturelle nationale de la Caravelle (R.N.N.C.).	
.....	172
Annexe 3 : Catégories de l'Union internationale pour la conservation de la nature	
(U.I.C.N.).	174
Annexe 4: Corpus de documents traitant de l'étude du Moqueur gorge-blanche (<i>R.</i>	
<i>brachyurus</i>).	175
Annexe 5 : Codes couleurs employés pour le marquage des moqueurs gorge-blanche (<i>R. b.</i>	
<i>brachyurus</i>).	176
Annexe 6 : Conception de l'indice de masse échelonnée	179

Annexe 7: Données biométriques historiques de spécimens de Moqueur gorge-blanche.	182
Annexe 8 : Prises de mesures morphologiques.....	183
Annexe 9 : Données de captures pour le Moqueur gorge-blanche par Son <i>et al.</i> (2016-2018).	188
Annexe 10 : Distribution des tailles de becs.	190
Annexe 11 : Données de captures de Tayalay <i>et al.</i> (1994-2005) et de Belfan et Condé (2006-2015).....	191
Annexe 12: Tests de normalité sur les valeurs de becs. Des tentatives de transformation ont été réalisées.	193
Annexe 13 : Génotypages microsatellite de 69 moqueurs gorge-blanche capturés.	194
Annexe 14 : Rapport Génome-Recherche & Diagnostique	196
Annexe 15 : Scripts R produits au cours de la recherche.....	218

Table des Figures

Figure 1 : Situation de panmixie. Population dans laquelle la consanguinité est totalement absente et le croisement des individus se fait au hasard. A et a sont deux allèles d'un locus et p et q sont respectivement les fréquences de ces allèles dans une population. Extrait de David et Samadi (2011).	33
Figure 2 : Illustration de cas de reproduction pour des génotypes proches.. Adapté de David et Samadi (2011).	34
Figure 3 : Pourcentages de couverture textuelle des savoirs rationalisés institutionnels existants pour le Moqueur gorge-blanche (<i>Ramphocinclus brachyurus</i>) en fonction des sources analysées.	47
Figure 4 : Pourcentage de couverture textuelle des savoirs d'usage basés sur l'expérience pour le Moqueur gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) en fonction des documents analysés.	48
Figure 5: Frise chronologique retraçant l'histoire naturelle et les événements historiques scientifiques marquant pour le Moqueur gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>).	49
Figure 6 : Mangouste de Java (<i>Herpestes javanicus auropunctatus</i>). Deux individus observés à proximité du lieu-dit « Château Dubuc ». Conception : Steven SON. Sources : PNRM & CNRS (2016).	54
Figure 7 : Rat se nourrissant d'œufs de Moqueur gorge-blanche. Capture d'écran de vidéo nocturne enregistrée à l'aide de pièges photographiques Reconyx XR6. Conception : Thomas Alexandrine. Propriété de DiSC (Dispositif de suivi des changements), Source : PNRM & CNRS (2018).	55
Figure 8 : Rat accédant au nid de Moqueur gorge-blanche en passant par les branches d'un arbre avoisinant. Capture d'écran de vidéo nocturne enregistré à l'aide de pièges photographiques Reconyx XR6. Conception : Thomas Alexandrine. Propriété de DiSC (Dispositif de suivi des changements), Source : PNRM et CNRS (2018).	56
Figure 9 : Manicou accédant par le tronc au nid de Moqueur gorge-blanche. . Capture d'écran de vidéo nocturne enregistré à l'aide de pièges photographiques Reconyx XR6. Conception : Thomas Alexandrine. Propriété de DiSC (Dispositif de suivi des changements), Source : PNRM et CNRS (2018).	57
Figure 10 : Image satellite de la Presqu'île de la Caravelle en Martinique.	60
Figure 11 : Sites d'étude pour le Moqueur gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>). En vert, le territoire terrestre de la R.N.N.C.	62
Figure 12 : « Hotspots » du Moqueur gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) sur la presqu'île de la Caravelle (Béranger et Gros-Désormeaux, 2013).	65
Figure 13 : Carte des lits de cours d'eau temporaires de la Presqu'île de la Caravelle. Cheula et al. 2010.	66
Figure 14 : Sites de captures du Moqueur gorge-blanche en Martinique. En vert, la Réserve naturelle nationale de la Caravelle. En orange, forêt du Morne Pavillon et d'Anse Spoutourne. Carte de l'IGN ; tous droits réservés.	71
Figure 15 : Moqueur gorge-blanche marqué. À gauche, individu marqué à l'aide de marques plastiques colorées. À droite, individu marqué à l'aide de marques métalliques colorées.	73
Figure 16 : Nid de Moqueur gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) porté par un merisier (<i>Myrcia citrifolia</i>). Le repère jaune mesure 25 centimètres de longueur.	75
Figure 17 : Nid actif de Moqueur gorge-blanche. Ici le nid est occupé par un jeune et un œuf. Prise de vue : Thomas Alexandrine (2019).	86
Figure 18 : Graphique des individus de l'AFC représentant les 63 moqueurs capturés et présentant les mâles en bleu et les femelles en jaune. Trois individus sont excentrés à cause de génotypes rares (Inertie des axes: 1 = 15,24%; 2 = 10,67%; 3 = 10,19%).	98
Figure 19 : Graphique des individus de l'AFC sans les trois individus excentrés par leur génotype rare.	99
Figure 20 : Graphique des individus de l'AFC distinguant les deux localités de capture de Château Dubuc (Château Dubuc = vert foncé, Balata = vert clair) et les deux localités de l'Anse Spoutourne (orange foncé = Anse Spoutourne, orange clair = Morne Pavillon).	99
Figure 21 : Résultat d'analyse d'assignation. Chaque groupe formé génétiquement est représenté par une couleur. En abscisses sont représentés les différents sites d'échantillonnage (1 = Château Dubuc; 2 = Balata; 3 = Anse Spoutourne; 4 = Morne Pavillon).	100

Figure 22 : Résultats de l'analyse de parentage. Les moqueurs sont séparés par sexe et désignés par leur numéro (M69) puis par leur sexe (M696M est un mâle) puis par les sites de capture (D = intérieur de la R.N.N.C. et S = extérieur de la R.N.N.C.) et l'année de capture. Sur ces résultats sont représentées deux informations. La première matérialisée par les losanges orange représente les liens de parenté du 1er degré (« Full sibs ») et la seconde matérialisée par des triangles verts représente les liens de parenté du 2nd degré (« Half sibs »). La zone jaune identifie des individus de la première famille considérée alors que ceux de la zone non colorée appartiennent à une deuxième famille. _____	101
Figure 23 : Masses moyennes (en g) mesurées pour les moqueurs gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) entre les deux sites d'échantillonnage pour la période entre 1994 et 2005. _____	106
Figure 24 : Mesures moyennes d'ailes (en mm) de moqueurs gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) entre les deux sites d'échantillonnage pour la période entre 1994 et 2005. _____	106
Figure 25 : Mesures moyennes de longueur de becs (en mm) pour le Moqueur gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) entre les deux sites d'échantillonnage pour la période entre 1994 et 2005. _____	107
Figure 26 : Mesures moyennes de longueurs de tarse (en mm) pour les moqueurs gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) entre les deux sites d'échantillonnage pour la période entre 1994 et 2005. _____	107
Figure 27 : Longueurs d'ailes moyennes de Moqueur gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) représentées en fonction de l'année de mesure (2005-2016). Les longueurs d'ailes sont exprimées en millimètres. _____	109
Figure 28 : Masses moyennes (en g) mesurées pour des moqueurs gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) entre les deux sites d'échantillonnage pour la période entre 2016 et 2018. _____	110
Figure 29 : Longueurs moyennes d'ailes mesurées pour des moqueurs gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) entre les deux sites d'échantillonnage pour la période entre 2016 et 2018. _____	111
Figure 30 : Longueurs moyennes de becs mesurées pour des moqueurs gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) entre les deux sites d'échantillonnage pour la période entre 2016 et 2018. _____	111
Figure 31 : Longueurs moyennes de tarse (en mm) pour des moqueurs gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) entre les deux sites d'échantillonnage pour la période entre 2016 et 2018. _____	112
Figure 32 : Représentation des masses moyennes mesurées chez des moqueurs gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) entre 1994 et 2018. « TaG » représente le groupe de données de Tayalay et al. (1994-2005). « Carouge » représente le groupe de données de Belfan et Condé (2006-2015). « Son » représente le groupe de données de Son et al. (2016-2018). Les Masses sont représentées en grammes. _____	115
Figure 33 : Cartographie des sites d'étude de la nidification chez le Moqueur gorge-blanche au Château Dubuc et à Balata. Les points rouges représentent les localisations de nids de Moqueurs. Les points verts correspondent aux localisations ne présentant pas de nids de moqueurs. Conception : Steven SON. Propriété de DiSC (Dispositif de suivi des changements), Source : PNRM et CNRS (2018). _____	117
Figure 34 : Effectif d'espèces végétales servant de support aux nids de Moqueur gorge-blanche (<i>R.b.brachyurus</i>). _____	119
Figure 35 : Graphe des variables de l'ACP sur les variables mesurées à chaque station. _____	120
Figure 36 : Graphique des individus de l'ACP. Chaque point représente une station. Dim 1 représente la première dimension. Dim2 représente la deuxième dimension. _____	121
Figure 37: Graphique des éboulis de l'ACP. _____	179
Figure 38: Cercle des corrélations sur les deux premiers axes. Tarsem représente les longueurs moyennes de Tarses. Masse représente les Masse moyennes Becm représente les longueurs moyennes de Becs. Ailem représente les longueurs moyennes d'ailes. _____	180
Figure 39: Carte des individus sur les deux premiers axes. Chaque individu est représenté par son numéro d'identifiant. _____	180
Figure 40: Mesure de l'aile pliée. Dessin extrait de Baldwin et al. (1931). _____	183
Figure 41: Mesure de la longueur de la queue. Dessin extrait de Baldwin et al. (1931). _____	184
Figure 42: Mesure de la longueur du tarse. Dessin extrait de Baldwin et al. (1931). _____	185
Figure 43: Mesure de l'épaisseur du tarse. Dessin extrait de Baldwin et al. (1931). _____	185
Figure 44 : Mesure de la longueur du bec ('Culmen'). Dessin extrait de Baldwin et al. (1931). _____	186
Figure 45: Mesure de la hauteur du bec au niveau de la narine. Dessin extrait de Baldwin et al. 1931. _____	187

Figure 46: Distribution des tailles de bec (mm) en fonction des individus capturés. _____ 190

Figure 47: Distribution des tailles de bec (mm) en fonction des individus capturés. Une transformation logarithmique a été appliquée. Test normalité Shapiro-Wilk $W = 0,867$ $p = 2,553e - 6$. _____ 193

Figure 48: Distribution des tailles de bec (mm) en fonction des individus capturés. Une transformation par racine carrée a été appliquée. Test normalité Shapiro-Wilk $W=0,866$ $p=2,657e-6$. _____ 193

Table des tableaux

Tableau 1 : Six loci microsatellites isolés pour le Moqueur gorge-blanche (<i>Ramphocinclus brachyurus</i>) et amorces PCR pour examiner 20 individus non apparentés. Extrait de Jin et al. (2006).	77
Tableau 2 : Variables mesurées dans le cadre de l'évaluation de l'environnement.	85
Tableau 3 : Définition des praxèmes recensés chez le Moqueur gorge-blanche (<i>Ramphocinclus brachyurus</i>).	89
Tableau 4 : Variables caractérisant la vigilance.	89
Tableau 5 : Résultats du sexage moléculaire des 63 moqueurs gorge-blanche.	96
Tableau 6 : Estimation de la taille de population de Moqueur gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) calculée à partir des différents modèles d'Otis et al. (1978).	97
Tableau 7 : Résultats de parentage pour les moqueurs gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) par localité de capture	102
Tableau 8 : Paramètres de diversité génétique et de panmixie en fonction des localités de capture chez le Moqueur gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>).	103
Tableau 9 : Estimation de la taille efficace sur échantillon simple pour la population du Moqueur gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>).	104
Tableau 10 : Estimation de la taille efficace sur deux échantillons temporels selon 3 comparaisons annuelles pour la population de Moqueur gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>).	105
Tableau 11 : Estimation de la taille efficace des moqueurs échantillonnés, considérés comme formant une seule population par le logiciel COLONY.	105
Tableau 12 : Résultats de l'analyse de la variance sur les caractères morphologiques de Moqueur gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) mesurés par Tayalay et al. (1994 -2005).	108
Tableau 13 : Résultats de l'analyse de la variance sur les caractères morphologiques de Moqueur gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) mesurés par Belfan et Condé (2006-2015).	109
Tableau 14 : Résultats de l'analyse de la variance sur les caractères morphologiques des moqueurs gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) mesurés par Son et al. (2016-2018). Les résultats significatifs sont en gras.	112
Tableau 15 : Résultats de l'analyse de la variance sur les caractères morphologiques de Moqueur gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>).	114
Tableau 16 : Tailles d'échantillons, moyennes, écart-types et comparaisons de mesures en fonction des sexes pour des moqueurs gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) mesurés de 2016 à 2018.	115
Tableau 17 : Résultats de l'analyse multi-variée de la variance (MANOVA) sur les caractères morphologiques du Moqueur gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>).	116
Tableau 18 : Résultats d'analyse de la variance sur l'indice de masse échelonnée pour le Moqueur gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>).	117
Tableau 190 : Résultat d'analyse logistique binomiale entre la présence/absence et la détermination spécifique du support végétal.	119
Tableau 20 : Résultats d'ANOVA sur les différentes variables comportementales en fonction d'un effet contexte social et d'un effet distance au sentier.	123
Tableau 21: Aires protégées classées par l' U.I.C.N. tiré de Dudley (2008).	174
Tableau 22 : Code couleurs et identifiants physiques des marques pour les moqueurs gorge-blanche.	176
Tableau 23: Valeurs propres, pourcentage de variance et pourcentage de variance cumulée pour les caractères étudiés.	179
Tableau 24: Tailles d'échantillons, étendue et moyennes de mesures (mm) pour le Moqueur gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) présentés par Vieillot en 1818 (Ridgway, 1907).	182
Tableau 25: Tailles d'échantillons, étendues, moyennes et écart-types de mesures (mm) pour le Moqueur gorge-blanche (<i>R. b. brachyurus</i>) présentés par Storer en 1989.	182
Tableau 26: Jeu de données de Tayalay et al. (1994-2005).	191

<i>Tableau 27: Jeux de données de capture Belfan et Condé (2006-2015)</i>	192
<i>Tableau 28: Géotypes des 69 moqueurs gorge-blanchr (<i>R. b. brachyurus</i>) capturés entre 2016 et 2019. Les individus sont représentés en ligne. Chaque locus est représenté en colonne.</i>	194

Introduction

L'extinction des espèces vivantes est un processus conduisant à la disparition des espèces au cours des périodes géologiques. Ayant marqué la biosphère par leurs occurrences, ces processus naturels font partie intégrante des cycles d'accroissement, de maintien et de diminution de la biodiversité. Ce processus a notamment été identifié sous le vocable de "cycles de taxons" (Blondel 1995, Ricklefs et Bermingham 2002). L'Anthropocène fut marqué par une accélération des extinctions catalysées par l'impact d'*Homo sapiens* sur son environnement (Thiébaud 2012). Par sa croissance démographique et son développement technologique, *Homo sapiens* colonisa différentes régions de la planète et son impact fut considérable sur les espèces et les écosystèmes au cours des 10 000 dernières années. Toujours d'actualité, cet impact semble devenir une préoccupation majeure d'ordre international (Sandom *et al.* 2014).

L'idée de protection de la nature portée par des sociétés humaines remonte à des périodes bien antérieures au XXIème siècle. Cependant, il aura fallu attendre le XIXème siècle pour que les sociétés occidentales commencent à prendre conscience de l'importance de la nature et de leur impact sur elle. Mais c'est au cours du XXème siècle que se mettra en oeuvre le processus de changement des relations sociétales à "ladite" ressource naturelle (De Buffon 1764, Meadows *et al.* 1972, Lévêque 1994, Raffin 2005). D'une situation où l'exploitation de ces ressources et la préservation de la nature étaient considérées indépendantes l'une par rapport à l'autre, la mise à l'agenda public de la préservation de la nature deviendra la pensée dominante qui arbitrera un certain nombre d'activités humaines.

Les années 1970 ont à ce titre été déterminantes, car elles témoignent de catastrophes écologiques majeures mettant en évidence les impacts que pourraient avoir les activités humaines sur la nature. C'est précisément à partir de cette période que les premiers grands mouvements

environnementalistes connaîtront un essor considérable (Gauthier-Clerc *et al.* 2014). En effet, de grandes organisations non gouvernementales se sont constituées : ce fut le cas de l'Union pour la protection de la nature (U.P.N.), ancêtre de l'Union internationale pour la conservation de la nature (U.I.C.N.), du Fonds mondial pour la nature (W.W.F.), de Greenpeace et plus récemment de la Plateforme intergouvernementale sur la biodiversité et les services écosystémiques (I.P.B.E.S.). Initiés à l'occasion de différentes conférences internationales, la signature de nombreuses conventions montre l'engagement de nombreux pays vis-à-vis de la question environnementale. Parmi elles, nous citerons le Sommet de la Terre à Rio de Janeiro (1992) où des conventions majeures visant à une stratégie mondiale pour contrer la perte de la diversité biologique (convention sur la diversité biologique C.D.B.), la désertification (convention des Nations unies sur la lutte contre la désertification C.L.D) et les changements climatiques (convention-cadre des Nations unies sur les changements climatiques C.C.N.U.C.C.) ont été ratifiées. C'est au cours de cette manifestation considérée comme un événement diplomatique marquant pour le XXème siècle, que la protection de la biodiversité s'est révélée comme une préoccupation majeure commune à de nombreux pays. La poursuite de l'ensemble de ces initiatives au début du XXIème siècle ainsi que la programmation régulière de leurs éditions suivantes soulignent l'implication soutenue des différents pays et l'importance de la préservation de la nature pour chacun d'eux. Tout cela témoigne de l'intégration pour les sociétés de la compréhension de leur rôle décisif dans la protection de la nature.

Conscient de la nécessité de préserver la nature et de stopper l'érosion de la biodiversité, l'homme devait se doter d'outils pertinents et efficaces. Des outils globaux ont été mobilisés pour améliorer la protection de la nature. En effet, dans un contexte économique mondial difficile et devant l'érosion continue de la biodiversité, il a été nécessaire d'identifier les zones prioritaires où concentrer les actions de conservation de la biodiversité (Mittermeier *et al.* 2011). C'est ainsi

qu'en 1988, Norman Myers formalisa le concept de "point chaud de la biodiversité" (ou "biodiversity hotspot"). Myers a ainsi désigné au départ 18 régions particulièrement riches en termes d'endémisme et sujettes à des menaces concernant leur biodiversité (Myers *et al.* 2000). Cependant, après réévaluations ultérieures, plus de 36 points-chauds ont été identifiés dans le monde (Noss 2016). Visant à désigner des zones à conserver en priorité, les critères sur lesquels reposent les points-chauds ont été critiqués (Myers 2003, Orme *et al.* 2005) et d'autres méthodes de zonage des territoires à enjeux de conservation ont été proposées (Werner et Buszko 2005). On peut citer ici l'approche Global 200 (Olson et Dinerstein 2002) se basant sur des critères biogéographiques, écologiques et de diversité, l'approche "Megadiversity countries" (Canhos *et al.* 2015) qui se base sur la richesse spécifique végétale et en invertébrés, l'approche des centres de diversité végétale se basant sur la richesse spécifique et l'endémisme, et l'approche des oiseaux nicheurs endémiques se basant sur l'étude des aires de répartition des oiseaux nicheurs (Stattersfield *et al.* 1998). Une superposition de l'ensemble de ces zonages basés sur des critères différents permet de révéler des zones où il est nécessaire de conserver la biodiversité (Brooks *et al.* 2006, Mikusiński *et al.* 2014). À partir du moment où l'on a su pourquoi, où, et quoi conserver, il a fallu se questionner sur les moyens et les méthodes de conservation.

Les premiers instruments opérationnels ont consisté à une "mise sous cloche de la nature" correspondant à des zones de non-intervention. La non-intervention fait partie des trois grandes modalités d'action sur lesquels repose la biologie de la conservation : la non-intervention, la restauration et la gestion conservatoire (Gauthier-Clerc *et al.* 2014). Ce mode d'action non-interventionniste correspond à un courant de pensée selon lequel après une certaine période de temps, les écosystèmes ont la capacité de retourner à un état plus ou moins stable après une perturbation due à un élément climatique ou une intervention humaine : il s'agit là du concept de résilience selon Holling (1973). Par conséquent, cette approche postule ainsi que le meilleur moyen de protéger un environnement est d'y interdire ou de limiter les activités humaines. Il

s'agit d'une logique de sanctuarisation de la nature qui favoriserait la *naturalité* au sens de Génot (Lecomte 1999, Génot et Schnitzler 2008, Vallauri *et al.* 2010, Génot 2011, Mahrane *et al.* 2012). Cette sanctuarisation s'est matérialisée sous la forme de réserves naturelles et/ou d'aires protégées dont la législation et les réglementations établissent les niveaux de conservation spécifiques appliqués. Cependant, il semble que cette logique de "mise sous cloche" de la nature soit limitée, car n'étant pas souvent dans le cadre de zones physiquement isolées, la nécessité d'analyser le voisinage de l'aire protégée est apparue et la délimitation de ces zones a été contestée (Gardiner 1994). La mise en place d'aires protégées provenait d'une logique de patrimonialisation de la nature (MacKinnon *et al.* 1986, Chape *et al.* 2008, Saout *et al.* 2013). Cette dénomination du patrimoine apparaissait comme étant difficile à définir. On considère un objet naturel comme patrimonial s'il est reçu des ancêtres, s'il est géré de façon à être transmis dans l'état et s'il est référent identitaire d'un groupe. Bien que cette pratique ait commencé très tôt et ait été critiquée, la gestion d'aires protégées et l'inscription d'espèces sur la liste rouge des espèces menacées de l'Union internationale pour la conservation de la nature (U.I.C.N.) constituent des actions capitales pour la protection des espèces (Baillie *et al.* 2004). Les instruments suivants ont consisté en une approche différente de la gestion et la conservation des espèces en se basant sur des stratégies plus interventionnistes que sont la restauration et la gestion conservatoire. La gestion conservatoire est un processus qui vise à définir les conditions de gestion et de restauration d'espèces ou d'espaces semi-naturels (Bioret *et al.* 2009). Ce processus se décline en quatre étapes que sont : une phase d'inventaire et d'analyse décrivant les différentes composantes de l'écosystème considéré, une phase de hiérarchisation des priorités et des enjeux de conservation, une phase active d'engagement de techniques de restauration et une phase de suivis permettant l'évaluation de l'efficacité des mesures de gestion conservatoire. Cette gestion conservatoire a cependant été critiquée par certains écologues, car elle tend à favoriser la protection de certaines espèces animales emblématiques tout en ignorant l'aspect dynamique de

la nature (Bravard 2003, Schnitzler *et al.* 2008). C'est dans ce contexte que des concepts intégrant l'aspect dynamique des écosystèmes ont été formalisés et que s'est développée la restauration écologique (Aronson *et al.* 2006, Van Andel et Aronson 2012). La restauration écologique a pour objectif principal de ramener un écosystème dégradé vers un état dont le degré de naturalité est supérieur ou égal à l'état précédant sa dégradation (Bioret *et al.* 2009). Ce procédé appliqué de façon active ou passive à l'écosystème se base sur le principe d'autorégénération des écosystèmes selon lequel la dynamique successionnelle conduit à rétablir les caractéristiques naturelles de l'écosystème. L'emploi de techniques artificielles (création de corridors écologiques, suppression de barrages, fermeture de sentiers, etc.), la réintroduction ou la translocation d'espèces, l'élimination et la limitation d'espèces invasives sont des exemples de restauration écologique dont les gestionnaires disposent. Cependant, ces derniers sont souvent en charge de socio-écosystèmes où en plus de protéger la biodiversité, ils doivent gérer l'ensemble des activités présentes dans l'espace sous leur responsabilité, sachant que certaines d'entre elles peuvent entrer en interférence avec l'objectif de conservation et créer des conflits.

De telles problématiques ont nourri le débat de la relation entre biodiversité et société et ont amené les scientifiques de la conservation à s'intéresser à des problématiques sociales (Dumez *et al.* 2014). Selon Jacques Blondel (2014), les sciences de la conservation visent à fournir aux gestionnaires et décideurs des informations sur les mécanismes à l'origine du déclin des populations. En effet, par l'évaluation des réponses adaptatives des organismes aux changements environnementaux et par leur explication, les scientifiques transmettent aux décideurs des éléments leur permettant d'organiser la gestion et la conservation des populations et espaces dont ils sont responsables. D'une manière générale, le but des sciences de la conservation est de permettre la compréhension des impacts des activités humaines sur les organismes par l'évaluation des réponses biologiques (la démographie, la physiologie, les comportements et l'écologie) aux stimuli anthropiques (activités, pratiques, etc.). Les recherches menées doivent

alors reposer sur une alliance pluridisciplinaire entre les sciences naturelles qui ont pour objet d'étude le monde naturel d'un point de vue écologique et environnemental, et les sciences humaines et sociales qui visent à étudier la dimension humaine d'un point de vue individuel ou collectif.

La perte de la biodiversité apparaît comme étant l'une des conséquences directes des activités humaines et leurs effets sur l'environnement (Kerr et Currie 1995, Butchart *et al.* 2010). Malgré l'augmentation du nombre d'études visant à étudier et à conserver les espèces en danger, il semblerait qu'il soit difficile de ralentir ce processus d'extinction massive d'espèces. Cette érosion de la diversité biologique entraîne de fait, la disparition de fonctions écologiques qui ont pour conséquences la mise en danger de cortèges faunistiques et floristiques entiers. Dans la Caraïbe, (Myers *et al.* 2000, Orme *et al.* 2005, Mittermeier *et al.* 2011), la menace est d'autant plus importante, car une grande partie des espèces de cette zone se trouvent en milieu insulaire (Donald *et al.* 2010). Les espèces insulaires sont souvent cantonnées à des surfaces limitées et leurs populations présentent de petits effectifs. Les espèces endémiques localisées en un lieu unique sont particulièrement vulnérables à l'extinction. En réponse à cela, l'émergence d'une nécessité de production de connaissances précises pour la conservation de ces espèces a vu le jour. Ainsi, il a été nécessaire de mobiliser des méthodologies scientifiques appliquées pour répondre aux besoins de connaissances croissants pour ces espèces.

Dans la continuité de cette volonté d'améliorer les méthodes de gestion et de conservation d'espèces, nous avons voulu mettre en application une approche collaborative réunissant les sciences du vivant et de l'environnement et les sciences humaines et sociales. Cette alliance mobilisant la collaboration et l'interdisciplinarité ne sont pas des usages nouveaux (Legay 1986, Barnaud 1992, Rivault *et al.* 1993, Mathieu *et al.* 1997). Par exemple en France, depuis les années 1980, différents établissements publics de recherche tels que le Centre national pour la recherche

scientifique (C.N.R.S.) ou l'Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement (I.N.R.A.E.) ont mis en œuvre des programmes de recherche faisant appel à ce type de démarche interdisciplinaire (Teixeira 2000, Jollivet 2001, Brun *et al.* 2007) reconnu pour son efficacité dans la résolution de problématiques complexes (Doucet et Dumais 2015). « Toute initiative de conservation devrait être accompagnée d'outils, de méthodes et d'approches qui permettent de tenir compte de la complexité du contexte social et politique dans lequel est menée l'action de conservation » (Hirsch *et al.* 2011). Dans le but de contribuer efficacement à la résolution de problématiques complexes de gestion, dans cette recherche nous avons cherché à faire passerelle entre les sciences en appliquant une démarche collaborative pour la production de savoirs en nous intéressant à l'écologie et à la conservation d'une espèce endémique à la Martinique, le Moqueur gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*).

Le Moqueur gorge-blanche (*R. brachyurus*) est le plus petit passereau de la famille des Mimidés (Pinchon 1976). Espèce classée sur la liste rouge de l'U.I.C.N. au rang d'espèce en danger (BirdLife International 2018), la gorge-blanche présente une inégale répartition démographique sur deux îles des Petites Antilles. En effet, à Sainte-Lucie, où l'on observe la sous-espèce (*Ramphocinclus b. sanctaeluciae*), la population a été estimée entre 1200 et 1700 individus (Young *et al.* 2010, Mortensen et Reed 2016), alors qu'à la Martinique pour *Ramphocinclus b. brachyurus* (Ridgway et Friedmann 1907) la taille de population a été estimée entre 200 et 400 individus (Gros-Désormeaux et Tayalay 2009).

Cette inégale répartition s'observe également au niveau de la littérature scientifique. En effet, alors que la sous-espèce martiniquaise apparaît comme étant la plus vulnérable de par sa taille de population réduite et de par sa distribution restreinte à 5 km² au niveau de la Presqu'île de la Caravelle, la majorité des travaux scientifiques publiés ont été menés sur son homologue de Sainte-Lucie (Temple *et al.* 2006, 2009 ; White 2009, Young *et al.* 2010, White *et al.* 2012,

Mortensen et Reed 2016, Mortensen *et al.* 2017, Sass *et al.* 2017). Les articles scientifiques publiés sur la sous-espèce martiniquaise correspondent à : d'anciens articles de description de l'espèce (Ridgway et Friedmann 1907, Storer 1989) ; un article basé sur la génétique de l'espèce incluant des prélèvements sur les deux sous-espèces (Jin *et al.* 2006) ; deux articles basés sur des méthodes de détection d'individus et la caractérisation de l'habitat (Cheula *et al.* 2010, Dessart et Hunel 2014) ; et un article sur la description des comportements de *R. b. brachyurus* (Gros-Désormeaux *et al.* 2014). La plupart des informations correspondent à des rapports institutionnels contenus dans la « littérature grise » (Bulens *et al.* 1994, Tayalay 1999, 2013; AOMA 2008, Lesales *et al.* 2012, Johnson 2013, Life +Capdom 2014). L'ensemble des documents précités ne fait pas de description morphologique précise de la sous-espèce *R. b. brachyurus*. Les articles qui en font état reprennent les travaux de Vieillot qui datent de 1818.

En mobilisant différents outils de l'écologie et de la biologie des populations, nous avons cherché à répondre conjointement aux attentes du gestionnaire et du monde académique sur l'état démographique, morphologique et physiologique d'un oiseau endémique dans différentes situations à la Martinique tout en appliquant des méthodes de recherche-action collaborative. Pour ce faire, après avoir posé le cadre conceptuel qui fonde notre démarche scientifique, nous avons consacré les deux chapitres suivants à la contextualisation de l'enjeu de conservation du Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*). En nous inspirant des pratiques observées au sein de disciplines des Sciences Humaines et Sociales, nous avons d'abord cherché à appréhender toute la complexité des rapports entre l'humain et l'oiseau en produisant une historiographie de l'espèce conduisant à sa construction en tant que modèle socio-biologique. Ainsi, nous nous sommes ensuite attelés à décrire le contexte socio-écologique de conservation du Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) de la Martinique selon différentes échelles spatio-normatives (Forest 2009). Ce cheminement méthodologique se poursuit par un retour aux pratiques

classiques scientifiques des Sciences du Vivant et de l'Environnement en proposant un chapitre dédié à la description et à la justification des matériels et méthodes. Enfin, après avoir fait état des principaux résultats obtenus, nous avons consacré le dernier chapitre de cette thèse à discuter la conservation du Moqueur gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus*). L'une des dimensions originales de cette approche réside dans la relation de co-construction des enjeux de connaissance entre l'organisme responsable de la conservation du Moqueur gorge-blanche, le Parc Naturel Régional de la Martinique (P.N.R.M.), et l'un des organismes français en charge d'améliorer la connaissance scientifique, le Centre National de la Recherche Scientifique (C.N.R.S.).

Si cette démarche souhaite s'inscrire dans la continuité des différents travaux menés depuis trois décennies sur le Moqueur gorge-blanche de Martinique (Lesales *et al.* 2012, Gros-Désormeaux *et al.* 2014), les apports de connaissances nouvelles sont liés à la production de connaissances inédites sur les effectifs, la structure populationnelle, le dimorphisme sexuel, la nidification et l'alimentation.

PARTIE 1 : Construction scientifique d'un enjeu de conservation

Chapitre 1 : Cadrage conceptuel et théorique

1.1. Liminaire

Dans le cadre de son plan de gestion 2014-2018 de la Réserve naturelle nationale de la presqu'île de la Caravelle (R.N.N.C.), le syndicat mixte du Parc naturel régional de Martinique (P.N.R.M.) s'est fixé pour objectif de maintenir les populations d'oiseaux endémiques et remarquables qui fréquentent ce site. Les actions de conservation du Moqueur gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*) et de son habitat sont déclinées en trois objectifs opérationnels : la connaissance des populations, la réduction du dérangement et la restauration des espaces d'alimentation. L'équipe de recherche BEST (Biodiversité, environnement, société et territoire) de l'U.M.R. C.N.R.S. 8053 et la Direction de la protection et de l'aménagement du territoire du P.N.R.M. collaborent à la mise en œuvre de dispositifs scientifiques fiables, efficaces, reproductibles et pérennes qui permettent de fournir des données sur les variations inter et intra annuelles de l'état de la végétation, des usages et de la Gorge-blanche dans la R.N.N.C. Lesdits « dispositifs de recherche sur le suivi des variations inter et intra annuelles des changements socio-écologiques et de leurs implications sur la conservation d'un oiseau patrimonial, *Ramphocinclus brachyurus brachyurus* » arborent une triple dimension. Ils se veulent à la frontière des attentes du gestionnaire, des sciences académiques et des sciences participatives. De ce fait, il doit être en congruence avec le concept de « forum hybride » (Lascoumes *et al.* 1997, Barthe *et al.* 2014) dans lequel des mondes aux préoccupations aussi différentes que complémentaires se rencontrent et se fécondent mutuellement en vue de produire de véritables changements de paradigmes.

Afin de répondre à cette ambition, le contrat de collaboration de recherche a pour objectif de fournir une méthode de suivi des variations inter et intra annuelles des changements socio-écologiques, mis en œuvre pour l'étude et le suivi de trois objets : la végétation, en matière d'habitat de la Gorge-blanche ; les usagers et leurs mœurs comportementales en ce qui concerne

le dérangement pour la Gorge-blanche ; et les populations, pour les effectifs. Les dispositifs doivent intégrer les contraintes suivantes : la prise en compte des protocoles de suivis scientifiques existants ; la conformité entre les méthodes de recueil de données et les possibilités des agents en charge de pérenniser les dispositifs ; et le respect du bien-être des animaux en limitant dans le temps et dans l'espace les dérangements occasionnés pour les besoins de la recherche.

Les dispositifs "DiSC" sont des espaces de co-construction d'objectifs, d'hypothèses, de méthodes, d'analyses et d'organisation d'une recherche intervention commune, admise, voulue et intégrée à la gestion et à la recherche. L'éthique qui construit les dispositifs repose sur le principe que rien n'existe *a priori* pour les différents partis. Les visions des uns et des autres (chercheurs et gestionnaires) n'entretiennent pas de rapports de domination, mais sont accueillies, discutées, confrontées, testées et surtout respectées. Les seuls objets qui fédèrent initialement les participants sont les processus observés (le changement), l'objet (le Moqueur gorge-blanche) et le lieu (la R.N.N.C.). L'une des originalités des dispositifs tient du fait qu'ils induisent toujours un changement dont ils mesurent les impacts : installation de panneaux d'information, installation de pièges pour prédateurs, changements climatiques, etc.). L'autre originalité provient du fait que ces dispositifs font dialoguer des représentants des trois précédents registres épistémiques de production de savoirs, pour co-construire des hypothèses, des questions et des méthodologies de recherche dans lesquelles les porteurs des différents registres se retrouvent. Nous avons conçu cette thèse de manière à contribuer aux dispositifs DiSC en tentant de concevoir différents indicateurs qui pourraient être utilisables par chaque collaborateur de façon à ce qu'il puisse répondre de façon pertinente aux questionnements qu'ils se posent.

Pour rappel, l'ensemble de ces besoins de gestion sont regroupés dans le plan de gestion du P.N.R.M. qui est renouvelé tous les cinq ans et qui vise à réduire l'impact négatif qu'auraient certains facteurs sur l'état de conservation des unités remarquables de la R.N.N.C. (Lerandy et Chery 2013). Parmi ces unités remarquables, on distingue des curiosités géologiques (des orgues andésitiques, des draperies carbonatées et des bois silicifiés), des curiosités faunistiques (une avifaune comprenant des espèces endémiques telles que le Carouge *Icterus bonana* et le Moqueur gorge-blanche *Ramphocinclus brachyurus brachyurus*) et des curiosités floristiques (des formations végétales spécifiques de mangrove, de savane herbeuse, de végétation à bois couché, de fourrés et de forêts secondaires ou relictuelles).

Dans le but de répondre à l'ensemble des interrogations du P.N.R.M. et plus précisément du gestionnaire concernant l'état de conservation du Moqueur gorge-blanche, nous avons conçu cette thèse à partir d'une recherche collaborative. Cette démarche s'apparente à une forme de gestion adaptative "expérimentale" qui, par le biais d'un engagement mutuel entre chercheur et praticien, vise à améliorer la pratique professionnelle dans le but de produire de nouveaux savoirs. La recherche-action (R.A.) correspond à une méthode d'étude qui par les interactions collaboratives entre généralement un chercheur et un praticien (Selltiz *et al.* 1976, Guillemette et Savoie-Zajc 2012), vise à contribuer à la résolution des problématiques professionnelles et au développement des sciences sociales (Rapoport 1973). Il s'agit d'un processus dans lequel les acteurs mis sur un pied d'égalité, ne sont plus considérés comme de simples objets d'investigation, mais de par leur collaboration sont à l'origine d'une production de connaissance liée à un objet d'étude commun (Le Boterf 1983). En 2014, Gonzalez-Laporte a analysé le cadre conceptuel que constitue la recherche-action. Elle se décline en un triptyque : la recherche-action participative, la recherche-action collaborative et la recherche intervention. La recherche-action participative (R.A.P.) est une modalité de recherche-action (R.A.) dans laquelle les acteurs sont considérés comme des co-chercheurs qui vont participer au processus de création de savoirs pour

l'action (Gonzalez-Laporte 2014). La recherche intervention (R.I.) est une modalité de recherche-action (R.A.) dont la visée est la génération de connaissances (savoirs et savoirs faire) pouvant améliorer l'action dans un système, mais aussi la production de connaissances d'ordre beaucoup plus générales. La recherche-action collaborative (R.A.C.) est définie par Lefrançois (1997) comme étant *une démarche d'investigation multifinalisée, impliquant une coopération étroite entre les personnes œuvrant dans le domaine de la recherche, et les gestionnaires et bénéficiaires*. La R.A.C. présente quatre objectifs principaux que sont le développement d'une expertise sur des problématiques concrètes de par des descriptions globales et des lectures interdisciplinaires ; le développement d'un savoir global (objectif heuristique) intégrant dans le même corpus les connaissances théoriques et pratiques ; l'expérimentation et l'évaluation de nouveaux modes d'intervention (champ de l'innovation), dans le but d'améliorer la compréhension des problématiques ; et enfin, l'enrichissement du champ de compétences des participants grâce à la réflexivité et à une mise en commun structurée des expériences de recherche et d'intervention (Lefrançois 1997). Pour sa démarche complète et riche aussi bien sur le plan académique que sur le plan du développement professionnel et à partir de l'analyse des premières mises en situation auxquelles nous avons été confrontés au cours de la recherche, nous avons par conséquent choisi de faire appel à la R.A.C. Il a fallu mobiliser différents concepts pour permettre d'avancer sur la R.A.C. concernant la conservation scientifique du Moqueur gorge-blanche.

Premièrement, l'étude de l'individu et plus spécifiquement de sa variabilité morphologique est apparue comme une priorité aussi bien pour le gestionnaire que pour la recherche académique. En effet, l'une des interrogations récurrentes du gestionnaire concerne "l'état de santé" des moqueurs gorge-blanche. D'un point de vue académique, cette interrogation est en cohérence avec des problématiques de recherche relevant de l'écologie évolutive. L'étude de la condition corporelle des individus a été jugée par les gestionnaires et les chercheurs comme étant un

compromis acceptable capable d'apporter des informations aussi bien sur les conditions physiologiques des individus que sur l'évolution des caractères morphologiques des populations. Deuxièmement, l'étude de la dynamique des populations a toujours été affichée par le gestionnaire comme une priorité. Si la littérature a approché cette attente à partir de méthodes d'estimations indirectes basées sur des extrapolations statistiques, l'autorisation de prélèvements de tissus à partir de la méthode "capture-marquage recapture" permet de tester pour la première fois de récentes techniques génétiques d'analyse et d'estimation de populations sur *R. b. brachyurus*, et ainsi de répondre à une question commune aux deux parties (chercheurs et gestionnaires) : existe-t-il une ou plusieurs populations de Moqueur gorge-blanche à la Presqu'île de la Caravelle ? Troisièmement, la connaissance des sites de nidification et de nutrition souhaite répondre aux préoccupations du gestionnaire sur les perturbations et les dérangements que subissent le Moqueur gorge-blanche, tout en interrogeant le comportement d'approvisionnement, la vigilance et la valeur sélective (*fitness*).

1.2. Morphologie : une variable d'évaluation de la condition corporelle.

En milieu insulaire, la différenciation de certains caractères morphologiques semble être plus apparente qu'en milieu continental (Blondel 1995). En effet, on observe chez certaines espèces des propensions aux phénomènes de nanisme et de gigantisme. Chez les oiseaux, ces variations morphologiques peuvent prendre la forme de modifications des rapports allométriques de certains organes allant jusqu'à l'accentuation du dimorphisme sexuel, dans certains cas. La morphométrie apparaît ainsi comme une nécessité dans l'étude des oiseaux (Baldwin *et al.* 1931). En effet, pour caractériser des familles, indiquer des similitudes entre groupes, pour mettre en évidence des différences entre espèces et sous-espèces et enfin pour informer sur des variations intraspécifiques, cette technique appliquée lors de sessions de captures et couplée à des post-traitements informatiques est largement utilisée. Les informations obtenues grâce à ces mesures

peuvent être interprétables sur différentes temporalités. Par exemple, en couplant les informations sur le poids et les mesures squelettiques, pour chaque individu, il est possible de mettre en œuvre des indicateurs nous renseignant sur la croissance et l'état de santé de chaque oiseau ; aspects sur lesquels se sont basés différents auteurs pour concevoir des indicateurs de condition corporelle qui renseignent sur l'état physiologique des individus (Chastel *et al.* 1995, Green 2001, Stevenson et Woods 2006, Peig et Green 2009).

Dans une dynamique de complétion de nos analyses, la condition corporelle pour les moqueurs gorge-blanche a été estimée par le calcul de l'indice de masse mise à l'échelle. Cet indice a été présenté comme un indicateur fiable de la quantité relative de réserves énergétiques (Peig et Green 2009, 2010). La condition corporelle peut-être définie comme le capital énergétique accumulé dans le corps résultant de la nutrition. Ainsi, il est supposé comme étant un indicateur de la santé et de la qualité d'un individu (Peig et Green 2009). Cet indice est supposé comme étant un bon prédicteur du fitness et les comparaisons entre habitats peuvent apporter d'importantes informations pour la gestion. Il autorise ainsi la comparaison entre les différents groupes d'individus définis par leur site de capture.

1.3. Démonologie : la nécessité d'évaluer les effectifs de l'espèce.

L'étude de la dynamique des populations est devenue un outil incontournable qui permet de répondre à plusieurs problématiques écologiques auxquelles sont confrontés les gestionnaires d'espèces. En effet, ces derniers doivent prendre des décisions concernant les espaces et/ou espèces dont ils sont responsables en se basant sur des indicateurs. Pour beaucoup d'animaux, le dénombrement des individus d'une espèce en milieu sauvage nécessite l'emploi de la méthode Capture-Marquage Recapture (C.M.R.) qui est une méthode largement utilisée et définie en dynamiques des populations (Pradel 1996, Slade et Blair 2000, Petit et Valiere 2006, Grosbois et Gimenez 2010, Lagrange 2015). Développées dans les années 1930, les méthodes C.M.R.

visent à estimer les tailles de population à partir de l'inférence statistique (estimation à partir d'un échantillon de la population). Le principe est le suivant : à partir de plusieurs sessions de captures et du nombre d'individus recapturés au cours des sessions, il est possible d'estimer la taille de population totale. Cette façon de procéder était connue pour les biologistes marins sous le nom de méthode de Petersen et pour les biologistes terrestres sous le nom d'indice de Lincoln, ce qui mena à la dénomination d'indice de Lincoln-Petersen (Adams 1951). Bien que ces méthodes d'estimation aient montré leurs limites pour des populations de faible taille, l'utilisation combinée de l'outil statistique, des modèles mathématiques complexes et du développement de techniques basé sur l'information génétique permet l'observation fine et la modélisation de certains processus biologiques (Grosbois et Gimenez 2010, Luikart *et al.* 2010).

1.3.1. La connaissance de la structure populationnelle : un prérequis pour la gestion efficace.

Dans le cas d'espèces en danger, les connaissances relatives à l'histoire démographique sont souvent incomplètes (Aspi *et al.* 2006). De manière à palier ce manque de connaissances, il est alors nécessaire de questionner la structure populationnelle actuelle de ces espèces. Cette dernière peut-être abordée sous différents points de vue (sexes, ages, génétique).

En considérant les sexes, la structure populationnelle peut-être étudiée au travers du sex-ratio. Le sex-ratio est un paramètre de grande importance qui correspond au rapport entre le nombre de mâles et celui des femelles. Au niveau individuel, le sex-ratio peut être vu comme étant un résultat de la production de jeunes. Un sex-ratio biaisé dans ce cas peut signifier un investissement parental plus important envers l'un des deux sexes. R.A. Fisher (1930) a contribué à la compréhension du sex-ratio en étudiant l'allocation des sexes et des investissements parentaux (Fisher 1930). Le « Fisher's sex ratio principle » a eu une influence capitale dans le développement de la biologie évolutive. Pour Fisher, dans le cadre de la reproduction d'organismes diploïdes et monogames, le sex-ratio devrait être d'un individu mâle pour un individu femelle (probabilité de 0,5 pour le sexe de chaque descendant). Bien que la production

d'individus soit équivalente à la ponte, chez certaines espèces, on remarque ce sex-ratio biaisé. Cela peut avoir différentes origines telles qu'une mortalité plus élevée pour l'un des deux sexes, des différences comportementales entre les mâles et les femelles menant à ce qu'ils ne puissent pas être recensés et bien d'autres possibilités dépendant de l'espèce étudiée. Cependant la détermination du sexe des individus au moment de la ponte étant difficile, il est possible que l'investissement des adultes dans un sexe soit non équivalent. Chez les oiseaux, l'ajustement du sex-ratio de la progéniture et l'investissement parental dépendant du sexe du jeune ont fait l'objet de nombreuses études (Anderson *et al.* 1993, Réale 1997, Alonso-Alvarez 2006). Il a été démontré que certaines espèces pouvaient manipuler leur sex-ratio primaire (à la ponte) (Trivers et Willard 1973, Blanco *et al.* 2003, Batellier *et al.* 2004). Cela est d'autant plus intéressant si l'on se place dans des systèmes de reproduction coopérative. Dans ces systèmes, des individus capables de se reproduire aident d'autres à la reproduction au lieu de se reproduire eux-mêmes (Stacey et Koenig 1990). Chez certaines espèces, ces individus nommés 'helpers' sont d'un sexe particulier. Dans le cadre de ces systèmes de reproduction, une population possédant plus d'individus du sexe qui aide sera favorisée par rapport à une population qui en possède moins justifiant alors le sex-ratio déséquilibré. La production du sexe qui « aide » devient alors un avantage conséquent en terme de reproduction.

Selon l'Encyclopédie Universalis, la panmixie correspond à une situation où les individus s'unissent aléatoirement et par conséquent indépendamment des génotypes, des liens de parentés et de classes d'âges. Ce modèle de croisement est testé en génétique des populations dans l'optique d'estimer si une population est à l'équilibre d'Hardy-Weinberg, c'est-à-dire si les fréquences alléliques et génotypiques de celle-ci ne bougent pas d'une génération à l'autre (Figure 1).

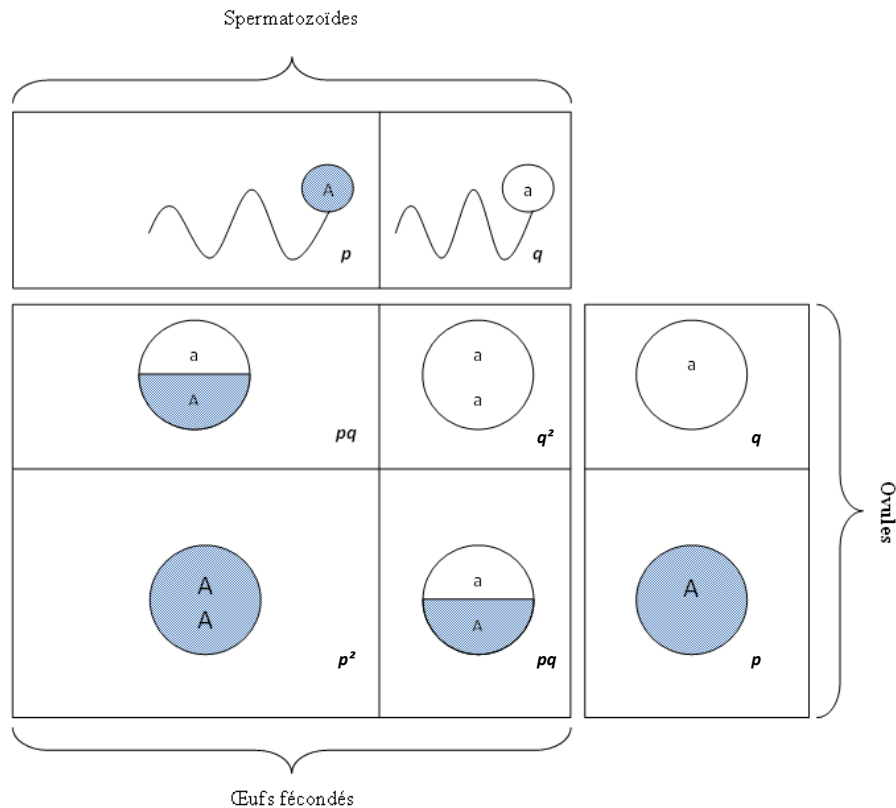


Figure 1 : Situation de panmixie. Population dans laquelle la consanguinité est totalement absente et le croisement des individus se fait au hasard. A et a sont deux allèles d'un locus et p et q sont respectivement les fréquences de ces allèles dans une population. Ici on est à l'équilibre d'Hardi-Weinberg car le calcul des fréquences alléliques pour les œufs fécondés de la population est : $p^2 + 2pq + q^2 = 1$. Extrait de David et Samadi (2011).

Si ce n'est pas le cas, alors on dit qu'il y a un écart à la panmixie, que l'on peut quantifier par le biais d'indices de fixation ($F_{statistics}$).

La loi d'Hardy-Weinberg formalisée en 1908 par le mathématicien G.H. Hardy et le médecin W. Weinberg est une loi qui concerne les fréquences alléliques pour un gène dans une population diploïde 'idéale'. Cela sous-entend que la population peut-être de taille infinie, que les individus s'unissent aléatoirement, qu'il n'y a ni migration ni mutation et ni sélection, que la reproduction est sexuée avec une rencontre aléatoire des gamètes et enfin cela signifie que les générations sont non chevauchantes. « Une génération de panmixie suffit à obtenir les fréquences génotypiques suivantes dans les œufs fécondés : p^2 , $2pq$, q^2 pour AA , Aa et aa respectivement, si les fréquences alléliques sont p (pour A) et q (pour a)» (Figure 1).

Dans une population, lorsqu'il y a un déficit en hétérozygotes, cela équivaut à ce qu'il y aurait un excès en homozygotes. Cet excès d'homozygotes peut avoir diverses origines telles que des régimes de reproduction favorisant la reproduction d'êtres apparentés, des mutations, la sélection et d'autres forces évolutives (Figure 2).

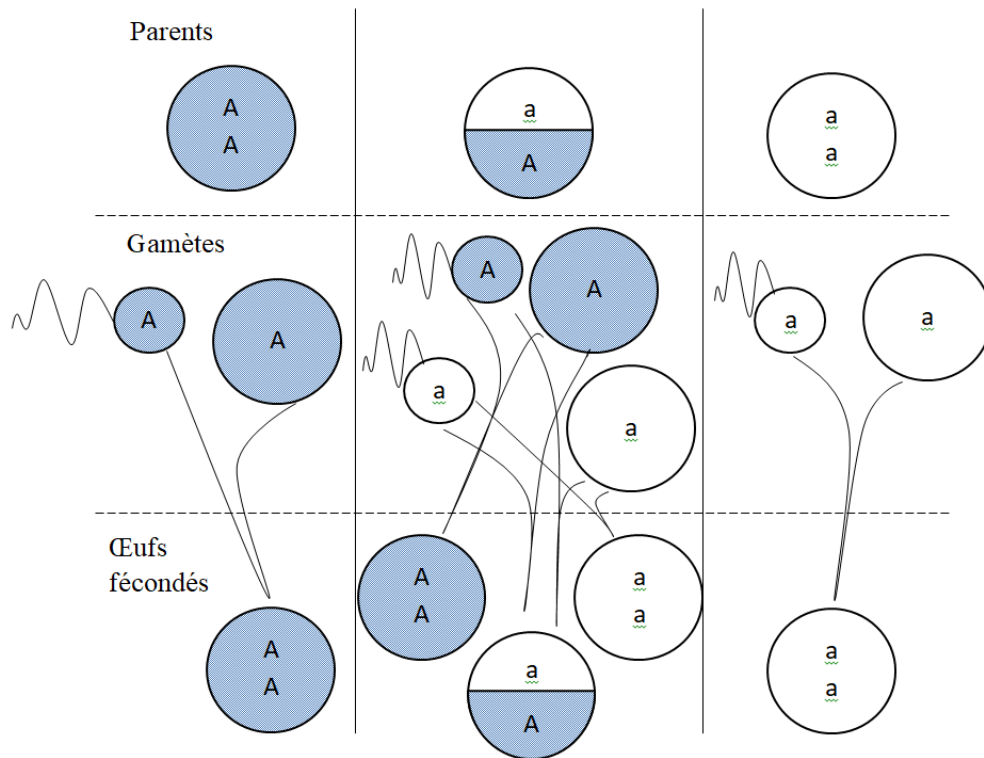


Figure 2 : Illustration de cas de reproduction pour des génotypes proches. La première ligne représente les génotypes possibles des parents pour des allèles A et a. La deuxième ligne représente les allèles portés par les gamètes de chaque parent. Les petits cercles avec les flagelles représentent les spermatozoïdes et les plus gros cercle représentent les ovules. La troisième ligne représente les génotypes des œufs obtenus après fécondation dans chaque cas. La première et la troisième colonne représentent la reproduction pour des parents homozygotes respectivement pour les allèles A et a. La deuxième colonne représente la reproduction pour des parents hétérozygotes. Adapté de David et Samadi (2011).

En effet, il est probable dans ces cas que des individus apparentés se soient reproduits, cela a dans certains cas pour conséquence l'augmentation du taux d'homozygotie. L'homozygotie peut entraîner une baisse de la capacité d'adaptation (David et Samadi 2000). Dans le cas de la présence d'allèles récessifs délétères dans la population, on pourrait assister à des phénomènes de dépression de consanguinité. Pour la reproduction d'individus ayant des génotypes proches,

on observe que la proportion d'hétérozygotes a tendance à diminuer de moitié à chaque génération jusqu'à leur disparition de la population.

1.3.2 La taille de population (N_C) et l'effectif efficace (N_e).

Lukiart *et al.* (2010), ont défini la taille de population (N_C), connue en anglais sous le nom : « Population census size », comme étant le nombre d'adultes vivants d'une zone d'étude ou d'une population considérée. Cette définition sous-entend que sont exclus les individus jeunes qui n'ont pas atteint la maturité sexuelle et les individus qui ne contribuent ni génétiquement ni démographiquement à la population (Luikart *et al.* 2010). Cette taille de population N_C ne doit pas être confondue avec l'effectif efficace (N_e). Il s'agit d'une variable importante largement utilisée en écologie et en évolution pour l'étude de populations naturelles. Cette métrique de génétique quantifie le seuil à partir duquel la diversité génétique s'érode par dérive génétique (Meeûs 2012). De manière générale, la taille efficace (N_e) est plus petite que le nombre d'individus de la population totale (N_C) car certains individus contribuent plus à la reproduction que d'autres et ont par conséquent plus de descendants que d'autres à la génération suivante (Criscione et Blouin 2005). Ces derniers entreront en compte dans les futures estimations de N_C . La différence de contribution de certains individus à la reproduction par rapport à d'autres peut s'expliquer par une dispersion différentielle entre individus, des taux de survie différents ou une multitude d'autres facteurs. Par exemple, les études réalisées sur la population de St-Lucie ont mis en évidence une dispersion biaisée selon le sexe. Les individus sont fortement philopatriques et ne s'éloignent généralement guère de leur site de naissance. Les femelles peuvent cependant gagner un territoire distant de leur site de naissance en cas de changement de partenaire reproducteur (Temple *et al.* 2006). Il en résulte une structure génétique particulière, avec un fort apparentement entre les mâles dominants des groupes voisins (Temple *et al.* 2006). Ce taux d'apparentement pourrait faciliter la coexistence entre groupes voisins, voire une certaine forme de coopération (Annexe 14). La situation décrite correspond à celle couramment rencontrée chez

diverses espèces d'oiseaux à reproduction communautaire. Elle résulte généralement d'une forte autocorrélation spatiale dans la qualité de l'habitat associée à un faible renouvellement des individus reproducteurs, ce qui favorise la formation de "files d'attente" constituées par les individus les plus jeunes qui sont dans un premier temps tolérés sur le territoire de leurs parents avant de s'établir éventuellement à la périphérie de celui-ci (Annexe 14). Cette barrière comportementale à la dispersion peut constituer un facteur clé dans la démographie de l'espèce et dans la structure génétique des populations.

1.4. La connaissance des sites de nutrition et de nidification : un impératif pour la conservation de l'espèce.

Depuis plusieurs décennies, la problématique de l'influence du comportement de recherche de nourriture et ses impacts écologiques a longuement alimenté les débats en écologie. De par son impact principal sur l'aptitude phénotypique, le comportement de recherche de nourriture est au centre de l'étude des organismes, car il apporte un éclairage sur les risques de prédation, la compétition ou encore le choix d'exploitation de parcelles. Le comportement d'approvisionnement est une activité primordiale chez les vertébrés (Karasov 1986). Fondamentale dans le fonctionnement des organismes, puis considérée comme fortement impliquée dans le succès des individus à vivre et à se reproduire, cette activité prenant des formes diverses a fait l'objet d'une littérature complète en biologie, que ce soit en zoologie, en écologie, en éthologie, en biologie des populations ou encore en écologie comportementale (Bolhuis et Giraldeau 2005, Davies *et al.* 2012, Dugatkin 2013). Lorsque l'on interroge le fonctionnement et la physiologie des organismes, il est fréquent de questionner les paramètres qui influencent les choix de stratégie d'approvisionnement (Kagel *et al.* 1995). Or, la connaissance et la modélisation des comportements d'approvisionnement pour des espèces sauvages sont des éléments cruciaux en sciences de la conservation (Hasanah 2010, Primack *et al.* 2012). Ne pouvant résoudre cette problématique hautement complexe du choix de la parcelle malgré des

tentatives d'observations variées, nous nous sommes limités à l'observation, à la quantification et à la caractérisation des actes comportementaux réalisés par les moqueurs gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) au cours de leur comportement d'approvisionnement. Cependant, pour apporter des réponses aux questionnements des gestionnaires concernant l'impact des activités des usagers de la réserve sur les comportements des Moqueurs, l'analyse des observations comportementales a été réalisée en prenant en compte principalement deux paramètres que sont la distance des individus au sentier ainsi que la taille de groupe des individus en recherche de nourriture.

En milieu sauvage, la vigilance chez les animaux apparaît comme étant primordiale pour toute activité. Il s'agit d'un processus comportemental selon lequel les animaux effectuent un balayage visuel de l'environnement pour prendre des décisions pertinentes pour leur survie (Treves 2000, Fernández-Juricic 2012). Ce processus permet à chaque individu d'évaluer potentiellement le risque de prédation qu'il encourt, mais aussi d'évaluer la pression de compétition intra-spécifique. Cependant, nous considérons que le temps alloué à la vigilance est du temps de recherche et d'acquisition alimentaire en moins qui en étant trop important impacterait négativement la *fitness* des individus.

Les arguments selon lesquels un oiseau choisit de façon précise son site de nidification sont nombreux. En effet, tout comme la sélection d'un habitat affecte l'aptitude phénotypique (Møller 1989), le choix du site de nidification est un paramètre clé lié fortement à la *fitness* à cause des effets directs qu'il a sur les descendants (Martin 1988, 1993a, b; Martin et Roper 1988, Roper 2005). La prédation au nid étant la cause principale d'échec à la reproduction (Fontaine et Martin 2006), par conséquent, un nid trop visible et trop exposé sera plus probablement prédaté qu'un nid caché. À cause de son impact sur la survie des jeunes, le choix du site de nidification devient un élément crucial pour l'adulte. En se basant sur le principe d'optimisation, il serait possible de présupposer que les individus choisissent d'investir dans les meilleurs lieux où construire leur nid et pondre leurs œufs. Pour faire cela, les individus auraient besoin d'informations sur le

milieu et sur la qualité de l'habitat (Silva 2008). Selon Martin et Roper (1988), les nids devraient dépendre de l'habitat à deux échelles que sont : (1) le site de nidification correspondant à l'endroit exact où a été construit le nid et (2) la parcelle du nid qui englobe les espaces prospectés dans les quatre directions cardinales autour du nid. Le site de nidification comprend l'ensemble des paramètres caractérisant le nid et son support alors que la parcelle correspond aux caractères de l'habitat environnant l'ensemble des supports de nid et le nid lui-même. Ainsi, dans l'optique de déceler comment les oiseaux choisissent le site de nidification, il suffirait alors de mesurer différents paramètres selon ces deux échelles afin de déceler lequel d'entre eux permettrait d'expliquer la présence/absence ou l'activité/inactivité d'un nid.

La mobilisation des différents savoirs théoriques et conceptuels mettent en évidence le caractère complexe de la mise en application des savoirs scientifiques visants à la conservation du Moqueur gorge-blanche. Dans le but d'appréhender cette complexité et d'en comprendre les raisons, nous avons par conséquent voulu replacer le contexte historique dans lequel s'est déroulé l'ensemble de la production de savoir sur le Moqueur gorge-blanche.

Chapitre 2 : Contexte historique de la production de savoir sur le Moqueur gorge-blanche.

En 2011, Pierre Lascoumes dans « *Savoirs experts et profanes dans la construction des problèmes publics* » souligne l'évolution des modes de production et de validation des connaissances au cours du temps. Il met en avant un changement de paradigme en termes de résolution des problèmes publics. Il explique le passage de méthodes qui emploient uniquement des savoirs détenus par des acteurs gouvernementaux ou par des porteurs administratifs, à d'autres approches employant la coalition des précédents savoirs avec ceux détenus par de nouveaux acteurs individuels ou collectifs d'ordres moins formels (Damay 2011). Pierre Lascoumes considère deux types de savoirs mobilisés de façon prépondérante pour répondre aux problèmes publics. Il s'agit des savoirs rationalisés institutionnels et des savoirs d'usage basés sur l'expérience. Les savoirs rationalisés institutionnels correspondent aux savoirs provenant de réflexions questionnant des théories, des concepts ou modèles originaires de grands domaines disciplinaires, alors que les savoirs d'usage basés sur l'expérience renvoient à la résultante de recherches menées de façon empirique où l'approche constructiviste est le mode principal de production de connaissances. Cette approche constructiviste au sens de Hegel correspond à un processus selon lequel les connaissances sont le produit direct de la mise en commun de résultats d'expériences successives (Rockmore 2007).

Au niveau historique, il est pertinent de se questionner sur l'implication de ces savoirs dans la construction du Moqueur gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*) en termes d'enjeu pour la conservation de la biodiversité : quelle est la part des différentes catégories de savoirs ? Quelles sont les échelles d'intégration biologique, pour quels savoirs par rapport à quels enjeux ?

Dans ce chapitre, nous avons regroupé l'ensemble des productions de savoirs sur le Moqueur gorge-blanche. La démarche se structure en trois étapes : l'étude diachronique retraçant

chronologiquement les connaissances produites depuis les périodes précolombiennes jusqu'à nos jours ; la catégorisation des savoirs à partir de la grille d'analyse proposée par Pierre Lascoumes en 2011 (Lascoumes 2011) ; et une interprétation des savoirs mobilisant les échelles d'intégration biologique. Pour cette dernière étape, nous avons considéré cinq niveaux d'intégration que nous avons identifiés par les termes « génétique », « individu », « population », « espèce » et « communauté ». L'analyse textuelle a été facilitée par l'utilisation d'un outil d'exploration d'informations qualitatives, le logiciel Nivo Pro 12.

Les trois grilles d'analyse ont donc été appliquées à un corpus documentaire comprenant essentiellement des informations textuelles. Les données brutes de cette méta-analyse correspondent à l'ensemble de la littérature disponible traitant du Moqueur gorge-blanche de Martinique (*Ramphocinclus b. brachyurus*), soit 44 fichiers dont 40 documents écrits et 4 films (Annexe 4). Ces supports variés couvrent 200 ans de recherches, d'observations et d'actions menées par des intervenants divers. Des enquêtes et entretiens semi-directifs ont été menés auprès de différents acteurs tels que d'anciens bagueurs, des gardes du P.N.R.M., des chercheurs et des personnes d'associations ayant travaillé sur le Moqueur et pouvant renseigner sur l'ensemble des événements historiques depuis le passage de Christophe Colomb en 1502 jusqu'à 2018. Les informations recueillies ont été classées par ordre chronologique en fonction des différents mouvements ou grands moments scientifiques tirés de la sociologie des sciences proposée par Dominique Pestre (2015). Puis, nous nous sommes intéressés aux types de savoirs interprétés à partir de la caractérisation typologique de Pierre Lascoumes (2011), et enfin au cadre conceptuel relatif au niveau d'intégration biologique repris et décrit par Jacques Blondel (1995).

2.1. Construction d'un enjeu de conservation.

Durant les peuplements précolombiens dans la Caraïbe, les savoirs existants sont des savoirs transmis oralement, dits 'autochtones' : ce sont ceux des peuples Tainos et Kalinagos qui peuplent la région (Beckles 1992). Avec leur disparition, une grande partie des savoirs détenus par ces civilisations ont été perdus. Par conséquent, nous ne pouvons avoir de certitude sur ces connaissances. Nous ne pouvons faire que des suppositions sur ces savoirs à partir d'indices archéologiques et à partir de connaissances anciennes transmises aux colons. De nombreux indices laissent penser que les savoirs de la nature sont d'ordre fonctionnel, c'est-à-dire que les observations et les connaissances en découlant ont pour buts premiers de s'alimenter, se soigner ou encore pour nourrir des croyances. Par exemple, il semblerait que l'élevage et le sacrifice de la petite buse (*Buteo platypterus*) appelée communément "Malfini", constituaient le rite de passage du jeune Kalinago au rang social d'adulte.

Malgré le passage de Christophe Colomb dès le 15 Juin 1502 en Martinique, c'est à partir du 15 Septembre 1635 que la véritable colonisation européenne de l'île a débuté. L'installation de colons travaillant pour la Compagnie des îles d'Amérique sur l'île a été un point de départ dans la tentative de découverte et d'appropriation de connaissances nouvelles pour le monde occidental. En Martinique, les colons cohabitent sur l'île avec les Kalinagos pendant 23 ans. Au cours de cette période, il est possible que des échanges de savoirs aient eu lieu. Cependant, les documents existants entre 1635 (installation des colons sur l'île) et 1658 (l'extermination des Kalinagos de l'île) sont rares et ne traitent pas forcément des savoirs détenus par les Kalinagos. Ce n'est qu'un siècle plus tard que les premiers chroniqueurs passionnés par les débuts de la systématique évoquent l'existence du Moqueur gorge-blanche, mettant en évidence le début des connaissances dites « scientifiques » pour cette époque.

En effet, des personnes ont été mandatées pour mener des expéditions dans la région des Caraïbes, dans l'optique de « découvrir » (on entend ici d'acquérir un ensemble de savoirs) les

nouveautés et spécificités locales. Au cœur de cet objectif, certains voyageurs naturalistes se sont lancés dans l'étude des espèces présentes en Martinique. En ce qui concerne le Moqueur gorge-blanche de Martinique, les premières observations archivées remontent à 1751. En effet, c'est dans le livre « Voyage à la Martinique – contenant diverses observations sur la physique, l'histoire naturelle, l'agriculture, les mœurs et les usages de cette isle », écrit par Jean-Baptiste Mathieu Thibault de Chanvalon, que nous trouvons la première citation sur le Moqueur. « Les uns [en parlant des oiseaux] sont remarquables par la forme de leur nid, par la matière qu'ils emploient, ou par l'adresse avec laquelle ils suspendent ; d'autres par la couleur de leurs œufs. Par exemple, ceux du gorge blanc sont d'un beau bleu céleste, tachés à l'un de leurs bouts de petites marques noires. » On peut trouver également un peu plus loin : « le gorge blanc ; il se rapporte au genre des merles ou des grives ». Cependant, il ne s'agit que d'une observation naturaliste. Il faudra attendre soixante-dix ans plus tard que la première description scientifique de l'espèce soit faite par Vieillot qui travailla sur des spécimens qui lui ont été envoyés (Lesales *et al.* 2012). Vieillot qui les nommait « Merle à courte queue de la Martinique » avait donné le nom scientifique de *Turdus brachyurus* (Lesales *et al.* 2012). En 1820, Auguste Plée, lors de son voyage en Martinique, envoya au Muséum d'Histoire Naturelle de Paris, divers spécimens d'animaux dont un Moqueur gorge-blanche. Au cours du XIXe siècle, d'autres individus ont été observés et chassés, cependant seulement une cinquantaine de spécimens retrouvés dans les collections zoologiques de musées témoignent des prélèvements effectués durant cette période au sein des populations martiniquaises de Moqueur.

L'établissement du genre *Ramphocinclus* ne s'est faite qu'à partir des descriptions anatomiques faites par Frédérique de Lafresnaye en 1843, permettant de le nommer *Ramphocinclus brachyurus* (Lesales *et al.* 2012). Une vingtaine d'années plus tard, des observations comportementales de l'oiseau ont été faites puis publiées dans la revue ornithologique Ibis (Taylor 1864, dans Lesales *et al.* 2012). En 1878, une autre publication faisait état des divers

lieux où il était probable de rencontrer l'espèce (Ober 1878, dans Lesales *et al.* 2012). Ce n'est qu'à partir de 1892 avec les études menées par Cory, que la sous-espèce de Martinique *Ramphocinclus brachyurus brachyurus* a été officiellement considérée comme différente de la sous-espèce de St-Lucie *Ramphocinclus brachyurus santaeluciae*. En 1905, lors du quatrième congrès international d'ornithologie de Londres la sous-espèce martiniquaise a été présentée au bord de l'extinction. Lesales *et al.* (2012) mettent en évidence qu'en 1950 l'ornithologue américain James Bond aurait considéré l'espèce comme éteinte. Cependant un an plus tard, Robert Pinchon aurait capturé un individu, soulignant la rareté des observations (Pinchon 1976). James Bond lui-même aurait par la suite observé deux individus (Lesales *et al.* 2012).

Avec la création de la Réserve Naturelle Nationale de la Caravelle le 2 Mars 1976 et la mise en place de suivis scientifiques réguliers, l'observation de moqueurs gorge-blanche est devenue de plus en plus fréquente. En effet, en 1987, Edouard Benito-Espinal et Patricia Hautcastel ont dénombré 15 couples et trois ans plus tard, Evans a estimé la présence de 40 couples. En 1994, l'union internationale pour la conservation de la nature (U.I.C.N.) a classé l'espèce au rang de « menacée » puis au rang « en danger » sur sa liste rouge des espèces menacées (BirdLife International 2018). Actuellement, la conservation et l'étude de cette espèce sont sous la responsabilité du P.N.R.M. dans le cadre du plan de gestion de la R.N.N.C.

2.2. État de l'art de la production de savoir sur le Moqueur

À l'analyse des documents historiques, on observe quatre périodes concernant la dynamique des savoirs. Une première période correspond à des savoirs autochtones et à des observations effectuées par les premiers colons lors de la pratique de la chasse. Au cours de cette période, l'ensemble des connaissances reposent sur des savoirs d'usage basés sur l'expérience. Les traces écrites sont rares. Les premières proviennent des gravures et journaux de voyageurs naturalistes. Nous ne disposons pas de documents originaux datant de cette période.

La deuxième période, ou période des expéditions naturalistes, met en évidence un nombre important d'observations où la quantification devient prépondérante. Le document de Jean-Baptiste Mathieu Thibault de Chanvalon correspond à un récit de voyage et les rares observations naturalistes d'oiseaux présentent une faible couverture textuelle. Nous ne disposons pas des moyens suffisants pour qualifier les types de savoirs présents dans tout l'ouvrage. Cependant, deux allusions à des méthodes de classification, l'une concernant M. Brisson et l'autre M. de Réaumur, mettent en évidence l'existence probable de prémices de taxinomie concernant l'étude du vivant à cette époque. Cependant la méthode n'étant pas mise en œuvre dans l'ouvrage, nous le considérons dans son intégralité comme constitué de savoirs d'usage basés sur l'expérience. De notre corpus documentaire, la production de Cory (1892) présente uniquement des listes d'espèces faisant état de leurs observations. Le pourcentage de couverture sur cet ouvrage pour l'espèce Moqueur gorge-blanche est de 0,02%.

Les îles des Petites Antilles étaient considérées comme des véritables laboratoires dans lesquels les théories et concepts étaient testés sur de nouvelles espèces méconnues du monde occidental (Gros-Désormeaux *et al.* 2016). Passionnés de théories et de découvertes, des chroniqueurs et autres naturalistes enchaînent de plus ou moins longs séjours dans les îles. Au cours de cette période, la méthode de production de savoirs reposait essentiellement sur des observations invasives. Au niveau de la faune, les individus sont tués pour être identifiés. Pour ce qui est de la flore, des arbres sont abattus. Ces prélèvements ont eu lieu de façon ponctuelle jusqu'à la création de la réserve naturelle nationale de la Caravelle. Pour preuves, de nombreux specimens de Moqueur gorge-blanche sont actuellement conservés dans plusieurs musées : American Museum of Natural History of New-York, National History Museum of London, Muséum National d'Histoire Naturelle de Paris, Yale Peabody Museum (New Haven), University of Michigan Museum of Zoology (Michigan), Royal Ontario Museum (Ontario), Royal Belgian Institute of Natural Sciences (Bruxelles), Field Museum of Natural History (Chicago), Museum

of Comparative Zoology, Harvard University (Cambridge), Louisiana State University Museum of Natural Science (Louisiane), Academy of Natural Sciences of Drexel University (Philadelphie), Carnegie Museum of Natural History (Pittsburgh). Au total, nous avons répertoriés près d'une centaine de spécimens différents. Il n'est pas impossible que ces prélèvements réguliers d'individus aient participé au déclin de l'espèce, voire à sa quasi-extinction (Huggan et Tiffin 2007).

Ces prélèvements ont mené à la création des premiers savoirs rationalisés institutionnels sur le Moqueur gorge-blanche. Il s'agit des dénominations taxonomiques, ainsi que des descriptions générales d'individus qui permettent de débiter le classement des espèces par la systématique. L'analyse des contenus révèle une récurrence d'approches morphométriques et anatomiques quantitativistes pour décrire les espèces. Chronologiquement, deux documents apparaissent comme significatifs. Le premier est le catalogue descriptif ornithologique de Ridgway (1907). Ce document correspond au tome 5 qui consacre moins de 1% de ses 1083 pages de contenu à faire le bilan des savoirs sur le Moqueur gorge-blanche : cela témoigne du peu de connaissances présentes pour cette espèce en 1907. Le second document est le livre rédigé par le Père Robert Pinchon concernant la Faune des Antilles Françaises, et plus précisément les oiseaux. Le Père Pinchon était Docteur ès Sciences et correspondant du Muséum d'Histoire naturelle de Paris. En ce qui concerne le Moqueur gorge-blanche, 1,44% des 324 pages de cet ouvrage rappellent l'ensemble des connaissances sur les populations de cet oiseau acquises jusqu'en 1976. Ce pourcentage correspond à peine à quatre pages de l'ouvrage, incluant une photographie de nid. Parmi ces savoirs, on a majoritairement des observations naturalistes que nous pouvons qualifier de savoirs d'usage basés sur l'expérience.

Les savoirs produits au cours de la période des expéditions naturalistes ont participé à justifier la création de la Réserve Naturelle Nationale de la Caravelle (R.N.N.C.) qui marque le début de la troisième période. Créée le 2 Mars 1976 par le Ministère français en charge des questions

environnementales, elle implique une politique de protection et de préservation de l'habitat et des espèces (Gouillart 1996). Le statut de réserve nationale a offert l'opportunité d'accroître la production de savoirs. Les mesures concrètes de conservation de l'espèce se sont opérationnalisées par la mise en place de la réserve, l'acquisition de terrains par le conservatoire du littoral et par la fermeture de sentiers. L'année 1988, date à laquelle l'U.I.C.N. classe le Moqueur au rang « d'espèce menacée », correspond au moment où la production de savoirs sur le Moqueur gorge-blanche a augmenté de manière significative : 45% des rapports sur le Moqueur gorge-blanche ont été produit par des associations, des bureaux d'étude et des établissements académiques à partir de cette période. Ce sont essentiellement des rapports institutionnels. Une analyse plus fine du contenu de ces rapports montre que les catégories de savoirs mobilisés sont de proportions variables (Figure 3).

La quatrième période débute dans les années 1990. Période de développement des préoccupations environnementales avec une augmentation des catastrophes technologiques, les sciences et techniques apparaissent comme étant la source principale de progrès humains. Dans cette continuité, le début des années 2000 apparaît comme étant le point de départ d'une inflation du recours à l'expert et à l'expertise (Granjou 2003), expliquant la croissance significative des études sur différentes espèces (Damay 2011). Ce constat est visible par l'étude des savoirs relatifs au Moqueur gorge-blanche. En effet, si les données dont nous disposons mettent en évidence 300 ans de production de connaissances sur l'espèce, la majorité des savoirs mobilisés actuellement pour la conservation des moqueurs gorge-blanche sont récents car ils datent de 2001. C'est précisément à partir de cette date que l'on observe l'augmentation du nombre de publications et la diminution de productions à connotation littéraire sur l'espèce. En effet, on observe que 44% des documents produits correspondent à des publications scientifiques et qu'un seul livre a été rédigé sur le Moqueur gorge-blanche de Martinique. Néanmoins, sur une vingtaine de publications, onze, sept et deux d'entre-elles présentent respectivement moins de 2%, entre 2%

et 6% et plus de 6% de contenu consacré au Moqueur gorge-blanc pour les savoirs rationalisés institutionnels (Figure 4). En ce qui concerne les savoirs d'usage basés sur l'expérience, sur les vingt publications scientifiques, cinq, dix et quatre d'entre-elles présentent respectivement moins de 2%, entre 2% et 10% et plus de 10% de couverture textuelle concernant les savoirs d'usage basé sur l'expérience.

Pour l'ensemble des données, la part de savoirs d'usage basés sur l'expérience est quantitativement plus importante (319 références) que les savoirs rationalisés institutionnels (188 références).

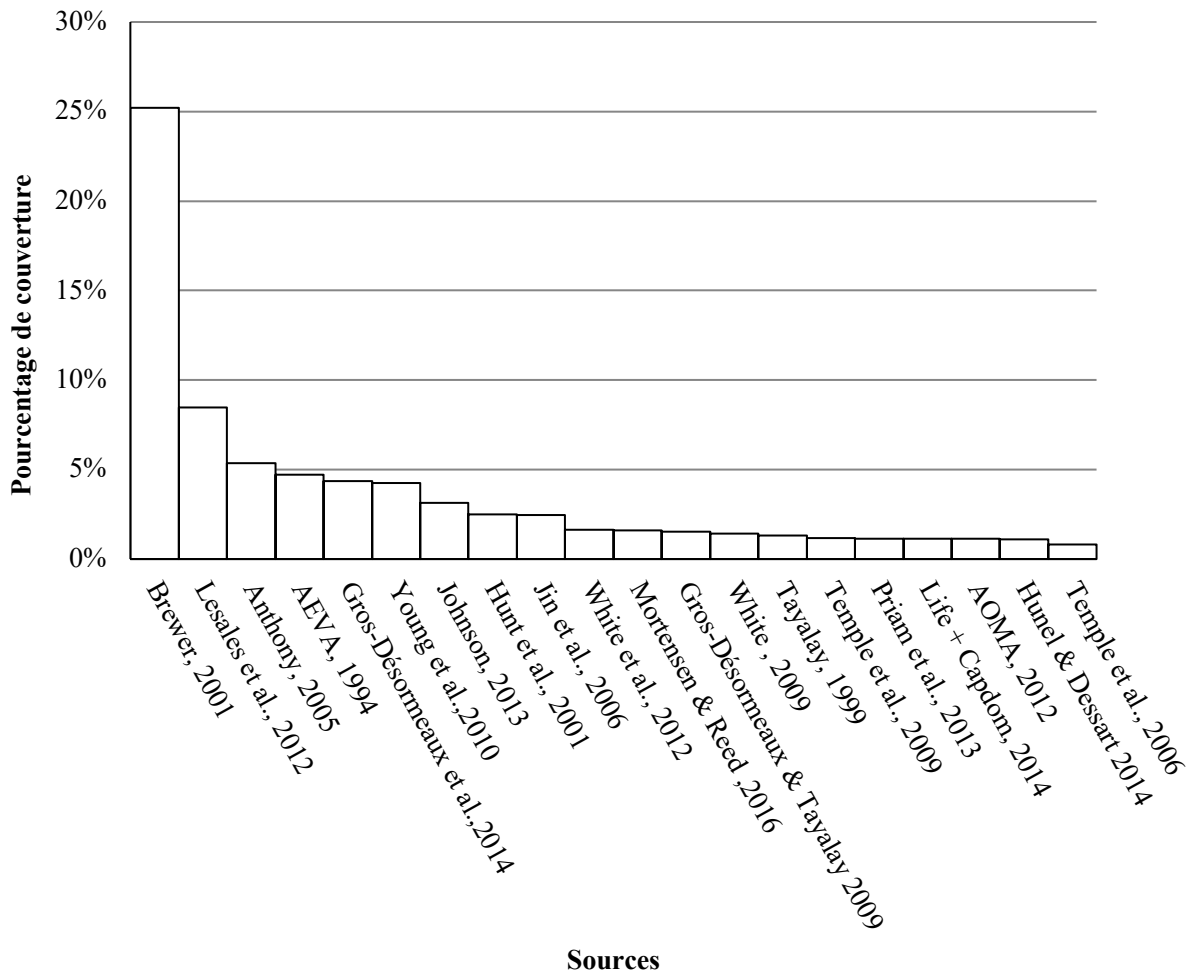


Figure 3 : Pourcentages de couverture textuelle des savoirs rationalisés institutionnels existants pour le Moqueur gorge-blanc (*Ramphocinclus brachyurus*) en fonction des sources analysées.

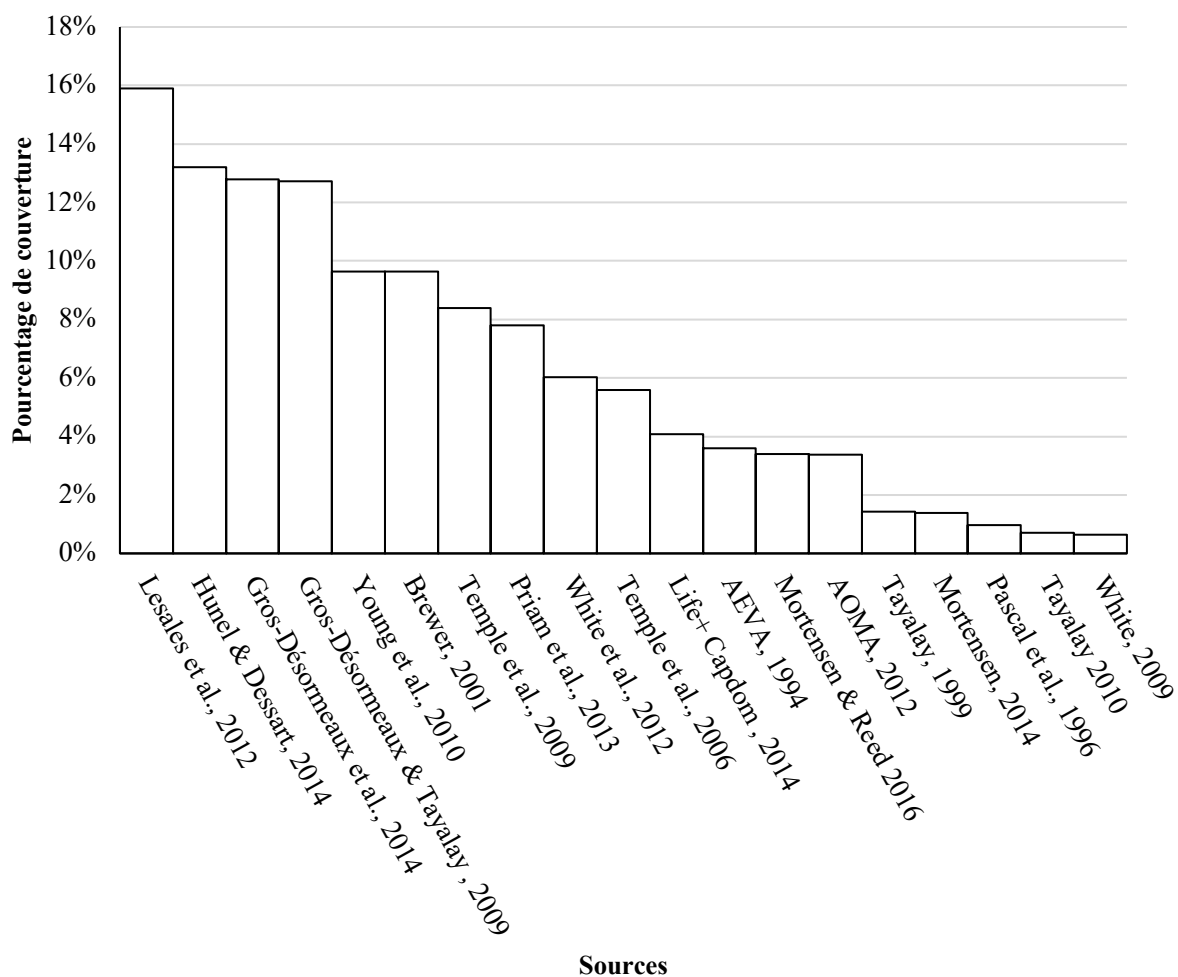


Figure 4 : Pourcentage de couverture textuelle des savoirs d'usage basés sur l'expérience pour le Moqueur gorge-blanc (*R. b. brachyurus*) en fonction des documents analysés.

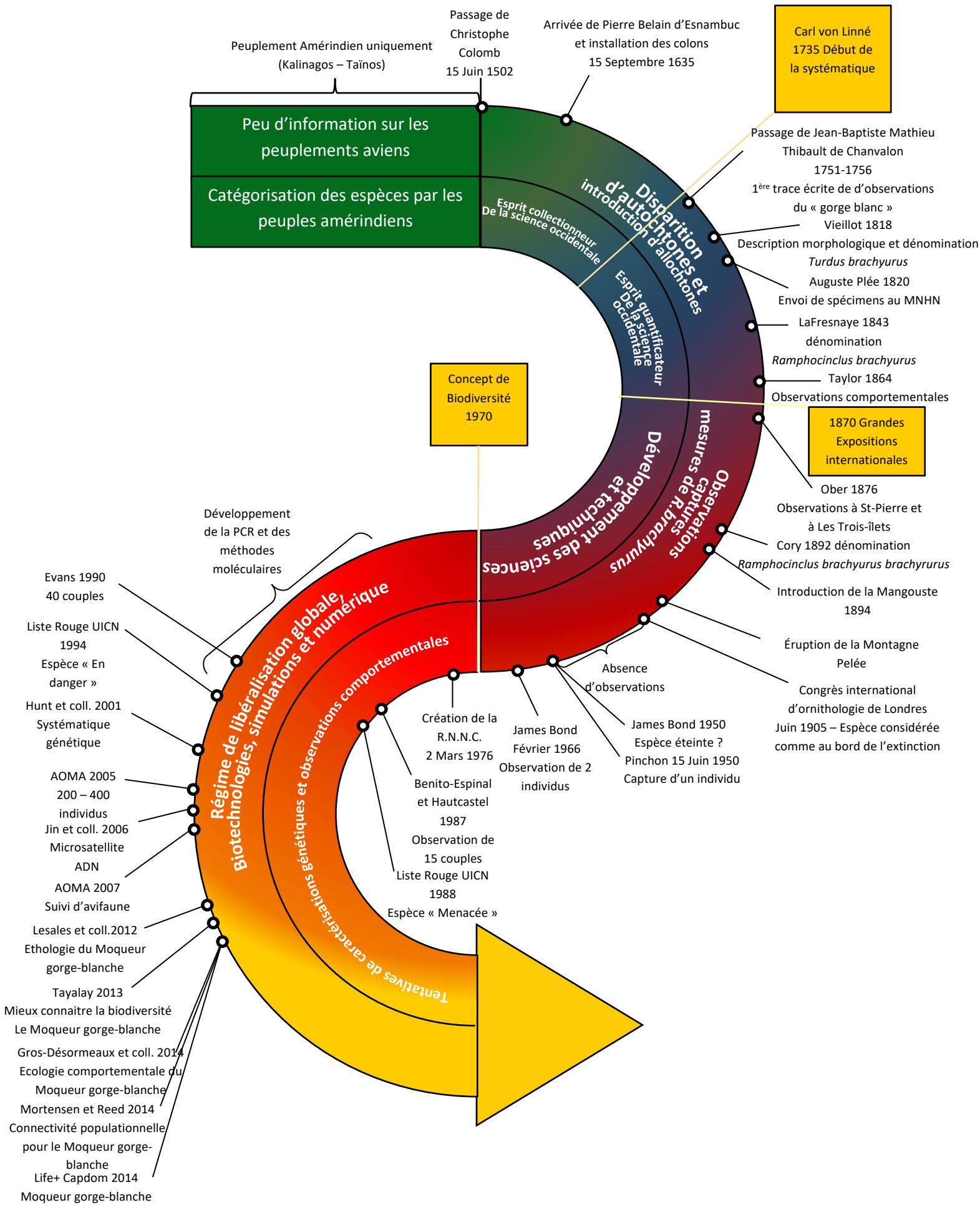


Figure 5: Frise chronologique retraçant l'histoire naturelle et les événements historiques scientifiques marquant pour le Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*).

Sur les 44 documents analysés, 26 font appel à des savoirs de type rationalisé institutionnel avec en moyenne un pourcentage de couverture textuelle d'environ 2,5%, et 26 font appel à des savoirs d'usage basés sur l'expérience avec en moyenne un pourcentage de couverture textuelle de 0,7%. Sur l'ensemble des savoirs existants sur le Moqueur gorge-blanche dans notre corpus (Annexe 4), on observe une prévalence d'éléments traitant des individus et des populations.

La génétique est traitée dans quatre publications scientifiques et un seul rapport institutionnel, celui du projet européen Life+ Capdom (Conservation de l'Avifaune Protégée des Départements d'Outre-Mer). Les savoirs rationalisés institutionnels sont mobilisés dans 17,3% des documents traitants de questions génétiques pour *R. b. brachyurus*. Les savoirs d'usage basés sur l'expérience sont eux mobilisés dans 14,8% des documents traitant de la question génétique chez *R. b. brachyurus*.

L'étude des individus représente 80% du corpus sous forme de savoirs rationalisés institutionnels et 90% de ce dernier à partir de savoirs d'usage basés sur l'expérience. La prépondérance de ces savoirs dans notre étude peut-être due à l'importance des études comportementales. Au niveau populationnel, 78% des documents y sont consacrés à partir de savoirs rationalisés institutionnels et 91% traitent de ce niveau d'intégration à partir de savoirs d'usage basés sur l'expérience. Enfin, l'espèce est respectivement traitée à 76% et à 36% du corpus à partir de savoirs rationalisés institutionnels et de savoirs d'usages basés sur l'expérience.

Le savoir d'usage basé sur l'expérience est bien plus mobilisé que des savoirs rationalisés institutionnels. La frise chronologique permet d'illustrer la prépondérance de cette catégorie de savoir dans les sources. Plusieurs périodes apparaissent comme cruciales dans ce processus de construction de savoirs (Figure 5).

2.3 Présentation du modèle “sociobiologique”

En 2016, la population mondiale de moqueurs gorge-blanche était estimée à moins de 2000 adultes dont environ 15% sont localisés en Martinique (Mortensen et Reed 2016). L'espèce est classée comme "en danger" dans la liste rouge de l'UICN (BirdLife International 2018). Le Moqueur gorge-blanche est un oiseau de la famille des Mimidés constituée de 10 genres et de 34 espèces. Les Mimidés font partie des 25 familles d'oiseaux au monde qui ont les plus hauts pourcentages d'espèces menacées, et dont 20 espèces sont globalement en danger et 9 espèces sont au rang de 'danger critique' (Donald *et al.* 2010). Les oiseaux appartenant à cette famille ont une répartition géographique vaste incluant les zones “néo-arctique” et “néo-tropicale”. Selon la classification actuelle, le genre *Ramphocinclus* ne compte qu'une espèce constituée de deux sous-espèces, une sous-espèce endémique de la Martinique, *R. brachyurus brachyurus*, et l'autre de Sainte-Lucie, *R. brachyurus sanctaeluciae*. Des différences morphologiques (taille, couleur des plumes) et comportementales (vocalisations) ont été mises en évidence entre ces deux sous-espèces (Storer 1989, Temple *et al.* 2009, Gros-Désormeaux *et al.* 2014, Mortensen et Reed 2016). Des différences démographiques existent également entre les deux sous-espèces. En effet, à St-Lucie, la population a été estimée entre 1200 et 1700 individus (Young *et al.* 2010, Mortensen et Reed 2016) alors qu'en Martinique elle a été estimée entre 200 et 400 individus (Gros-Désormeaux et Tayalay 2009). De plus, des études récentes publiées sur le degré de différenciation génétique suggèrent de ne plus considérer les deux homologues comme deux sous-espèces mais bien en tant que deux espèces distinctes (DaCosta *et al.* 2019). Une telle reconsidération aurait pour conséquence un passage d'espèce 'en danger' au rang supérieur d'espèce 'en danger critique d'extinction'. De par sa rareté et son caractère d'endémique restreint sur le territoire de la Martinique, la nécessité de la conservation du moqueur gorge-blanche apparaît comme élément d'importance capitale.

Décrit comme étant l'espèce la plus petite des Mimidés, le Moqueur gorge-blanche possède des caractéristiques physiques inhérentes aux Mimidés. Il possède une longue queue, des pattes robustes et fortes ainsi qu'un bec courbé qui lui permettent de fouiller et gratter le sol à la recherche de proies potentielles (Brewer 2010).

L'étude la plus récente publiée qui a traitée des mesures biométriques sur la sous espèce Martiniquaise est l'étude de Storer en 1989. En effet, ce dernier présente une étude quantifiant le niveau de dimorphisme pour les Trembleurs (*Cinclocerthia*) et les Moqueurs gorge-blanche (*Ramphocinclus*) présents sur différentes îles des Petites Antilles. En faisant cette étude, il a publié les résultats de mesures de différents caractères morphologiques tels que la longueur de la queue, la longueur de l'aile, la longueur du tarse et la taille du bec pour des spécimens *R. b. brachyurus* présent uniquement en Martinique. Storer (1989) a mis en évidence l'absence de dimorphisme sexuel entre les mâles et les femelles. Malgré la vulnérabilité attestée des populations présentes à la Presqu'île de la Caravelle, l'état de l'art révèle une absence de travaux sur la physiologie du Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*), de nombreuses connaissances cruciales pour la conservation de cette espèce sont également manquantes : c'est le cas des conditions d'alimentation, les conditions de nidification, les modes de reproduction et bien d'autres caractéristiques et traits d'histoire de vie qui restent très peu connus. En ce qui concerne les conditions d'alimentations, chez le Moqueur gorge-blanche adulte, l'activité d'approvisionnement se déroule majoritairement au sol. Des observations ont mis en évidence des modes variés de recherche de nourriture pour cette espèce (Bulens *et al.* 1994, Tayalay 1999, Lesales *et al.* 2012). En effet, des individus ont été observés grattant les branches ou l'écorce de certains arbres. D'autres ont été observés se nourrissant de fruits comme les mangues, les baies du bois-chique (*Ardisia obovata*) (Lesales *et al.* 2012) mais aussi d'organismes variés (arthropodes, orthoptères, reptiles, vers,...) présents à différentes strates dans cet écosystème forestier (Gros-Désormeaux *et al.* 2014). Parmi les comportements cruciaux à connaître chez le

Moqueur gorge-blanche, la connaissance de son mode de reproduction est d'une importance capitale. Au cours de cette activité, la conception d'un nid est une étape incontournable car il s'agit d'un élément qui présente trois fonctions principales : le support des nids et des jeunes, leur protection face à des éléments climatiques et leur camouflage face à la prédation (Brosset 1974). En ce qui concerne le système de reproduction, le Moqueur gorge-blanche de Sainte-Lucie (*Ramphocinclus brachyurus sanctaeluciae*) applique la reproduction coopérative. La reproduction coopérative caractérise un ensemble de systèmes de reproduction dont la particularité commune est que des individus (nommés « helpers ») qui au lieu de se reproduire eux-mêmes, aident d'autres à se reproduire (Stacey et Koenig 1990). Il s'agit souvent de jeunes de l'année précédente qui aident des apparentés (Russell et Hatchwell 2001). Parmi les activités liées à la reproduction coopérative, l'approvisionnement social semble être une conséquence de ce mode de reproduction. En effet, les « helpers » sont tolérés par les individus reproducteurs (Kokko *et al.* 2002). Il n'a pas été démontré que le Moqueur gorge-blanche de Martinique (*R. b. brachyurus*) fasse de la reproduction coopérative. Cependant, les observations répétées de groupes de trois individus en quête d'approvisionnement pourraient être des indices sur leur mode de reproduction. Si tel était le cas, il serait nécessaire de s'intéresser aux bénéfices directs et aux bénéfices indirects d'un tel système social sur les individus en termes de réduction de risques de prédation ou en termes d'avantages liés à l'exploitation de la ressource.

Parmi les prédateurs confirmés du Moqueur gorge-blanche figurent la Mangouste de Java (*Herpestes javanicus auropunctatus*), l'Opossum commun ou « Manikou » (*Didelphis marsupialis*) et le Rat (*Rattus rattus*).

La Mangouste de Java est un petit mammifère (Figure 6) dont l'introduction dans la Caraïbe a historiquement été réalisée à plusieurs reprises (Yamada et Sugimura 2004, Lewis *et al.* 2011).



Figure 6 : Mangouste de Java (*Herpestes javanicus auropunctatus*). Deux individus observés à proximité du lieu-dit « Château Dubuc ». Conception : Steven SON. Sources : PNRM & CNRS (2016).

Il semblerait que son rôle dans la raréfaction des moqueurs gorge-blanche n'ait jamais réellement été établi (Lesales *et al.* 2012, Gros-Désormeaux *et al.* 2016). Cependant, c'est trois ans après son introduction à la Martinique (1891) que le déclin exceptionnel des populations de Moqueur gorge-blanche ait été observé (*cf.* section 2.2.). Les observations naturalistes soupçonnent la Mangouste de présenter des comportements prédateurs envers *R.b.brachryurus* du nid, à l'état juvénile (Gros-Désormeaux *et al.* 2014) – et à l'état adulte – d'où la vigilance – (*cf.* section 4.4.). Cette espèce exotique envahissante est connue mondialement pour son impact important sur les populations d'espèces endémiques (Yamada et Sugimura 2004), semble avoir une répartition sur l'ensemble de la zone. En ce qui concerne leur mode de prédation au nid, les mangoustes repèrent les nids au cours de leur passage dans les sous-bois, d'où l'importance du choix du placement du nid. Dès qu'un nid est repéré, l'individu va grimper sur l'espèce support à partir du tronc puis va manger le contenu du nid (œufs ou juvéniles). En 1996, une étude a été menée par l'Association pour l'étude des vertébrés aux Antilles (A.E.V.A.) sur la faisabilité de l'éradication de la mangouste au niveau de la Presqu'île de la Caravelle (Pascal *et al.* 1996). Le rapport contient les conclusions suivantes : « l'option la plus opérationnelle dans l'état actuel des connaissances consisterait à tenter l'éradication de la Mangouste et d'opérer simultanément un contrôle des

effectifs et la mesure de quelques paramètres démographiques des Rats et du Manicou afin de s'assurer que ces derniers ne tirent pas avantage de la disparition du prédateur ». Cependant, la fin de ce rapport met en évidence l'impossibilité technique de mettre en place de telles actions. Le rat (*Rattus rattus*) semble être un autre prédateur important des œufs de Moqueur gorge-blanche. D'activité principalement nocturne, il a également été observé se nourrissant d'œufs de Moqueurs dans les nids (Figure 7).



Figure 7 : Rat se nourrissant d'œufs de Moqueur gorge-blanche. Capture d'écran de vidéo nocturne enregistrée à l'aide de pièges photographiques Reconyx XR6. Conception : Thomas Alexandrine. Propriété de DiSC (Dispositif de suivi des changements), Source : PNRM & CNRS (2018).

Il met en œuvre différentes manières d'accéder aux nids : grimper au tronc de l'espèce support ; se laisser tomber d'arbres surplombant le nid ; passer par des branches à proximité (Figure 8).



Figure 8 : Rat accédant au nid de Moqueur gorge-blanche en passant par les branches d'un arbre avoisinant. Capture d'écran de vidéo nocturne enregistré à l'aide de pièges photographiques Reconyx XR6. Conception : Thomas Alexandrine. Propriété de DiSC (Dispositif de suivi des changements), Source : PNRM et CNRS (2018).

Le Opossum commun (*Didelphis marsupialis*), est un mammifère nocturne possédant une répartition géographique vaste allant du Sud du Mexique jusqu'aux forêts d'Amérique du Sud. Son rôle en tant que prédateur du Moqueur gorge-blanche a longtemps été mis en doute. Cependant, les enregistrements répétés de Manicou grim pant les supports et mangeant des œufs de *R.b. brachyurus* permettent de définitivement le considérer comme prédateur (Figure 8).



Figure 9 : Manicou accédant par le tronc au nid de Moqueur gorge-blanche. . Capture d'écran de vidéo nocturne enregistré à l'aide de pièges photographiques Reconyx XR6. Conception : Thomas Alexandrine. Propriété de DiSC (Dispositif de suivi des changements), Source : PNRM et CNRS (2018).

La multitude de stratégies comportementales de ces espèces démontre l'importance pour les moqueurs de choisir les meilleurs emplacements pour nicher. Cette adaptation des moqueurs est ici considérée comme le produit d'une réponse comportementale à de fortes pressions de prédation. Elle est cruciale car elle a des conséquences directes sur la ponte et la survie des jeunes. En outre, le lieu choisi pour le positionnement du nid dans des espaces forestiers complexes pose des questions sur la perception qu'ont les moqueurs gorge-blanche – et plus généralement les oiseaux – de leur environnement.

En conclusion, les méthodes de construction de savoirs sur le Moqueur gorge-blanche sont élaborées en fonction de leur pertinence par rapport aux choix et aux actions de conservation. Au-delà d'une production de savoirs sur le Moqueur gorge-blanche dédiée à l'accumulation de savoirs divers et variés, cette déclinaison scientifique de la production de savoirs se veut en société au service des acteurs de la conservation. C'est pour cette raison qu'il a été crucial de replacer le contexte socio-écologique dans lequel se place la conservation du Moqueur.

Chapitre 3 : Contexte socio-écologique du site d'étude

Le concept de Système socioécologique (Ses) analyse les interactions entre une organisation sociale et un écosystème dans le but d'une gestion conjointe (Berkes et Folke 1998, De Aranzabal *et al.* 2008, Bourgeron *et al.* 2009, Morán-Ordóñez *et al.* 2013). La socio-écologie correspondrait donc à la modélisation théorique des systèmes permettant d'envisager les relations entre les individus et leur environnement. Cette modélisation se structure sous forme d'emboîtement de systèmes qui renseignent sur la composition des systèmes et les différentes interactions qui s'y déroulent, qu'elles soient intra ou inter systèmes. L'intérêt de mobiliser cette approche, en ce qui concerne le lieu de vie du Moqueur gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*), réside à la fois dans la prise en compte des connaissances d'ordre purement écologique ainsi que celles provenant des sciences sociales. La connaissance de la protection effective de cet endémique restreint au regard de sa biologie pourrait permettre de mieux comprendre et mieux appréhender les difficultés auxquelles sont confrontés les gestionnaires.

Lieux privilégiés pour les études en écologie et évolution, les espaces insulaires nourrissent depuis longtemps différents domaines de la biologie évolutive (Whittaker *et al.* 2007). Considérés comme des « laboratoires naturels », ils permettaient la mise à l'épreuve de théories générales comme celle de la « sélection naturelle » (Darwin 1859), et celle de la « biogéographie insulaire » (MacArthur et Wilson 1963, Denslow 2001, Gorman 2012). Par définition, ces espaces insulaires désignent des espaces naturels isolés d'autres espaces similaires par des étendues de structures différentes (Blondel 1995, Ramade 2008), et ne concernent donc pas seulement des terres émergées entourées d'eau. Les conditions d'insularité favorisent l'émergence de singularités écologiques et biologiques principalement liées à leur degré d'isolement et à la superficie des îles. Par exemple, chez certaines espèces insulaires, on observe des expressions phénotypiques différentes de celles du milieu continental voisin, comme c'est le cas chez certaines espèces de lézards du genre *Anolis*, où les populations insulaires de la Caraïbe

présentent des tailles corporelles différentes de celles des populations d'Amérique continentales (Macrini *et al.* 2003).

Selon Whittaker *et al.* (2007), il est fréquent d'observer que pour une même espèce, les populations insulaires sont plus vulnérables au risque d'extinction que les populations continentales : du fait de leurs faibles tailles de populations (Purvis *et al.* 2000), de répartitions géographiques restreintes ou erratiques (Harris et Pimm 2008) et de l'instabilité des écosystèmes insulaires (Fonseca et Ganade 2001), les organismes insulaires semblent vivre dans des conditions plus instables que les continentaux. Il semblerait qu'il y ait une proportion plus importante d'espèces insulaires menacées que d'espèces continentales (Donald *et al.* 2010). Parmi les espèces les plus menacées, 41% d'entre elles vivent en milieux insulaires. Beaucoup de zones insulaires ont été désignées comme *hotspots* de la biodiversité (Myers *et al.* 2000, Mittermeier *et al.* 2011, Anadon-Irizarry *et al.* 2012). Au niveau mondial, ce sont des régions clés de la biodiversité qui sont identifiées comme prioritaires en termes de conservation des espèces (Myers *et al.* 2000, Mittermeier *et al.* 2011). Elles ont été choisies selon différents critères qui sont revisités régulièrement (Mittermeier *et al.* 2011 ; Annexe 1).

3.1. La Réserve naturelle de la Caravelle

Parmi les Aires protégées forestières des Petites Antilles, la Réserve Naturelle Nationale de la Caravelle (R.N.N.C.) située sur la Presqu'île de la Caravelle en Martinique (Figure 10), a été classée en catégorie IV, c'est-à-dire qu'il s'agit d'un espace de gestion pour une conservation de nature interventionniste.



Figure 10 : Image satellite de la Presqu'île de la Caravelle en Martinique.

Faisant partie des 17 aires protégées forestières des Petites Antilles, elle représente une superficie inférieure à 1% de la superficie globale des aires protégées forestières des Petites Antilles. La végétation boisée occupe 95,4% de la superficie de la R.N.N.C. Ce pourcentage positionne cette aire protégée comme étant la première en termes de couverture de végétation boisée pour les Petites Antilles. La Presqu'île de la Caravelle (14°46'N, 60°53'W) en Martinique présente

différents types d'occupation du sol. Les sols nus, les savanes, les formations littorales et les bassins versants couverts de végétation représentent les quatre catégories paysagères observables. Les bassins versants couverts de végétation occupent majoritairement la Presqu'île de la Caravelle. Ils sont composés de bassins alluviaux à « bois-lait » (*Tabernaemontana citrifolia*), de formations à « bois rouge » (*Coccoloba swartzii*) accompagnés de « mapous » (*Pisonia fragrans*), de fourrés à « merisier » (*Myrcia citrifolia*) et « ti-baume » (*Croton flavens*), de formations à « raisiniers grandes feuilles » (*Coccoloba pubescens*), de forêts relictuelles à « acomats » (*Sideroxylon foetidissimum*) ou à « courbarils » (*Hymenaea courbaril*) et de formations à succulentes et épiphytes sur substrat rocheux. On observe également des formations littorales divisées en deux catégories : les mangroves, et les bois sur sable à « mancenilliers » (*Hippomane mancinella*). De plus, on observe de nombreuses constructions d'origine humaine. Enfin, la dernière formation paysagère est la savane qui peut être soit d'origine biotique récente soit d'origine abiotique ancienne (Vennetier 2015). Il s'agit par conséquent d'un véritable écosystème complexe (Blandin et Lamotte 1988, Lerandy et Chery 2013). La végétation présente au niveau de la Presqu'île de la Caravelle est un exemple remarquable de forêt sèche dans les Petites Antilles. Cela est principalement dû à la géologie, aux spécificités climatiques, à l'hydrologie et à l'occupation humaine historique de la Presqu'île de la Caravelle. En tant que forêt sèche, elle présente une petite structure et une composition plus simple que les forêts humides de la région (Bullock *et al.* 1995). Le substrat calcaire sur lequel elle repose l'expose à des stress hydriques et à des limitations nutritionnelles (Lugo *et al.* 2006). Parmi les forêts des Petites Antilles, la forêt sèche semi-décidue occupe une superficie d'approximativement 14300 hectares (Portécop 2009). Elle est écologiquement importante, car elle participe à la *résistance* de l'écosystème. En climat sec, elle préserve des érosions éoliennes et hydriques en jouant le rôle de 'brise-vent' et elle conserve l'humidité et l'aération dans le sol. En climat humide, la forêt sèche préserve des eaux de ruissellement en saison des pluies et limite l'impact de gonflement des argiles par les eaux

d'infiltration (Bergonzini et Lanly 2000). L'autre aspect soulignant son importance est qu'elle abrite une diversité biologique inférieure à celle que l'on peut observer en forêt humide, mais le nombre réduit d'espèces qui la constituent caractérise l'aspect et la physionomie des milieux. Cette faible diversité spécifique souligne le caractère vulnérable de la forêt sèche subtropicale. En effet, elle fait partie du 3^{ème} biome le plus à risque en termes de perte de biodiversité (Hoekstra *et al.* 2005). Selon Miles *et al.* 2006, 97% des espaces de forêt sèche tropicale sont menacés. Cependant, seules 28% des forêts sèches tropicales coïncident avec des aires protégées et parmi elles 71,8% sont localisées en Amérique du Sud. En prenant en considération ces éléments et les enjeux de biodiversité, la forêt sèche tropicale devrait être une priorité en termes de conservation. À l'extrémité Est de la Presqu'île de la Caravelle se trouve la R.N.N.C (Figure 11).



Figure 11 : Sites d'étude pour le Moqueur gorge-blanc (*R. b. brachyurus*). En vert, le territoire terrestre de la R.N.N.C.

La création de la R.N.N.C. remonte au 2 mars 1976 (Annexe 2), date d'application de l'arrêté ministériel établi après une proposition du syndicat mixte du Parc Naturel Régional de Martinique (P.N.R.M.) et la mise en évidence de l'intérêt scientifique de la Presqu'île de la Caravelle par le Professeur Jacques Portecop. Une convention de gestion signée en novembre 1981 entre le Ministère de l'Environnement et le syndicat mixte du P.N.R.M. donne l'autorité de gestion au parc régional sous la responsabilité de l'État. Sept années plus tard, des parcelles d'exploitation agricole sur le lieu-dit « Baie du Trésor » ont été acquises par le Conservatoire de littoral augmentant ainsi la surface du territoire de la réserve à 376 ha. La protection de la R.N.N.C. deviendra réellement effective à partir de 1994 avec la mise en application d'un règlement intérieur qui reprend et complète l'arrêté préfectoral du 2 mars 1994 (Tollu *et al.* 2012). En effet, ce règlement intérieur rappelle à tout usager qu'il est strictement interdit: « de chasser et de transporter des armes à feu ; de pêcher et de transporter du matériel de pêche ; de capturer toutes les espèces de crabes ; de camper, de bivouaquer et de pique-niquer ; de faire pâturer des animaux domestiques ; de circuler à V.T.T., d'escalader et de pratiquer la plongée sportive ; de circuler en véhicules et/ou en cycles en dehors de l'accès au Château Dubuc ; de circuler en dehors des sentiers de découverte balisés ; de déposer des ordures et des détritiques ; de faire du feu et d'utiliser tout instrument sonore ; de faire des inscriptions de toute nature ; d'introduire des chiens sur l'espace ; de ramasser des roches, des minéraux et des fossiles ; de dégrader des sites géologiques et des gîtes fossilifères ou minéralogiques ; et d'introduire ou de détruire des plantes et des animaux ».

L'une des missions des gardes du P.N.R.M. est de faire respecter ce règlement. Par leur fonction de police de l'environnement, ces derniers en qualité de fonctionnaires assermentés sont autorisés par le Ministère de l'Intérieur à dresser des contraventions aux usagers ne respectant pas cette réglementation (Prieur *et al.* 2016).

C'est grâce à une convention de novembre 1981, signée par le Ministère de l'Environnement, que le syndicat mixte du P.N.R.M. devient responsable de la gestion des 388 ha de la R.N.N.C. Renouvelée en août 2012, elle stipule que le P.N.R.M. définit les missions du gestionnaire et fixe les modalités de règlement des dépenses engagées. Il est assisté par un comité consultatif de gestion dont la composition est établie par l'arrêté préfectoral du 5 novembre 1989. Ainsi, tous les partenaires de la réserve (administrations, usagers scientifiques, élus locaux, propriétaires et responsables d'associations) se réunissent au moins une fois par an. Ce comité s'intéresse à toute question relevant de la gestion de la réserve et examine les propositions d'aménagement présentées par le P.N.R.M. Les actions de conservation sont planifiées par un plan de gestion d'une durée de cinq ans. Entre 2014 et 2018, le syndicat mixte du P.N.R.M. s'est fixé pour objectif de maintenir les populations d'oiseaux endémiques et remarquables qui fréquentent ce site (Lerandy et Chery 2013).

3.2. Les écotopes du Moqueur gorge-blanche

La détermination de la distribution du Moqueur gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*) sur l'ensemble de la Presqu'île de la Caravelle (Gros-Désormeaux *et al.*, non publié , Tayalay 1999 , Tayalay et Gros-Désormeaux 2006 , Priam *et al.* 2013 , Béranger et Gros-Désormeaux 2013, Cheula *et al.* 2010) a fait l'objet de tentatives dans le cadre de deux projets européens, CARIBSAT (INTERREG V) et CAP-DOM (Life+). La modélisation spatiale des probabilités de présence de l'espèce a permis de proposer des 'hotspots' (Figure 12).

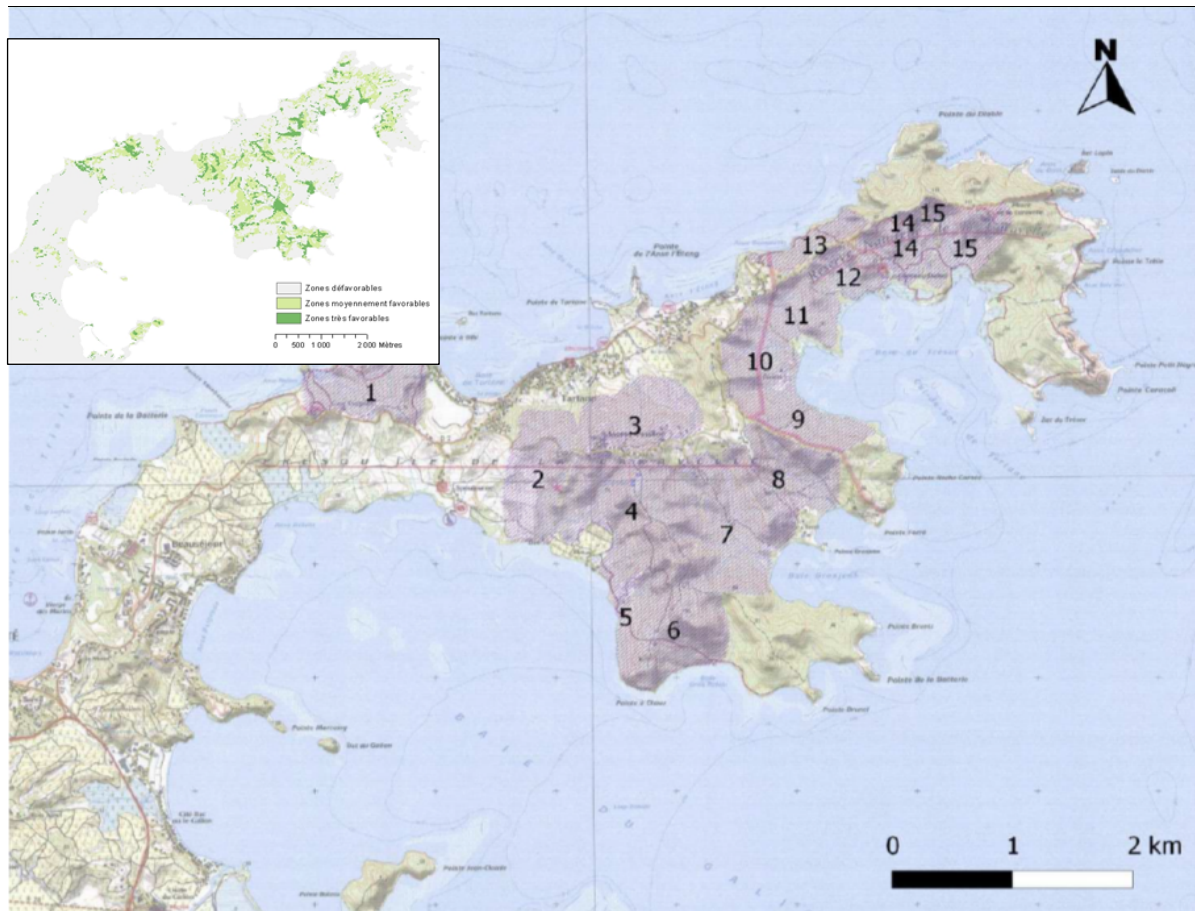


Figure 12 : « Hotspots » du Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) sur la presqu'île de la Caravelle (Béranger et Gros-Désormeaux, 2013).

Ces hotspots se superposent aux espaces boisés de la R.N.N.C. À l'interface entre les lits de cours d'eau temporaires et l'arrière mangrove, les sols y sont humides et sans nappe salée. Temple (2005) a démontré que l'occupation de sites par des populations de Moqueur gorge-blanche est hautement corrélée à la densité de faune édaphique. Or, la relative humidité édaphique des lits mineurs de cours d'eau temporaires associée à la bonne qualité du sol favorise une importante faune édaphique. Cela explique que le Moqueur gorge-blanche se rencontre particulièrement dans ces espaces lors de sa recherche de nourriture ; il s'agit de son écotope de nutrition. L'écotope, au sens de Whittaker *et al.* (1973), décrit l'espace regroupant les variables environnementales auxquelles une espèce est adaptée. L'écotope est alors une unité biogéographique dimensionnée en fonction de l'espèce et, chaque espèce présente des réponses

particulièrement vulnérable. Si cette aire protégée bénéficie d'une catégorisation U.I.C.N. propice à l'interventionnisme en matière de conservation, il est important de souligner que le maintien des habitats d'un endémique restreint dépend de facteurs biotiques et abiotiques difficilement maîtrisables. La vulnérabilité du Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) est principalement liée à la concentration des populations de faible effectif sur un site unique, qui plus est une presqu'île située sur la trajectoire d'évènements météo-marins de forte intensité.

PARTIE 2 : Matériel et méthodes de recherche

Dans cette 2^{ème} partie, nous mobilisons à la fois les techniques, les méthodes moléculaires, les méthodes morphométriques et les approches statistiques pour étudier la conservation du Moqueur gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*). L'ensemble des méthodes vise à répondre aux interrogations du gestionnaire et à resituer la production de connaissances dans les cadrages conceptuels, théoriques et historiques. La partie a pour but de justifier et d'expliquer les méthodes et matériels qui ont été retenus pour contribuer à la mise en place du suivi à long terme des Moqueurs.

Elle se structure en quatre chapitres : la description des sites d'étude et de l'échantillonnage ; l'évaluation démographique ; l'évaluation de la condition corporelle ; et l'évaluation des conditions de nidification et d'alimentation. Chaque chapitre a été conçu de manière à détailler les protocoles d'échantillonnage, les méthodes de traitements et d'analyses statistiques. La répétabilité correspond à la possibilité pour quiconque de répéter exactement la procédure qui a été menée avec ses propres moyens (Feitelson 2005). En écologie et plus précisément au cours de l'étude d'espèces sauvages, plusieurs auteurs s'accordent sur l'importance de la répétabilité (Nakagawa *et al.* 2007, Ellison 2010, Nakagawa et Schielzeth 2010, Wolak *et al.* 2012). La démarche a donc été décrite avec précision et concision de manière à faciliter sa répétabilité.

Chapitre 4 : Sites d'étude et échantillonnage.

4.1. Capture-marquage Recapture (C.M.R.)

L'étude des caractéristiques individuelles des moqueurs gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*) a nécessité l'emploi de la méthode capture-marquage recapture (C.M.R.). Il s'agit d'une technique d'échantillonnage couramment utilisée en écologie des populations (Genovart *et al.* 2012, Korfanta *et al.* 2012, Basile *et al.* 2016). Par le marquage d'individus, cette méthode permet d'estimer la taille de population (N_C) d'une espèce. Elle consiste à marquer des individus au cours d'une première session de capture, puis à quantifier

les individus marqués au cours des sessions ultérieures. Fondés sur l'utilisation des indices créés par Lincoln et Petersen (1930), les premiers modèles de C.M.R. ont été critiqués pour leur impossibilité à intégrer des éléments cruciaux pouvant impacter la démographie tels que les déplacements d'individus, les activités de reproduction, le nombre de descendants aux générations successives, les spécificités physiologiques et comportementales (Kendall 1999, Pollock 2000). Cependant, des avancées méthodologiques ont permis la construction de modèles se rapprochant des modèles de statistique moderne et pouvant intégrer de nombreux paramètres spécifiques à l'espèce focale, permettant des estimations plus précises (Fujiwara 2002, Chao *et al.* 2008, Köse *et al.* 2014).

L'ensemble des sessions de captures se sont déroulées au niveau de la Presqu'île de la Caravelle. À cause de sa topographie escarpée, nous avons sélectionné plusieurs sites de capture où il serait possible d'attraper des moqueurs. Ces sites ont été sélectionnés à partir des connaissances scientifiques décrivant la distribution des moqueurs et à partir de diverses observations naturalistes (Tayalay 1999, Tayalay et Gros-Désormeaux 2006, Priam *et al.* 2013, Béranger et Gros-Désormeaux 2013, Cheula *et al.* 2010). Au total, trois sites d'échantillonnage ont été testés préalablement. Ce sont la Réserve naturelle nationale de la Caravelle (R.N.N.C.), le domaine de Pointe Rouge et la forêt recouvrant les lieux-dits "Anse Spoutourne" et "Morne Pavillon". Au niveau de chacun des sites, deux localités de captures ont été échantillonnées. Pour la R.N.N.C., les deux localités sont le "Château Dubuc" et "Balata". Pour le domaine de Pointe Rouge, les deux localités correspondent au "Sentier fermé" et à la "forêt intérieure". Pour le dernier site, les localités sont "Morne Pavillon" et "Anse Spoutourne". À l'analyse des résultats obtenus en phase de test, les tentatives de captures au niveau du domaine de Pointe Rouge ont été abandonnées. Notre échantillonnage s'est par conséquent déroulé au niveau des localités de deux sites que sont la R.N.N.C. et la forêt couvrant "Morne Pavillon" et "Anse Spoutourne" (Figure 14). Le choix

d'un site en réserve et hors réserve présente l'opportunité de comparer une situation de protection réglementaire forte par rapport à une situation réglementairement moins exigeante.

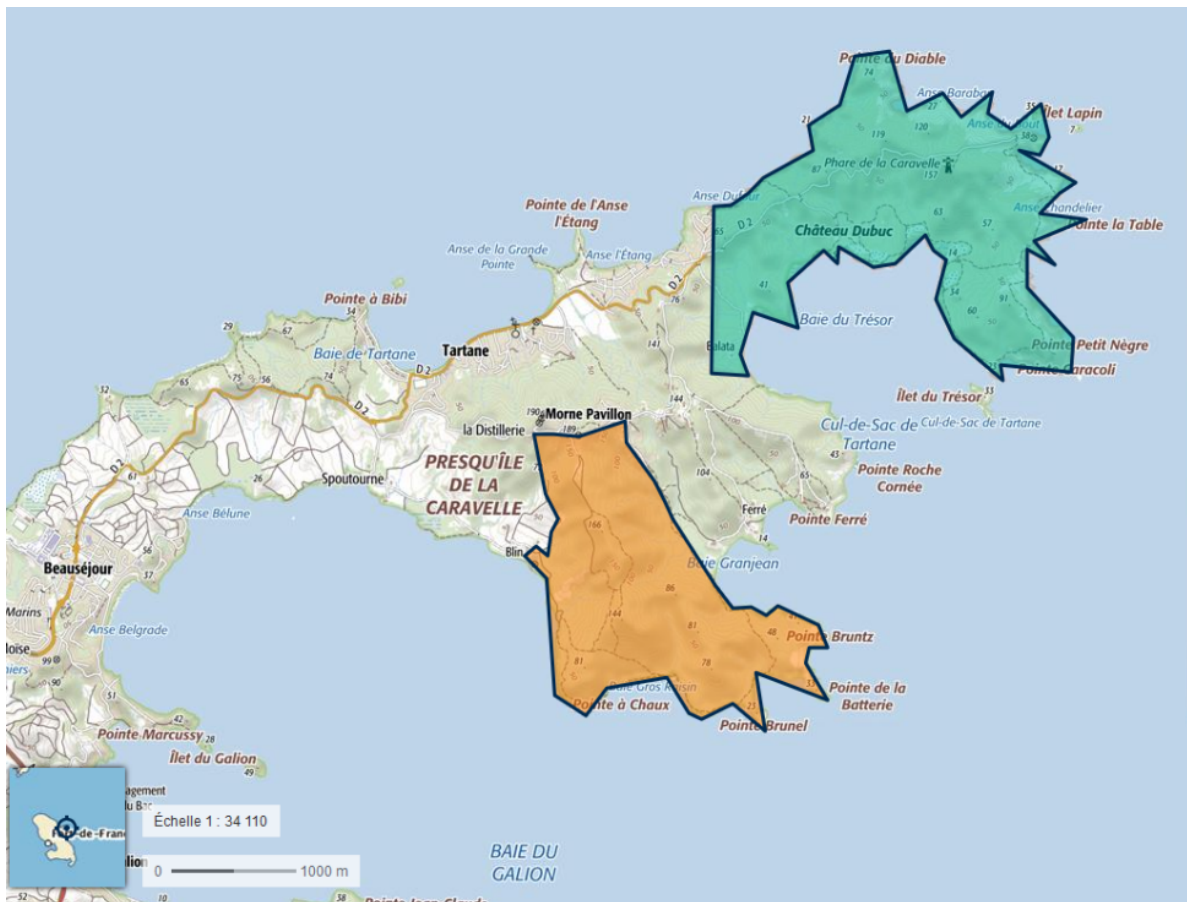


Figure 14 : Sites de captures du Moqueur gorge-blanche en Martinique. En vert, la Réserve naturelle nationale de la Caravelle. En orange, forêt du Morne Pavillon et d'Anse Spoutourne. Carte de l'IGN ; tous droits réservés.

Au niveau de chaque localité, les captures se sont déroulées du lever du soleil aux environs de 6 heures au coucher du soleil à 18 heures. Cette durée de session a été sélectionnée par rapport aux résultats d'une démarche de Data Mining réalisée dans le cadre d'un stage de Master 2 en mathématiques appliquées (Joseph 2016). L'échantillonnage a été réalisé en utilisant des filets japonais d'environ 516 m² de surface totale. La coupe et l'arrachement de la végétation étant interdits par arrêtés réglementaires, les emplacements ont été sélectionnés aux endroits où la végétation permettait le déploiement optimal des filets. Le déplacement des huit filets a été réalisé journalièrement en évitant les zones déjà sélectionnées pour prévenir tout phénomène d'habituation. Les oiseaux ont été capturés et ont été manipulés en moins de 5 minutes. En 2016,

chaque individu a été marqué avec une combinaison de marques plastiques colorées selon un code couleur particulier (Figure 15 ; Annexe 5).

De par leur biologie, les vertébrés sont difficiles à dénombrer. C'est d'autant plus vrai pour les oiseaux qui sont très mobiles, de petite taille et qui vivent dans des habitats fermés (Dorst, 1963) ce qui est le cas chez le Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*). Pour répondre au caractère ardu du recensement de cette espèce, une certaine pression d'échantillonnage a été recherchée. Cette pression d'échantillonnage va se mesurer différemment selon le mode de capture employé. Pour que la pression d'échantillonnage autorise les comparaisons inter-localités, les sessions ont été planifiées de manière à ce que trois groupes constitués réalisent chacun la procédure standard pour l'installation et le rangement des filets. Cette tâche a mobilisé au moins deux postes attribués à des personnes ayant suivi la formation de bagage du Centre de recherches sur la biologie des populations d'oiseaux (C.R.B.P.O.) et à des personnes en phase d'initiation à la méthode. La récupération des oiseaux capturés au filet a été attribuée à un groupe constitué d'une personne ayant suivi la formation de bagage, accompagné d'un garde. Le marquage, les mesures morphologiques et les prélèvements de tissus ont été réservés à un groupe constitué de personnes qualifiées et formées à l'Université de Bourgogne dont un Ingénieur de recherche possédant le permis de baguage délivré par le C.R.B.P.O.

Au cours des campagnes successives, les filets ont néanmoins été placés aux précédents emplacements dans l'optique d'obtenir des recaptures. Les recaptures ont révélé que les individus capturés avant 2017 avec des marques plastiques les enlevaient. En effet, deux marques étaient placées à la patte droite et une était placée à la patte gauche. Sur neuf individus recapturés en 2016, six d'entre eux avaient perdu entre une ou deux marques. À partir de 2017, observant ces pertes de marques, le marquage a été effectué avec des marques métalliques colorées (Figure 15).



Figure 15 : Moqueur gorge-blanche marqué. À gauche, individu marqué à l'aide de marques plastiques colorées. À droite, individu marqué à l'aide de marques métalliques colorées.

Pour chaque oiseau, les mesures prises concernent la longueur du bec à la base du crâne, la hauteur du bec au niveau de la narine, deux dimensions pour le tarse droit (longueur et épaisseur), la longueur de l'aile pliée, la longueur de la queue et la masse ont été prises (Annexe 9). Toutes ces mesures ont été effectuées à l'aide d'un pied à coulisse digital (précision ± 0.2 mm) sauf pour la queue et l'aile qui ont été mesurées à la règle graduée (précision ± 1 mm) et pour la masse qui a été mesurée à l'aide d'une balance Pesola MS500 (précision : $d = 0.1$ g). À part la masse, tous les caractères ont été mesurés deux fois. Entre chaque mesure, le pied à coulisse a été retiré et remplacé comme le recommandent Bailey et Byrnes (1990) en vue de diminuer les erreurs de mesures dues à l'expérimentateur. De plus, un échantillon de tissu sanguin de 10-20 μ L a été prélevé à partir de la veine brachiale des oiseaux et a été stocké dans une solution tampon, dans l'optique d'effectuer le sexage des oiseaux (Fridolfsson et Ellegren 1999) : ces derniers paraissant

monomorphes, il n'est pas possible d'effectuer un sexage à l'œil nu. La génétique est donc l'unique moyen de différencier le sexe des individus. Après manipulation, tous les oiseaux ont été relâchés à l'endroit de leur capture.

4.2. Évaluation de l'habitat

En collaboration avec les agents du Parc naturel régional de Martinique en charge de la surveillance de l'espèce, nous avons sélectionné des itinéraires à l'intérieur des limites de la Réserve naturelle nationale de la Caravelle. Le choix s'est basé sur des critères d'accessibilité. En effet, la Presqu'île de la Caravelle présente une topographie très escarpée avec de nombreux ressauts. De plus, elle présente à certains endroits une végétation secondaire dense limitant fortement les déplacements. Les itinéraires ont été réalisés dans les environs de deux localités : les lieux-dits "Château Dubuc" et "Balata" (Figure 14). Ces deux localités d'échantillonnage diffèrent principalement par leur fréquentation humaine respective, le château étant traversé par un sentier emprunté par approximativement 300 personnes par jour, alors que Balata est interdit au public.

De 2017 à 2018, pour chaque localité d'échantillonnage, nous avons effectué des sessions de localisation de nids (Figure 16) par méthode aléatoire stratifiée guidée (Gros-Désormeaux 2010). À partir des cartes topographiques et hydrographiques, un tirage aléatoire du lieu de départ de prospection a été réalisé sur chaque lit de cours d'eau temporaire. Les prospections ont démarré en prenant pour centre ces lits (mineurs ou majeurs) de cours d'eau temporaire. Ces derniers correspondent à des lignes de points bas : ce sont les bassins alluviaux boisés où il est fréquent d'observer des moqueurs (Lesales *et al.* 2012). À partir d'une localisation GPS, la prospection a été réalisée en direction de chaque point cardinal pendant 10 minutes. La végétation sèche secondaire étant dense et difficile à prospecter, nous avons limité chaque itinéraire cardinal de prospection à 10 minutes pour reproduire un effort de prospection équivalent dans chaque direction.



Figure 16 : Nid de Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) porté par un merisier (*Myrcia citrifolia*). Le repère jaune mesure 25 centimètres de longueur.

De 2016 à 2018, des sessions d'enregistrement vidéo ont été organisées à l'intérieur de la Réserve naturelle nationale de la Caravelle (R.N.N.C.). Dans l'optique de recueillir des données sur l'habitat en terme d'alimentation, nous avons arpenté la zone à la recherche d'individus de moqueur gorge-blanche en situation de quête alimentaire. Chaque individu observé a fait l'objet d'un enregistrement vidéo d'une durée maximale de cinq minutes. Seuls les individus suffisamment proches pour être observés ont été enregistrés. Chaque film est identifié par la date, l'heure, le contexte social (nombre d'individus présents dans un rayon de 5 mètres) et la localisation GPS relevée à la fin de chaque enregistrement. Les enregistrements vidéo ont été réalisés en février et en mars 2016, 2017 et 2018. Ces mois précèdent la période de reproduction de l'espèce qui démarre entre avril et mai (Lesales *et al.* 2012). Les moqueurs peuvent être observés au sol durant ces périodes sans *a priori* sur leur sexe, ni biais potentiel sur leur activité (Holmes 1986). Les observations des moqueurs gorge-blanche ont été réalisées principalement

entre 6 heures et 12 heures, période de la journée au cours de laquelle les Moqueurs ont tendance à être observés au sol en recherche de nourriture (Joseph 2016).

Chapitre 5 : Évaluation démographique

5.1. Génotypages et sexages

En 2016, en utilisant le protocole standard d'amplification de Fridolfsson et Ellegren (1999) sur la région CHD1 qui est connue pour être spécifique des chromosomes sexuels, nous avons déterminé le sexe des 38 premiers individus capturés. À cet effet, une PCR a été réalisée dans un volume réactionnel de 10µL composé de 1 µL de tampon, 200µM de dNTPs, 0,2 µM d'amorces 2550F (5'-GTTA-CTGATTCGTCTACGAGA-3') et 2718R (5'-ATTGAAATGATCCAGTGCTTG-3') et 0.5U de Taq (Promega) (Fridolfsson et Ellegren 1999). Le profil thermal réactionnel était constitué d'une étape initiale de dénaturation de l'ADN à 94°C pendant 2 minutes, suivi de 35 cycles composés d'une minute d'hybridation à 53°C et de 30 secondes d'élongation à 65°C suivis par 10 minutes d'élongation finale à 65°C. Les produits de PCR ont été déposés sur gel d'agarose à 2% et ont été placés en migration pendant 30 minutes. Par la suite, un marquage au Bromure d'Éthidium a été réalisé et le sexe des individus déterminé par la présence d'une bande unique (environ 700 pb) pour les mâles (homogamétiques ZZ) ou deux bandes (environ 700 et 500 pb) pour les femelles (hétérogamétiques ZW).

En 2019, dans l'optique de vérifier le sexage des 38 premiers individus capturés et de faire les génotypages de l'ensemble des moqueurs capturés, les prélèvements sanguins ont été transmis au laboratoire Labofarm à Loudéac. Ce laboratoire spécialisé dans les analyses de génétique animale utilise la méthode de Griffiths *et al.* (1998) a déterminé le sexe des individus (Tableau 5), grâce au gène CHD-W spécifique des femelles (Griffiths *et al.* 1998)

En 2006, six loci microsatellites pour *Ramphocinclus brachyurus* ont été déterminés par Jin *et al.* (Tableau 1). Les échantillons sanguins ont permis à Labofarm d'analyser les 6 loci microsatellites sur les individus capturés et de déterminer un génotype pour chaque individu. Les résultats présentés sous forme d'une matrice des génotypes, ont été analysés en collaboration avec le bureau d'étude Génome – Recherche & Diagnostic (GRD) à Saint-Just, spécialisé dans l'expertise de la biostatistique appliquée à la génétique des populations.

Tableau 1 : Six loci microsatellites isolés pour le Moqueur gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus*) et amorces PCR pour examiner 20 individus non apparentés. HE est l'hétérozygotie attendue et HO est l'hétérozygotie observée. Extrait de Jin *et al.* (2006).

Locus	Primer sequence (5'-3')	Repeat motif in clone	Size range (bp)	No. of alleles	HE	HO	GenBank Accession no.
TH3	F : ACTGCACTGACAGCCTCAAG R : GACTGCCACAACAGCAACC	(GTTT)9	136-156	6	0.71	0.85	AY923152
TH6	F : TCTAACTTCTCCCTGTTTCG R : TCCTCAGACTCTGTTTCCTTCC	A5(CAAA)7(CAGA)4	148-164	4	0.5	0.45	AY923155
TH12	F : CATCTCTACTGGGCACTGTAAAA R : GCTGTGTGGAGCACTTCAGG	CT6TT (CT)9	153-155	2	0.38	0.30	AY923161
TH15	F : GATCCCACATCCATTACAC R : AGCTGCTCACCAGTCTCTCC	(CA)13	151-155	3	0.48	0.60	AY923164
WB2	F : GATCAATTAATGGTTTTGGATGG R : CTGCCCTTATTTGGCAGAC	(AC)13	213-225	6	0.75	0.75	AY923165
WB5	F : GCAAGCTTCAGCATCTATCC R : CATCCTTGCTGAGGCAGAG	(GT)15	170-202	7	0.72	0.70	AY923166

5.2. Estimation de la taille de la population (N_C).

L'abondance de moqueurs gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) au niveau des sites d'études a été estimée en utilisant les logiciels R et MARK (R Core team 2019 ; White et Burnham 1999). Nous avons appliqué deux méthodes différentes. La première méthode d'estimation consistait à évaluer la taille de population à partir de la courbe de richesse cumulée des génotypes (Kohn *et al.* 1999). En effet, pour l'échantillon global, en supposant que chaque nouveau génotype représente un nouvel individu, la taille de population a été estimée comme étant l'asymptote, a , de la fonction $y = (ax)(b + x)$, où y correspond au nombre cumulé de génotypes uniques, x est le nombre d'échantillons sanguins collectés et b est le taux d'accroissement de la pente. Les estimations de a et b et leurs intervalles de confiance à 95% (I.C.) ont été obtenus en effectuant une régression linéaire non itérative avec le logiciel R. L'autre méthode a consisté à des estimateurs obtenus en testant des modèles du logiciel MARK. Ces modèles de capture-marquage recapture ont été sélectionnés en fonction de la méthode de capture employée et les données (Otis *et al.* 1978). Les modèles testés ici ne sont valides qu'en condition théorique de population fermée.

5.3. Évaluation de la diversité génétique

L'ensemble des analyses génétiques suivantes ont été menées en collaboration avec le centre d'expertise Génome Recherche & Diagnostic à St-Just (Annexe 14) qui a mis en œuvre les méthodes statistiques qui seront décrites. La détermination des paramètres de diversité génétique a été réalisée à l'aide de différents logiciels spécialisés : COLONY v2.0.6.5, FSTAT v2.9.4, GENEPOP v4.7.0, GIMLET, GENETIX v4.05, MARK, NEESTIMATOR v2, STRUCTURE v2.3.4 (Meeûs 2012). Plusieurs analyses statistiques ont été complétées à l'aide du logiciel R v3.6.1 (R Core Team 2019 ; Annexe 15).

Pour déceler l'existence d'une structure génétique au sein de notre échantillon, une analyse multidimensionnelle représentant chaque individu en fonction de son génotype a été réalisée. Ainsi, une analyse factorielle des correspondances (A.F.C.) a été menée à partir du logiciel GENETIX (Belkhir *et al.* 2004).

Le logiciel STRUCTURE a été utilisé pour analyser l'assignation complémentaire et ainsi quantifier l'implication des lignées génétiques au sein de la population (voire même au niveau individuel). Pour ce faire, les moqueurs ont été classés en fonction du site d'échantillonnage, puis nous avons effectué un découpage allant de deux à cinq sous-groupes (K) afin de préparer la phase d'apprentissage. Les découpages sont faits au début au hasard pour améliorer l'équilibre panmictique et réduire le déséquilibre de liaison. Puis, la phase d'essais se subdivise en deux étapes : la période "de chauffe" (le burn'in) non enregistrée de 50000 itérations, et une période enregistrée de 100000 itérations. Le processus, basé sur la randomisation, a nécessité que le test soit lancé cinq fois par valeur de K . Le résultat final obtenu permet de simuler des populations en équilibre panmictique et en déséquilibre de liaison minimisé.

Afin de comparer le nombre d'allèles entre les différentes tailles d'échantillons, les richesses alléliques qui mesurent le nombre d'allèles indépendants de la taille d'échantillon, ont été calculées en utilisant le logiciel FSTAT version. 2.9.4 (Goudet 2001). Ce logiciel a permis également de calculer le F_{ST} mesurant la différenciation génétique par sous-population. Les F_{ST} et les coefficients de consanguinité (F_{IS} et F_{IT}) ont été estimés.

L'indice de fixation F_{ST} est une mesure de la diminution de l'hétérozygotie due à la divergence entre la sous-population et la population totale. Il s'exprime comme suit : $F_{ST} = \frac{H_T - H_S}{H_T}$ avec H_T correspondant à l'hétérozygotie de la population totale et H_S correspondant à l'hétérozygotie de la sous-population considérée. Le F_{ST} est compris dans l'intervalle $[0;1]$. $F_{ST}=0$ signifie qu'il n'y

a pas de structuration de la population. $F_{ST}=1$ signifie qu'il y a une différenciation génétique totale entre les populations c'est-à-dire que les allèles sont fixés entre les populations.

Le F_{IS} se mesure comme suit : $F_{IS} = \frac{H_E - H_O}{H_E}$ où H_E correspond à l'hétérozygotie attendue et où H_O correspond à l'hétérozygotie observée de la population. Le F_{IS} est compris dans l'intervalle $[-1 ; 1]$. Si $H_O = H_E$, alors $F_{IS}=0$ qui implique la conformité à la panmixie. Lorsque $F_{IS}<0$, cela signifie qu'il y a un excès d'hétérozygotes.

Le F_{IT} mesure l'homozygotie de la population totale qui implique la conformité à la panmixie.

Le centre d'analyse Génome Recherche & Diagnostic a calculé les paramètres de diversité génétique. Cependant, ne sachant pas si des différences comportementales existent entre sexes chez *R. b. brachyurus* comme cela a été démontré chez son homologue Saint-lucien *R.b.santaeluciae* (Temple *et al.* 2006), la détermination de ces paramètres a été effectuée par localité, car ces groupes peuvent être à l'origine de différentes structures génétiques (Prugnolle et Meeus 2002) et donc de populations différenciables.

Le nombre moyen d'allèles par marqueur (A), l'hétérozygotie observée (H_O), l'hétérozygotie attendue (H_E) des hypothèses d'Hardy-Weinberg et l'hétérozygotie non biaisée de Nei (H_{nb}) par localité ont été calculés en utilisant le logiciel GENETIX (Nei 1978, Bonhomme *et al.* 1993). À l'aide du logiciel GENEPOP version 4.7.0, nous avons testé l'hypothèse d'équilibre d'Hardy-Weinberg (H.W.E.) en utilisant l'approche probabiliste décrite par Guo et Thompson (1992) et implémentée par Rousset et Raymond (1995). Ainsi chaque locus de chaque population a été testé et une analyse globale a été menée pour déterminer la situation soit en déficit, soit en excès d'hétérozygotes (Kim *et al.* 2005).

La consanguinité dans l'échantillon global a été estimée par la mesure de l'indice de fixation (F_{IS}), puis le F_{IS} de chaque localité a été calculé dans l'optique de tester la panmixie en utilisant la méthode de Weir et Cockerham (Weir et Cockerham 1984). Les niveaux de significativité des valeurs de F ont été obtenus à l'aide du logiciel GENETIX.

Afin de tester l'hypothèse d'une métapopulation au sens de Levins (1969), l'indice de différenciation (F_{ST}) a été testé en fractionnant l'échantillon en deux sous-échantillons (intérieur de la R.N.N.C./extérieur de la R.N.N.C.) puis en quatre sous-échantillons correspondant aux localités de C.M.R. (Château Dubuc/Balata/Morne Pavillon/Anse Spoutourne).

En vue de déceler les liens de parenté, les génotypes ont été analysés en utilisant des méthodes basées sur les règles d'hérédité mendélienne (Bateson et Mendel 2013). Pour cela, les génotypes ont été testés à partir du logiciel COLONY. L'étape suivante a consisté à intégrer les informations de sexage au logiciel pour faciliter le traitement. Les résultats de l'analyse sous forme graphique permettent alors la détermination des apparentés du premier degré (*full sibs*) et des apparentés du second degré (*half sibs*). Les apparentés du premier degré désignent des individus avec les liens génétiques parents/enfant et frères/sœurs alors que les apparentés du second degré désignent des individus avec des liens génétiques grands-parents/petits-enfants et oncles-tantes/neveux-nièces. Cette méthode permet d'interroger la R.N.N.C. qui, selon les savoirs naturalistes, constituerait la source géographique d'un probable repeuplement de la Presqu'île de la Caravelle par des individus de moqueurs à partir des années 1950.

5.4. Estimation de l'effectif efficace (N_e).

L'effectif efficace de *R. b. brachyurus* a été estimé en utilisant deux logiciels : NEESTIMATOR et COLONY (Jones et Wang 2010, Do *et al.* 2014). Pour ce faire, cinq méthodes ont été choisies dont trois qui considèrent un échantillon unique et deux qui considèrent deux échantillons diachroniques. La première méthode a été menée en corrigeant le biais de la méthode basée sur le déséquilibre de liaison (LD) (Hill 1981, Waples 2006, Waples et Do 2010). La deuxième méthode emploie l'excès d'hétérozygotes (Pudovkin *et al.* 1996, Zhdanova et Pudovkin 2008). La troisième méthode utilise la co-ascendance moléculaire (Nomura 2008). La quatrième méthode se fonde sur les *statistiques F* avec trois estimateurs différents de F : Nei et Tajima (1981), Pollak (1983) et Jorde et Ryman (2007). Le logiciel NEESTIMATOR fournit des

estimations d'intervalles de confiance à 95% (I.C.) pour toutes les méthodes utilisées. Enfin, la dernière méthode est celle réalisée avec le logiciel COLONY et est nommée « full likelihood method ».

L'hypothèse nulle d'absence de différence dans les proportions de mâles et de femelles pour les sites d'études a été testée en utilisant un test exact de Fisher. Par la suite, un test binomial sur le groupe d'individus considéré a été réalisé pour déterminer si le sex-ratio différait de l'équilibre 1 : 1 correspondant à une probabilité d'avoir une femelle égale à celle d'avoir un mâle.

Chapitre 6 : Évaluation de la condition corporelle.

L'objectif de cette méthode est d'évaluer la condition corporelle en appliquant l'indice de masse échelonnée de Peig et Green (2009) aux données relatives à la masse et à un caractère squelettique dans le cadre de la thèse entre 2016 et 2018. Parallèlement, nous proposons d'explorer l'ensemble des mesures morphologiques acquises sur le Moqueur gorge-blanche : Vieillot (1818) ; Storer (1989) ; Tayalay *et al.* (1994-2005); Belfan et Condé (2006-2015) ; et Son *et al.* (2016-2018). Pour ce faire, nous disposons des mesures de Vieillot de 1818 (Ridgway et Friedmann 1907), de celles de Storer de 1989 et de l'ensemble des données de baguage effectuées de 1994 à 2015 en Martinique. Il s'agit des mesures effectuées par Tayalay *et al.* entre 1994 et 2005 et des mesures effectuées par Belfan et Condé entre 2006 et 2015.

L'indice de masse échelonnée de Peig et Green (2009) se calcule de la façon suivante : indice de masse : $\widehat{M}_i = M_i \left[\frac{L_0}{L_i} \right]^{b_{SMA}}$. Dans cette relation M_i et L_i sont la masse corporelle et la longueur mesurée d'un caractère squelettique pour un individu i , b_{SMA} est la mise à l'échelle exponentielle estimée par la régression d'axe majeur standard (SMA) entre la masse M et la longueur L , L_0 est la valeur moyenne du caractère squelettique considéré de la population étudiée (il s'agit d'une valeur arbitraire). \widehat{M}_i est prédite pour un individu i quand la mesure corporelle est L_0 (Peig et Green, 2009). Le caractère squelettique est utilisé pour indiquer la croissance d'un individu dans

les stades juvéniles, car il semblerait qu'à partir d'un certain âge les tailles squelettiques des oiseaux ne semblent pas ou peu varier (Grant 1971, Peig et Green 2009, Labocha et Hayes 2012). Cet indicateur permet pour chaque individu de situer sa masse en fonction de la masse moyenne de la population, corrigée par la taille squelettique qu'il a par rapport au reste de la population étudiée. Il s'agit d'une certaine façon de mesurer les réserves de graisse pour chaque individu et par conséquent cet indice permet de représenter de façon relative les réserves énergétiques présentes entre individus. La mise en évidence de tels éléments permet de mieux comprendre et d'appréhender les traits d'histoires de vie et les comportements de certaines espèces qui sont des aspects cruciaux nécessaires à leur conservation.

La recherche de documents historiques sur le Moqueur gorge-blanche a permis de déceler que le premier auteur à avoir publié des valeurs morphologiques sur cette espèce était Louis Jean Pierre Vieillot qui les publia en 1818. Le jeu de données de Vieillot présente des valeurs morphologiques pour onze individus. Cependant, n'ayant pas suffisamment d'information sur ces individus (taille d'échantillon trop faible, méthode de sexage inconnue, lieux et dates de prélèvements inconnus) ce jeu de données n'a finalement pas été exploité. Il a été spécifié que ces individus étaient des spécimens qui lui avaient été envoyés (Lesales *et al.*, 2012), nous ne sommes donc pas autorisés à les considérer comme constituant une population biologique, car ces derniers n'ont peut-être pas vécu simultanément au même endroit.

Puis, Storer (1989) fait référence à 26 individus sur lesquels il a effectué des mesures. Cette valeur est considérée comme un petit échantillon. Dès lors, pour permettre la réalisation des analyses statistiques, nous proposons de travailler avec une population simulée à partir des données de Storer, en employant un « Bootstrap »: il s'agit d'une méthode de tirage aléatoire avec remise qui permet de simuler une population suivant une distribution normale, de taille de population similaire à celle de notre jeu de données.

Les caractères morphologiques répertoriés dans les jeux de données des campagnes de capture plus récentes (Tayalay *et al.* 1994-2005, Belfan et Condé 2006-2015) et Son *et al.* (2016-2018) ont été analysés en prenant en compte les facteurs suivants : la période (1994-2005, 2006-2015 et 2016-2018) et le site de prélèvement (la Réserve naturelle nationale de la Caravelle et la forêt de Morne Pavillon) ; et le site de prélèvement et l'expérimentateur (désignant ici chaque jeu de donné). Pour ce faire, une ANOVA a été effectuée comme suit. Des modèles linéaires ont été réalisés pour tester les relations entre le caractère morphologique (variable dépendante) choisi et les variables explicatives suivantes : effet année, effet site et leur interaction ; puis, effet expérimentateur, effet site, et leur interaction. Pour chaque caractère morphologique, le meilleur modèle a été retenu en utilisant la méthode de comparaison des modèles emboîtés (Burnham et Anderson 2002, 2004). Elle consiste à partir du modèle complet (avec toutes les variables explicatives), à passer de façon séquentielle à des modèles plus simples en enlevant les variables selon le critère d'information d'AIC (Akaike 1974). Par la suite, des comparaisons de moyennes ont été effectuées entre les différents jeux de données pour quatre caractères morphologiques que sont la masse, la longueur d'aile, la longueur de tarse et la longueur de bec. Les tailles d'échantillons étant faibles, nous avons complété ces analyses par des calculs de d de Cohen (Nakagawa et Cuthill 2007).

Enfin concernant l'hypothèse d'un dimorphisme sexuel, le Moqueur gorge-blanche apparaît visuellement comme étant monomorphe. Or, dans l'ensemble de la littérature existant sur cette espèce, on observe des valeurs de traits corporels présentés en fonction du sexe (Vieillot 1818, LaFresnaye 1843, Storer 1989), insinuant de façon indirecte un dimorphisme sexuel. Dans l'optique de clarifier la situation, nous avons aussi tenu à vérifier s'il existe un dimorphisme sexuel subtil (Setiawan *et al.* 2004, Cardoni *et al.* 2009). Pour ce faire, nous avons analysé les caractères morphologiques des oiseaux en prenant en compte le facteur sexe à l'aide d'une analyse multi-variée de la variance (MANOVA). Aussi, des modèles linéaires ont été réalisés

afin de tester la relation entre les caractères morphologiques en tant que variables dépendantes et l'effet sexe en tant que variable explicative. La détection d'un effet sexe sur ces caractères indiquerait l'existence d'un dimorphisme sexuel subtile.

Chapitre 7 : Évaluation des conditions de nidification et d'alimentation

7.1. Les conditions de nidification

Dans l'optique de déceler et de comprendre les variables qui influencent le choix du lieu de nidification chez le Moqueur gorge-blanche, nous avons appliqué la méthode employée par Magana *et al.*, (2010) pour caractériser la sélection d'habitat chez la Grande Outarde *Otis tarda* (Magaña *et al.* 2010). Ainsi nous avons retenu plusieurs groupes de variables explicatives qui pourraient avoir influencé le positionnement du nid (Tableau 2).

Tableau 2 : Variables mesurées dans le cadre de l'évaluation de l'environnement.

Variable	Stations avec nid	Description	Stations sans nid
Espèce	Identification de l'espèce support du nid		Identification de l'espèce la plus proche du point GPS
Hauteur		Hauteur de cette espèce	
Diamètre du tronc	Diamètre du tronc de cette espèce		Diamètre du tronc de cette espèce
Courbure de l'espèce support		Courbure apparente de l'espèce considérée	
Dominance végétale dans un diamètre de 6 m		Identification de l'espèce dominante	
Abondance		Abondance de l'espèce dominante	
Accessibilité au nid	Décompte du nombre de branches qui permettent d'accéder au nid		-
Distance à parcourir entre la base du tronc et le nid	Mesure de la distance à parcourir entre la base du tronc et le nid		-
Hauteur du nid par rapport au sol	Distance perpendiculaire entre le nid et le sol		-
Inclinaison de la ramification porteuse	Mesure de l'angle entre le tronc et la ramification porteuse		-
Diamètre de la ramification porteuse	Mesure du diamètre de la ramification porteuse		-

Le premier correspond à des variables de diversité et d'utilisation d'habitat. Dans les stations contenant un nid, nous avons identifié l'espèce support et sa hauteur, son diamètre à un mètre du sol, ainsi qu'une estimation de sa courbure. Nous avons mesuré l'accessibilité au nid pour les prédateurs, la distance du nid au sol, et la distance du nid à la base de l'espèce support. La dominance végétale dans un rayon de 6 mètres à partir du centre de la station a été estimée. Du fait de l'aplanissement de la courbe de richesse cumulée pour des parcelles de surface de 100 m²,

nous avons par conséquent retenu le rayon de six mètres qui correspondent à une surface minimale de prospection de 113 m². Le second groupe de variables correspond à des variables de traits de nidification, car des caractéristiques telles que le placement du nid sont considérées comme étant des conséquences de réponses adaptatives à la sélection de pression de prédation (Eggers *et al.* 2006, Yeh *et al.* 2007). En effet, les variables telles que la hauteur du nid au sol, la distance du nid à la base du tronc, l'accessibilité des prédateurs au nid, apparaissent comme des variables de réponse à la prédation.

Les nids détectés ont été catégorisés en fonction de leur activité : « actif » s'il contenait soit un adulte, soit des œufs, soit des jeunes ; et « inactif » dans le cas contraire (Figure 17).



Figure 17 : Nid actif de Moqueur gorge-blanche. Ici le nid est occupé par un jeune et un œuf. Prise de vue : Thomas Alexandrine (2019).

Pour chaque nid actif, une caméra de type piège photographique (Reconyx- XR6) a été placée. De façon à éviter toute perturbation pour les occupants du nid, le nombre de passage aux abords a été réduit. Chaque nid a été géoréférencé et pris en photo avec un repère de taille connue. Au

bout des 10 minutes, une seconde phase de prospection en sens inverse a été menée en direction du centre. Il s'agit d'une démarche de double prospection permettant la détection de nids manqués. Chaque localisation GPS relevée a été considérée comme station d'échantillonnage à partir de laquelle nous avons évalué les conditions d'habitat pour la nidification du Moqueur gorge-blanche.

En utilisant le logiciel R (version 3.5.3), l'ensemble des stations géoréférencées a été ré-échantillonné par un tirage aléatoire sans remises. Les stations ont fait l'objet de mesures à partir d'un matériel de 18 prises photographiques pour chacune d'elles. Chaque photo contient un repère de longueur connue, et a été prise en suivant scrupuleusement une liste de mesures à effectuer (Tableau 2). Le choix du matériel photographique se justifie par soucis de mise en preuve et de reproductibilité des opérations de mesure. En effet, dans le cadre de la recherche action collaborative (R.A.C.) entre le Parc naturel régional de Martinique (P.N.R.M.) et le Centre national de la recherche scientifique (C.N.R.S.), ce matériel pourra faire l'objet d'analyses ultérieures et ainsi autoriser un suivi sur le long terme. De plus, ce mode d'échantillonnage par photographie permet un gain de temps important sur le terrain en reportant la prise de mesures (Husain *et al.* 2017).

Les analyses statistiques ont été menées à l'aide du logiciel R version 3.6.1 (Annexe 15). Le jeu de données obtenu se présente sous forme de tableau de 79 lignes (79 stations) et 18 colonnes (18 variables). De manière à déceler des corrélations potentielles entre les différentes variables, nous avons utilisé l'analyse en composantes principales (A.C.P.). La démarche exploratoire a consisté à tester l'ensemble des variables dans l'optique de découvrir si certaines pouvaient expliquer la présence/absence des nids, mais aussi l'activité ou l'inactivité de ces derniers. Pour ce faire, nous avons testé des régressions logistiques binomiales prenant en compte de façon successive deux variables : la présence/absence du nid et l'activité des nids au niveau des sites de prélèvement entre les deux types de sites (Château Dubuc et Balata). Pour cela des modèles

ont été réalisés afin de tenter d'expliquer la relation entre la présence/absence de nids (variable dépendante) et les autres variables explicatives : un effet espèce support, un effet hauteur de l'espèce support, un effet courbure de l'espèce support, un effet diamètre du tronc, un effet accès au nid, un effet distance entre le nid et la base du tronc, distance du nid au sol, et les différentes interactions possibles entre ces variables. Les mêmes tests ont été réalisés pour expliquer la relation entre l'activité/inactivité des nids (variable dépendante) et les variables explicatives. Pour chaque configuration, le meilleur modèle a été sélectionné en utilisant la méthode de comparaison des modèles.

7.2. Les conditions d'alimentation

Les connaissances relatives à l'alimentation des moqueurs gorge-blanche sont limitées (Lesales *et al.* 2012). Une première étape méthodologique a consisté à construire un répertoire basé sur l'observation visuelle des oiseaux en situation de quête alimentaire. Il est fréquent de les observer triant la litière dans l'optique de débusquer et de chasser des proies. Il s'agit *a priori* d'une recherche active dans laquelle il est possible de mettre en évidence différents praxèmes (Gros-Désormeaux *et al.* 2014). Nous avons pu observer et catégoriser le comportement de recherche de nourriture des moqueurs en quatre catégories (Tableau 3) : le grattage (G), la vigilance (V), la prédation (P) et les autres (O).

Ces quatre catégories de comportement ont été recherchées sur les vidéos enregistrées. Elles ont ensuite été analysées à l'aide du logiciel d'observation comportementale BORIS (version 7.4.2.). Cet outil permet d'encoder les observations comportementales (Friard et Gamba 2016).

Tableau 3 : Définition des praxèmes recensés chez le Moqueur gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*).

Praxèmes	Description
Grattage	L'oiseau utilise ses pattes, son bec ou toute autre partie de son corps pour déplacer les feuilles de la litière.
Vigilance	L'oiseau étend son cou et son bec forme avec ce dernier un angle supérieur à 90°. Il tourne la tête, ce qui est un indicateur du balayage visuel consistant à scanner l'environnement.
Prédation	L'oiseau se tient debout droit avec le bec fermé. Son bec ainsi que sa gorge bougent légèrement, il effectue ainsi l'acte de déglutition.
Autres	Dans cette catégorie sont inclus tous les comportements qui ne correspondent pas aux actes précédents mais aussi tous ceux qui ne sont pas liés au comportement de recherche de nourriture.

Les actes comportementaux ont aussi été classés en deux catégories : les événements ponctuels et ceux qui présentent une durée. Ainsi, le grattage, la prédation et les autres comportements ont été considérés comme des comportements ponctuels, alors que la vigilance a été considérée comme un comportement « état » (Remagnino et Jones 2001, Friard et Gamba 2016). À l'aide du logiciel BORIS, chaque comportement a été mesuré en fonction du nombre d'occurrences (en actes) en fonction de la durée totale (en secondes) de chaque vidéo.

La vigilance peut être caractérisée par différentes variables (Dawkins 2007). Par commodité de traitement, nous avons choisi de sélectionner trois variables permettant de caractériser sous différents axes le degré de vigilance (Beauchamp 2008). Ces variables sont le taux de vigilance, la durée de vigilance et la durée inter-actes (Tableau 4). Pour l'ensemble des variables comportementales, les moyennes et écarts-types de chaque variable ont été calculés.

Tableau 4 : Variables caractérisant la vigilance.

Variabes	Unités	Description
Taux	actes/seconde	Nombre moyen d'actes de vigilance par secondes par séquence d'enregistrement.
Durée	secondes	Durée moyenne des actes de vigilance par séquence d'enregistrement.
Durée inter-actes	secondes	Détermination du temps moyen entre deux actes de vigilance par séquence d'enregistrement. Il correspond également au temps de la séquence où les Moqueurs sont en recherche de proies.

Enfin, la dernière variable évaluée est l'effort de capture. Il s'agit d'une métrique qui évalue le nombre d'actes de grattage par rapport au nombre d'actes de prédation effectué par le Moqueur gorge-blanche au cours de la séquence d'observation. Les individus ayant l'effort de capture le plus faible sont les individus les plus performants dans la capture de proies.

L'ensemble des analyses suivantes a été réalisé à l'aide du logiciel R version 3.5.3 (R Core Team 2019; Annexe 15). Les données de prétraitement ont été intégrées au jeu de données global. Les analyses ont été réalisées en fonction de leur année d'enregistrement. La conformité à la normalité de la distribution des données a été testée à l'aide d'un test de Shapiro-Wilk (Razali et Wah 2011) et d'une analyse de la distribution par méthode d'observation des statistiques descriptives (Henderson 2005, Ghasemi et Zahediasl 2012). Sur l'ensemble des vidéos, très peu d'individus ont été observés marqués ($n = 5$). Ce constat est assez fréquent lorsque les observations portent sur des espèces rares. Okamura *et al.* (2008) démontrent que cette situation est propice à la pseudoréplication, c'est-à-dire l'observation d'un même individu plusieurs fois. Ce risque est d'autant plus probable pour les moqueurs gorge-blanche qui s'observent fréquemment en groupe de deux à trois individus sur les mêmes sites. Cependant, même en situation de pseudoréplication, si l'on considère la localisation GPS des observations comme les individus statistiques analysés, on peut s'affranchir du risque de pseudoréplication. Ainsi, pour tester l'autocorrélation spatiale, nous avons réalisé des tests de Mantel (Bonnet et Van de Peer 2002). Pour l'ensemble des enregistrements, les matrices de corrélation des distances géographiques et les matrices des distances comportementales ont été testées paire à paire (Katzner *et al.* 2006, González-Zamora *et al.* 2014). Précisons que chaque enregistrement a sa localisation GPS, même lorsque plusieurs observations ont été réalisées aux mêmes endroits. Pour compenser la faible taille de l'échantillon, deux démarches ont été mises en œuvre pour croiser les résultats des matrices des distances comportementales. Pour la première, nous avons rangé par ordre croissant les valeurs de chaque catégorie de variable (vigilance, grattage,

prédation, autres). Puis, l'indicateur de distance comportementale a été construit à partir de la différence entre les valeurs de rangs. Afin de respecter la chronologie de collecte des enregistrements et ainsi éviter un quelconque biais, la seconde méthode reprend la même démarche de calcul à l'exception de l'étape de rangement des valeurs par ordre croissant. L'ordre chronologique de collecte des enregistrements a été conservé.

Après avoir testé l'autocorrélation spatiale, nous nous sommes interrogés sur les relations entre les différents comportements. Pour ce faire, nous avons réalisé des modèles linéaires intégrant les composantes liées à la prédation et au grattage en tant que variables dépendantes à expliquer et les composantes liées à la vigilance en tant que variables explicatives. Pour chaque comportement, le meilleur modèle a été sélectionné en utilisant la méthode de comparaison des modèles emboîtés (Burnham et Anderson 2002, 2004). En partant du modèle complet intégrant l'ensemble des variables explicatives, nous avons simplifié le modèle par élimination successive des variables dont l'effet n'est pas significatif pour expliquer les comportements de prédation et de grattage. Le choix de suppression de variables a été guidé par le critère d'information d'Akaike ou *AIC* (Burnham et Anderson 2002, 2004). Enfin, nous avons évalué les variations annuelles inter-sites des comportements interannuels pour tenter d'expliquer l'effet du contexte social, spatial et temporel. Ainsi, afin de rechercher des relations entre les comportements observés à partir de chaque localité et les caractéristiques de cette dernière (année, contexte social, distance aux sentiers), plusieurs modèles linéaires ont été conçus. Pour chaque comportement, le meilleur modèle a été sélectionné en utilisant la méthode de comparaison des modèles emboîtés (Burnham et Anderson 2002, 2004).

En conclusion, les méthodes employées résultent à la fois de corpus de savoirs académiques préconçus et d'innovations méthodologiques qui sont le produit de l'approche collaborative menée dans le cadre de la R.A.C. En effet, si les approches de capture-marquage recapture

(C.M.R.), moléculaires, et morphométriques sont des applications de méthodologies standards, l'évaluation des conditions de nidification et d'alimentation constitue des innovations se rapprochant bien plus d'une forme de sciences "naturalistes" que de ladite "écologie scientifique". La pérennité d'un suivi durable d'espèces rares tel que le Moqueur gorge-blanche, nécessite l'intégration des connaissances scientifiques, mais aussi l'apport d'indicateurs pertinents et de savoirs faire nouveaux utiles aux unités exécutives responsables de la gestion et de la conservation. Il semble que cette démarche intégrée d'approche collaborative, par la contribution de différents experts (bureaux d'études, institutions, ingénieurs de recherche, gestionnaires, gardiens de l'environnement, naturalistes, ornithologues, etc.) et de différents domaines disciplinaires (géographie, géomatique, biostatistiques, génétique des populations, écologie comportementale, sciences de gestion, sciences humaines et sociales, etc.) présentant différents points de vue sur les formations, l'élaboration de protocoles adaptés, ou encore l'analyse des retours d'expérience de chacun des collaborateurs soit une approche pertinente pour mettre en œuvre des méthodologies complètes répondant aux enjeux de la complexité du Système socio-écologique (Ses). Nous recommandons que cette approche collaborative ainsi que la formation des gardiens de l'environnement à la co-construction, à la mise en œuvre et au traitement collaboratif soient poursuivies. Dès lors, les prochains plans de gestion pourraient prioriser le maintien et la mise en œuvre de cette démarche de production de savoirs par l'hybridation des méthodes, et surtout des acteurs dans leur perception, représentations et expérience de l'espèce, de l'espace et du social.

PARTIE 3 : Résultats et discussion

Chapitre 8 : Résultats de la recherche

Ce chapitre présente l'ensemble des résultats obtenus au cours des trois années de recherche sur le Moqueur gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*). Le chapitre se structure en trois sous-parties correspondant aux méthodologies présentées en chapitre 4 : l'évaluation démographique, l'évaluation de la condition corporelle et l'évaluation des conditions d'alimentation et de nidification.

Dans la première section consacrée à l'évaluation démographique, nous exposons les résultats de capture-marquage recapture (C.M.R.). Dans le cadre de ce travail de terrain, le temps consacré aux campagnes de captures a été de 1164 heures réparties sur trois ans. Cela représente 388 heures par an, soit 33 heures en moyenne par mois. À ce temps consacré à la Capture-marquage recapture (C.M.R.) s'ajoutent 525 heures d'observations comportementales, dont 390 heures d'observations directes, et 45 heures d'observations indirectes (enregistrements vidéo) sur trois ans. Cela représente en moyenne 175 heures par an, soit 15 heures par mois. Nous détaillons également ici les résultats d'analyses de structure de population et d'évaluation de paramètres de diversité génétique. En effet, les estimations d'abondances, d'effectifs efficaces et d'évaluation de la variabilité génétique pour *R. b. brachyurus* sont détaillées dans ce chapitre.

Dans la seconde section consacrée à l'évaluation de la condition corporelle sont présenté l'ensemble des analyses basées sur les mesures morphométriques effectuées au cours des sessions de capture. À partir de la méthode employée dans le chapitre 4, nous présentons l'indice de masse échelonné calculé sur la population de Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*).

Dans la troisième section, il est fait état des résultats de l'évaluation des conditions alimentaires et de nidification du Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*). Le protocole dédié à

l'évaluation des conditions de nidification représente 180 heures de terrain sur deux ans, soit 8 heures par mois.

Au total, le temps consacré à la collecte de données représente plus de 1869 heures de terrain, soit 77 jours effectivement consacrés à l'observation du Moqueur gorge-blanche.

8.1. Évaluation démographique

De 2016 à 2018, 69 captures ont été réalisées avec un taux moyen de capture allant de zéro à quatre individus par jour. Le succès de capture estimé par an correspondant au nombre d'individus capturés par heure d'échantillonnage s'élève pour 2016, 2017 et 2018 respectivement à 0.058, 0.081 et 0.077 individu/ heure. Cela signifie qu'en moyenne nous avons capturé un moqueur toutes les 14 heures. Parmi les individus capturés, 48 provenaient de la R.N.N.C. et 21 ont été capturés à l'extérieur de la R.N.N.C. Le sexage moléculaire en utilisant des *markers* (cf. section 4.2.1.) a été effectué sur les 69 échantillons.

Dans le cadre du génotypage, la fréquence allélique de six loci microsatellites a été analysée pour ces échantillons. Cependant, il semblerait après analyse des génotypes que l'on soit en présence de 63 génotypes différents. Six génotypes sont communs à deux échantillons. Les MG005, MG011, MG037, MG038, MG052 et MG053 correspondent respectivement aux MG048, MG030, MG045, MG041, MG055 et MG063. Notons que les individus MG052 et MG053 ont été recapturés avec des bagues métalliques différentes de leur correspondance génétique respective : MG055 et MG063. Si le génotypage suggère que ces quatre prélèvements de tissu correspondent à deux individus, la méthode de C.M.R. prouve qu'il s'agit en réalité de quatre individus différents. De plus, le génotypage montre que MG005, MG011, MG037, MG038 ont été capturés, marqués avec des bagues plastiques colorées en 2016, puis recapturés pour être de nouveau marqué avec des bagues métalliques en 2017. Précisons que ces individus ne portaient plus de marques colorées au moment de leur seconde capture en 2017. En 2016, neuf individus

ont été recapturés dont sept recapturés une seule fois et deux individus recapturés deux fois. Un individu capturé en 2016 a été recapturé une fois en 2017. En 2018, un seul individu capturé a été recapturé une fois. Les individus marqués ont été observés à plusieurs reprises par des associations ornithologiques et par les gardiens de l’environnement. Notons enfin que parmi les individus capturés, l’individu MG032 est une recapture d’une capture réalisée par Belfan et Condé en 2008 (Annexe 11). En effet, l’individu possédait la marque Muséum Paris JA532387, nous renseignant qu’il avait été capturé le 24 février 2008 à 08h 20.

Le tableau 5 montre le nombre de mâles et de femelles capturés sur les deux sites. Il n’y a pas de différences entre les sex-ratios des deux échantillons (Fisher exact, Odd-ratio = 0,7389; $p = 0,7837$; $IC_{95\%} = [0,2064; 2,4745]$).

Tableau 5 : Résultats du sexage moléculaire des 63 moqueurs gorge-blanche.

	Nombre de mâles	Nombre de femelles
Intérieur R.N.N.C.	25	17
Extérieur R.N.N.C.	14	7

Les deux échantillons ont été considérés comme une population pour les analyses statistiques. De manière générale, le sex-ratio n’est pas significativement différent de 1:1 (Binomial test : $P_{obs} = 0,6190$; $p = 0,0769$; $IC_{95\%} = [0,4879; 0,7385]$).

8.1.1. Estimation de la taille de population (N_C).

La première méthode d’estimation de la taille de population (N_C) a été produite à partir des résultats de génotypages obtenus au cours de notre étude (Annexe 13). En nous basant sur la méthode de Khon *et al.*(1999), l’estimation est de 447 individus en moyenne, avec une borne inférieure d’intervalle d’estimation de 264 individus (Kohn *et al.* 1999, Luikart *et al.* 2010). La borne supérieure de cet intervalle est de 630 individus.

La seconde méthode consistant à estimer la taille de population à partir de modèles pour des populations fermées a été effectuée sur les huit modèles d'Otis proposés par le logiciel Mark. La comparaison des scores d'AIC de ces modèles propose deux modèles que sont M0 et Mh (Tableau 6). Ces modèles estiment la taille de population à 285 individus avec un intervalle de confiance allant de 161 à 592 individus.

Tableau 6 : Estimation de la taille de population de Moqueur gorge-blanche (*R. b.brachyurus*) calculée à partir des différents modèles d'Otis *et al.* (1978).

Modèle	Estimation	Erreur standard	AIC	95%CI
M0	285	102	366.9269	(161 ; 592)
Mh	285	102	366.9269	(161 ; 592)
Mb	303	442	368.9336	(89 ; 941)
Mbh	303	442	368.9336	(89 ; 941)
Mtb	$1,7 \cdot 10^5$	$1,4 \cdot 10^7$	434.7249	(553 ; $6 \cdot 10^7$)
Mtbh	$9,5 \cdot 10^4$	$3,5 \cdot 10^6$	434.7255	(557 ; $1,8 \cdot 10^7$)
Mt	286	101	435.3265	(160 ; 588)
Mth	286	101	435.3265	(160 ; 588)

8.1.2. Évaluation de la diversité génétique et structure de population.

L'analyse factorielle des correspondances met en évidence que trois individus possèdent des génotypes rares dans la population (Annexe 14). En effet, les individus 36 et 44 sont les seuls qui présentent un allèle 192 au locus TH15. L'individu 69 est le seul de la population capturée qui possède les allèles 178 et 182 au locus TH3 (Figure 18).

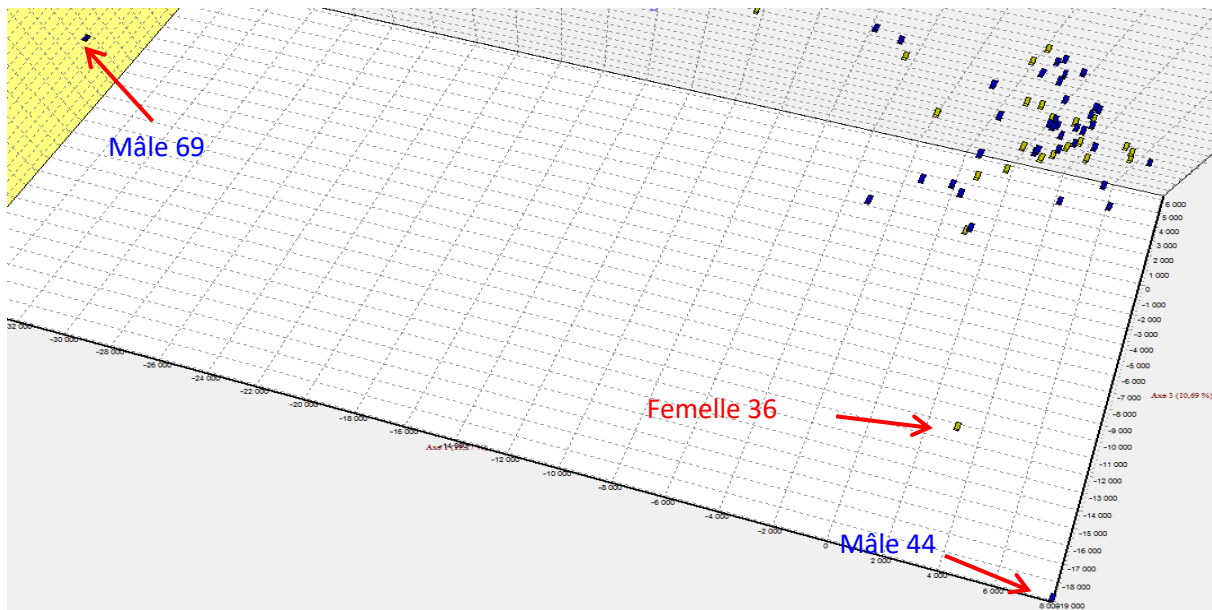


Figure 18 : Graphique des individus de l'AFC représentant les 63 moqueurs capturés et présentant les mâles en bleu et les femelles en jaune. Trois individus sont excentrés à cause de génotypes rares (Inertie des axes: 1 = 15,24%; 2 = 10,67%; 3 = 10,19%).

Du fait de leurs particularités, ces individus ont été retirés des représentations suivantes de l'AFC (Figure 19), car ils induisent une distorsion dans la représentation graphique qui pourrait biaiser l'interprétation (Kwak et Kim 2017).

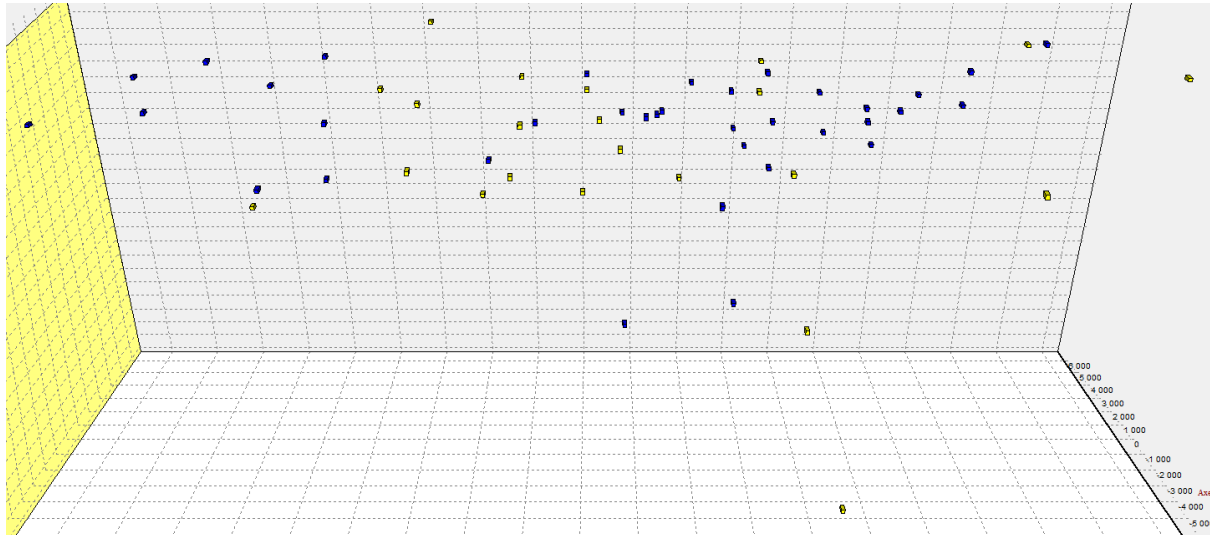


Figure 19 : Graphique des individus de l'AFC sans les trois individus excentrés par leur génotype rare.

L'analyse des mêmes données en fonction des localités de capture (Figure 20) montre une grande similitude de l'ensemble le long de l'axe 1 (horizontal), le plus informatif (ici 14,42% de l'inertie totale), mais une différence perceptible sur l'axe 2 (vertical, 11,16%) et partiellement sur l'axe 3 (dans la profondeur du graphique 3D, 9,4%), étirant nettement les points des stations Château Dubuc vers le bas. Il n'y a pas de différences génétiques entre sites d'échantillonnage.

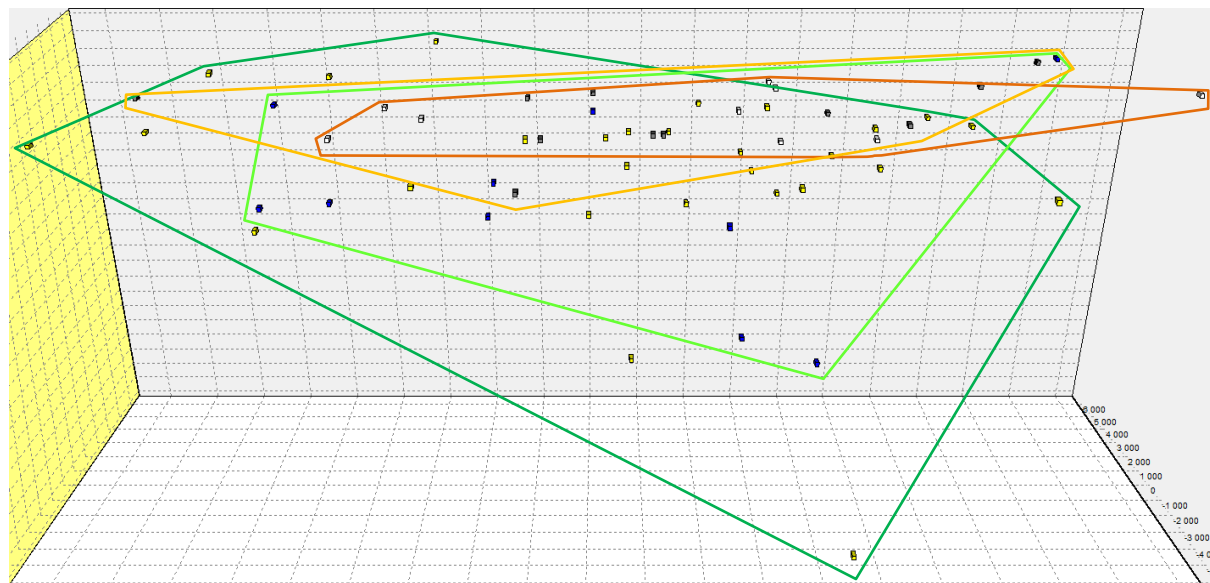


Figure 20 : Graphique des individus de l'AFC distinguant les deux localités de capture de Château Dubuc (Château Dubuc = vert foncé, Balata = vert clair) et les deux localités de l'Anse Spoutourne (orange foncé = Anse Spoutourne, orange clair = Morne Pavillon).

L'analyse factorielle de correspondances ne montre pas de structure génétique pour les données dont nous disposons (Figure 20). De plus, l'analyse d'assignation réalisée sur les individus en fonction des quatre sites d'échantillonnage ne montre aucune structure (Figure 21). Nous ne pouvons affirmer l'origine génétique des individus pour un échantillon constitué d'un génotype à six loci. Les 4 sites d'échantillonnage appartiennent tous à la même population.

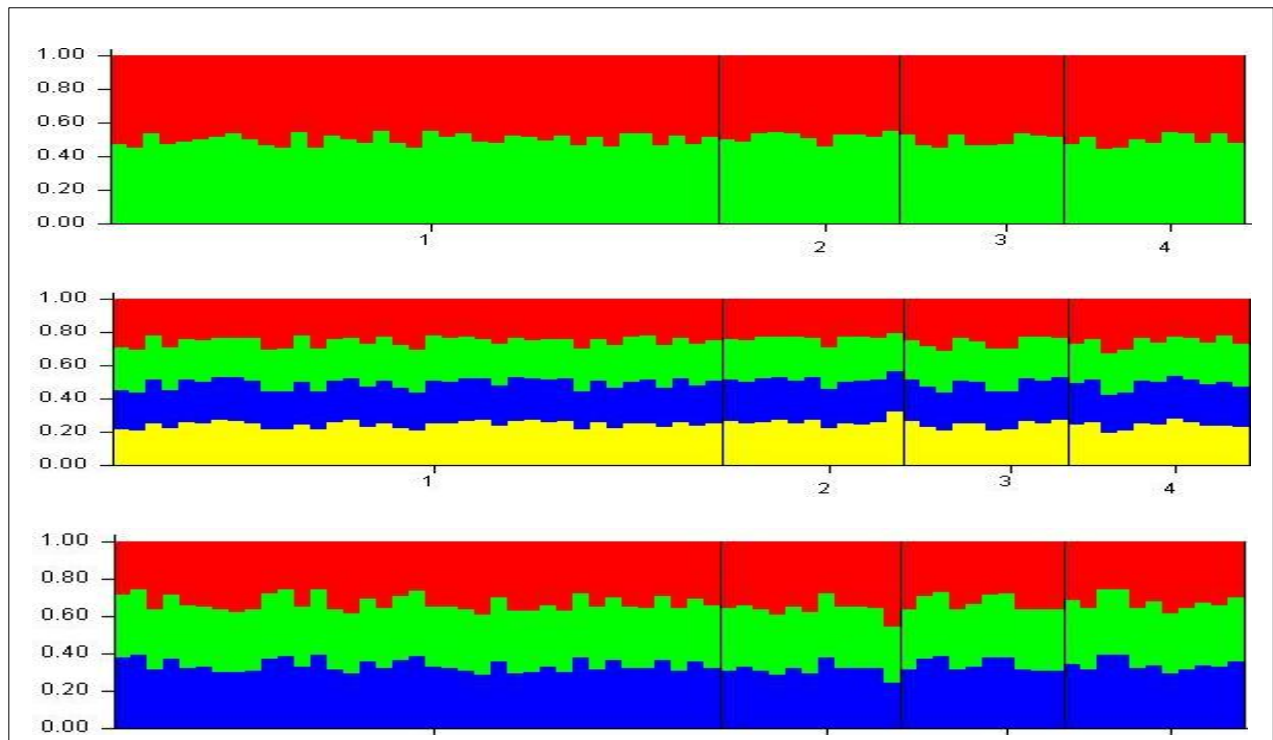


Figure 21 : Résultat d'analyse d'assignation. Chaque groupe formé génétiquement est représenté par une couleur. En abscisses sont représentés les différents sites d'échantillonnage (1 = Château Dubuc; 2 = Balata; 3 = Anse Spoutourne; 4 = Morne Pavillon).

L'analyse de parenté a mis en évidence des proximités génotypiques qui suggèrent deux "familles" du point de vue génétique (Figure 22).

Dans ce graphique (Figure 22), les individus sont rangés dans l'ordre de la matrice des génotypes en abscisse et en ordonnée : le tableau comprend donc 63 individus sur chaque axe, soit 3969 cellules. Chaque intersection correspond à la comparaison entre un individu en ordonnée et un individu en abscisse. Chaque intersection où on observe un losange orange correspondant à la détection d'individus génétiques liés au premier degré (full sibs) : ce lien génétique renvoie à la parenté "parent/enfant", "frère/frère", "sœur/sœur" ou "frère/sœur". Les triangles verts correspondent à la détection d'individus génétiques liés au second degré (half sibs) : il s'agit dans ce cas d'une parenté "grands-parents/petits-enfants", "oncle/neveux", "oncle/nièce", "tante/neveux", "tante/nièce".

Tableau 7 : Résultats de parentage pour les moqueurs gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) par localité de capture. « Full sibs » représente les apparentés du premier degré. « Half sibs » représente les apparentés du second degré. Les « Non sibs » ou individus non apparentés représentant moins de 1% de la population n'ont pas été indiqués.

Site	Localité	Full sibs	Half sibs
Intérieur de la R.N.N.C	Château Dubuc	28 (23%)	96 (77%)
	Balata	10 (21%)	38 (79%)
Extérieur de la R.N.N.C	Morne Pavillon	3 (6%)	45 (94%)
	Anse Spoutourne	5 (16%)	27 (84%)

À partir du tableau de contingence (tableau 7), nous avons testé l'hypothèse nulle selon laquelle il n'y a pas de différences en fonction du site d'échantillonnage. Pour ce faire, nous avons effectué le test du χ^2 de contingence dont les résultats sont les suivants :

$$\chi^2 = 4,5716; d.d.l. = 1; p = 0,03251$$

Comme le $p < 0.05$, on rejete l'hypothèse nulle, et on accepte l'hypothèse alternative. Ces résultats mettent en évidence une différence significative de proportion d'apparentés en fonction

du site d'échantillonnage : il y a bien plus de « Full sibs » à l'intérieur de la réserve que de « Half sibs ».

Pour ce qui concerne l'analyse de la diversité génétique, 28 allèles ont été observés sur 6 loci dont 28 présents dans la Réserve naturelle nationale de la Caravelle et 20 présents dans la forêt couvrant Morne Pavillon et Anse Spoutourne. Dans la réserve naturelle, le nombre moyen d'allèles par locus est de 4,67 allant de 2 (TH12) à 7 (WB2). À l'extérieur de la réserve, le nombre moyen d'allèles par locus est de 3,33 allant de 2 (TH6, TH12) à 5 (WB2). La diversité génétique aux deux localités de la R.N.N.C. est légèrement supérieure à celle à l'extérieur de cette dernière (Figure 22).

Tableau 8 : Paramètres de diversité génétique et de panmixie en fonction des localités de capture chez le Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*). N est la taille de l'échantillon. H_E est l'hétérozygotie attendue. H_{nb} est l'hétérozygotie de Nei. H_O est l'hétérozygotie observée. A est le nombre moyen d'allèles par locus. F_{IS} est l'indice de fixation. En ce qui concerne la significativité des F_{IS} : * correspond à une valeur de $p < 2.10^{-4}$. ** correspond à une valeur de $p < 1.10^{-4}$.**

Localité	N	H_E	H_{nb}	H_O	A	F_{IS}	Significativité
Intérieur réserve	42	0,587	0,594	0,512	4,7	0,139	***
Extérieur réserve	21	0,481	0,493	0,405	3,3	0,182	**
Presqu'île de la Caravelle	63	0,587	0,572	0,476	4,7	0,168	***

Pour la population globale de *R. b. brachyurus*, la valeur de l'indice de fixation F_{IS} global moyen par locus est de 0,168. Cela montre qu'il n'y a pas de panmixie au niveau de la Presqu'île de la Caravelle (Tableau 18). Pour la réserve naturelle, des valeurs de F_{IS} global par locus allant de -0,238 (WB5) à 0,653 (TH6), montrent un F_{IS} moyen de 0,139 (Tableau 18). Pour l'extérieur de la réserve naturelle, des valeurs de F_{IS} global par locus allant de -0,068 (TH3) à 0,728 (TH15), montrent un F_{IS} moyen de 0,182 (Tableau 8).

8.1.3. Estimation de l'effectif efficace (N_e)

Les trois méthodes à échantillon unique révèlent des tailles efficaces contrastées (Tableau 9). En effet, lorsque l'on considère l'échantillon de 63 individus, nous obtenons des estimations de tailles efficaces moyennes entre une quarantaine et une cinquantaine d'individus pour la Presqu'île de la Caravelle. Cependant, les intervalles de confiance obtenus sont très variables selon la méthode utilisée. La méthode du déséquilibre de liaison propose une estimation de 43 individus avec un intervalle de confiance entre 22 et 117 individus obtenu grâce au test paramétrique et un intervalle de confiance entre 19 et 154 individus par la méthode de Jackknife.

Tableau 9 : Estimation de la taille efficace sur échantillon simple pour la population du Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*).

		Presqu'île de la Caravelle ($n = 63$)	
		Estimation	$IC_{95\%}$
Méthode du déséquilibre de liaison (LD)	Test paramétrique	43.9	22.3;117.3
	Jackknife des <i>loci</i>		19.96;154.8
Méthode d'excès d'hétérozygotes	Test paramétrique	$+\infty$	9.9; $+\infty$
	Jackknife des <i>loci</i>		-
Méthode de co-ascendance moléculaire	Test paramétrique	$+\infty$	-
	Jackknife des <i>loci</i>		$+\infty$

Parmi les autres méthodes testées, celles à échantillons diachroniques révèlent aussi des résultats très variables. Les estimations les plus fiables sont celles qui correspondent à deux années d'intervalle (Tableau 10). Les résultats obtenus pour cette période sont aussi variables selon la méthode employée. Au regard des résultats obtenus, les estimateurs les plus cohérents sont ceux de 2016-2018 qui sont de 64, de 71 et de 34 individus avec des intervalles extrêmement variables selon la méthode utilisée.

Tableau 10 : Estimation de la taille efficace sur deux échantillons temporels selon 3 comparaisons annuelles pour la population de Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*).

		2016-2017		2016-2018		2017-2018	
		Estimation	IC95%	Estimation	IC95%	Estimation	IC95%
Estimateur de Nei et Tajima (1981)	Test paramétrique	142.8	8.8; +∞	64.8	10.1; +∞	-65	7.7; +∞
	Jackknife des <i>loci</i>		8.8; +∞		35;196.7		9.9; +∞
Estimateur de Pollack (1983)	Test paramétrique	-708.3	10.6; +∞	71.5	10.4; +∞	-49.7	8.4; +∞
	Jackknife des <i>loci</i>		13.2; +∞		37.4;254.6		15.1; +∞
Estimateur de Jorde et Ryman (2007)	Test paramétrique	-104.3	-46.4; +∞	34.3	16.1;59.3	-20	-9.4; +∞
	Jackknife des <i>loci</i>		33.9; +∞		19;188.7		-67; +∞

Les effectifs efficaces estimés par COLONY® sont inférieurs à ceux obtenus précédemment (Tableau 11). On observe des tailles efficaces d'une trentaine d'individus. Il s'agit du même ordre de grandeur que ce qui a été obtenu grâce aux méthodes précédentes.

Tableau 11 : Estimation de la taille efficace des moqueurs échantillonnés, considérés comme formant une seule population par le logiciel COLONY. La méthode de vraisemblance a été employée.

	Estimation	IC95%
Population panmictique	33	[21 ; 56]
Population non panmictique	24	[14 ; 45]

8.2. Évaluation de la condition corporelle

Entre 1994 et 2005, 79 moqueurs gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*) ont été capturés par Tayalay *et al.* (1994-2005) dont 41 à l'intérieur de la Réserve et 38 à Anse Spoutourne (Annexe 11). L'analyse de la variance (ANOVA) montre des différences significatives entre l'intérieur et l'extérieur de la réserve pour l'ensemble des caractères étudiés (Tableau 12).

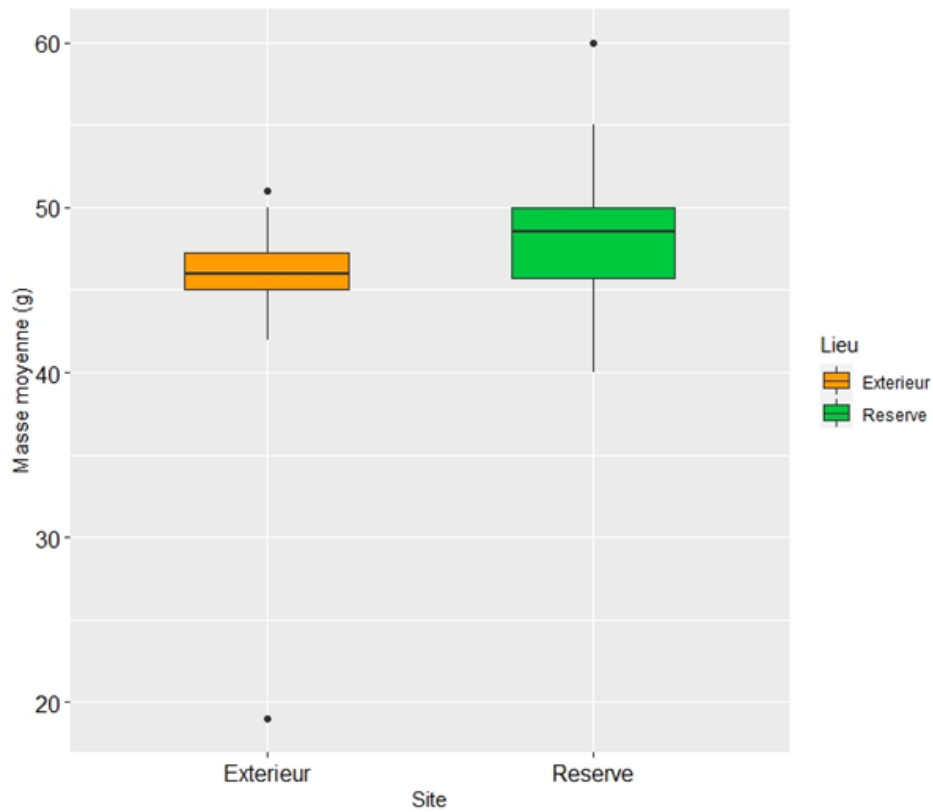


Figure 23 : Masses moyennes (en g) mesurées pour les moqueurs gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) entre les deux sites d'échantillonnage pour la période entre 1994 et 2005.

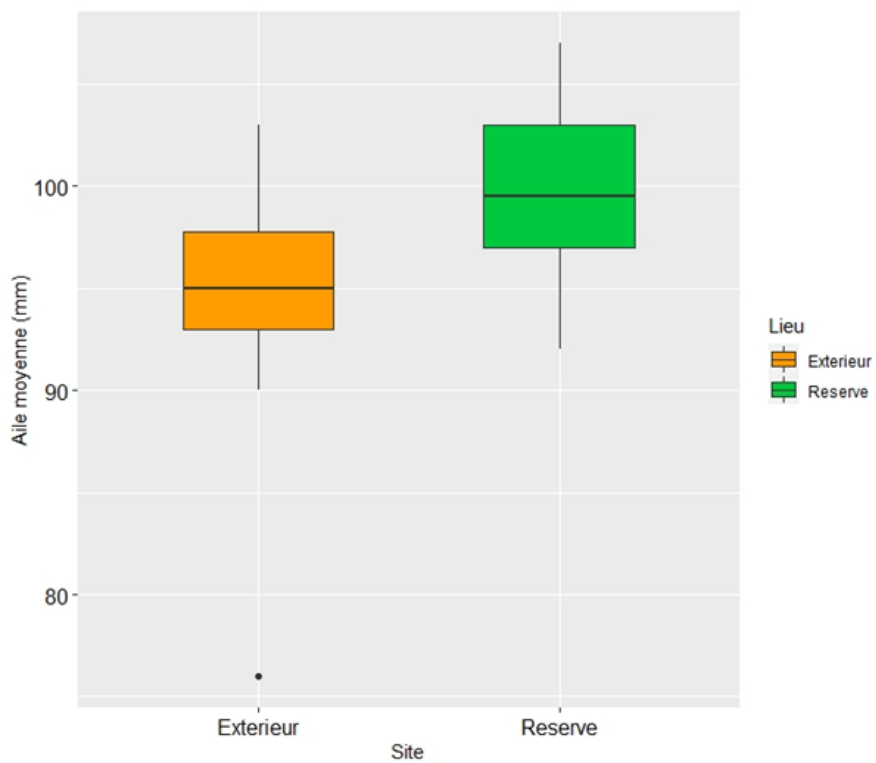


Figure 24 : Mesures moyennes d'ailes (en mm) de moqueurs gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) entre les deux sites d'échantillonnage pour la période entre 1994 et 2005.

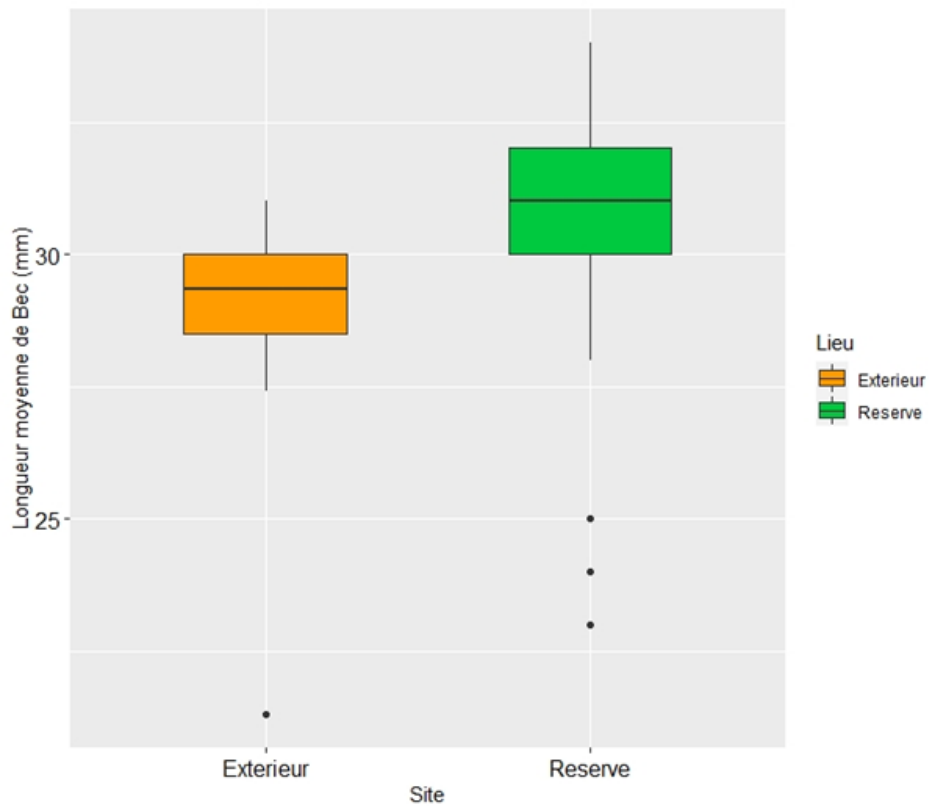


Figure 25 : Mesures moyennes de longueur de becs (en mm) pour le Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) entre les deux sites d'échantillonnage pour la période entre 1994 et 2005.

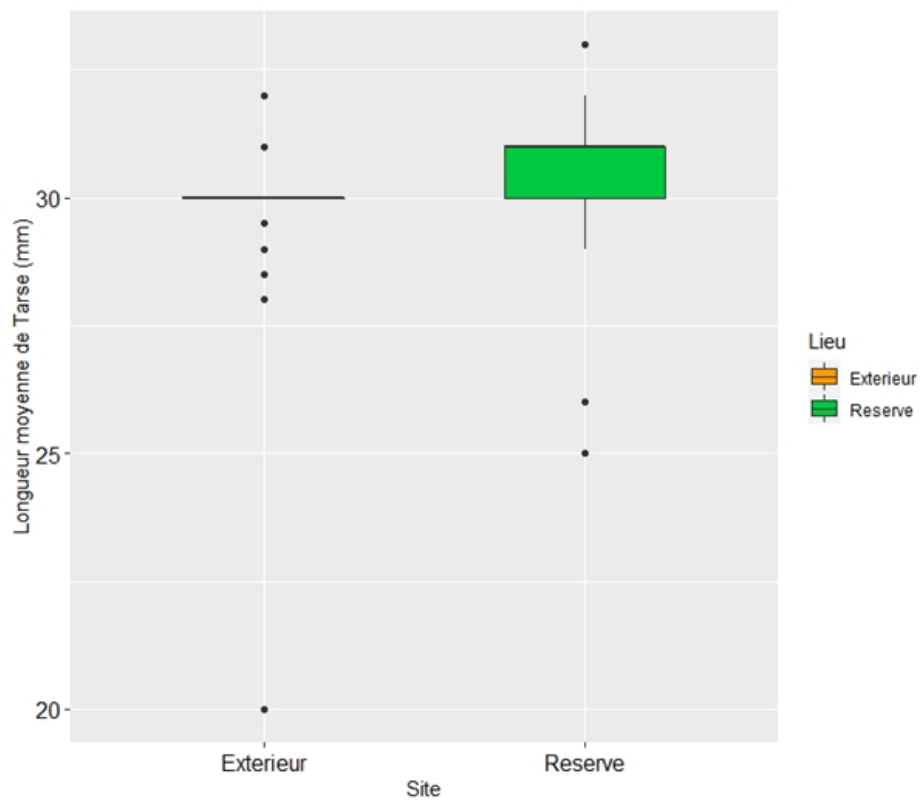


Figure 26 : Mesures moyennes de longueurs de tarse (en mm) pour les moqueurs gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) entre les deux sites d'échantillonnage pour la période entre 1994 et 2005.

Tableau 12 : Résultats de l'analyse de la variance sur les caractères morphologiques de Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) mesurés par Tayalay *et al.* (1994 -2005). Les résultats significatifs sont en gras. *** correspond à une significativité ou $p < 5\%$. ** correspond à un niveau de significativité ou $p < 1\%$. * correspond à une significativité ou $p < 5\%$.

Caractère morphologique/ Variable	F	d.d.l.	<i>p</i>
<i>Masse</i>			
Effet site	7,424	1	0,00826 **
Effet année	0,360	9	0,9498
Effet interaction site-année	1,006	10	0,40
<i>Longueur du Tarse</i>			
Effet site	5,106	1	0,0271*
Effet année	0,494	9	0,8734
Effet interaction site-année	0,9554	10	0,4899
<i>Longueur du Bec</i>			
Effet site	10,399	1	0,00195 **
Effet année	0,394	9	0,9338
Effet interaction site-année	1,395	10	0,202
<i>Longueur de l'Aile</i>			
Effet site	32,257	1	3,17 e⁻⁰⁷***
Effet année	2,7373	9	0,407
Effet interaction site-année	4,176	10	0,0001649 ***

Il n'y a pas de différence significative d'une année à l'autre pour les caractères mesurés de 1994 à 2005. Les individus à l'intérieur de la Réserve sont en moyenne plus grands et plus lourds que ceux se trouvant à l'extérieur (Figure 23, Figure 24, Figure 25, Figure 26).

Entre 2006 et 2015, 63 moqueurs gorge-blanche ont été capturés par Belfan et Condé au "lieu-dit" Anse Spoutourne (Annexe 11). L'analyse de la variance (ANOVA) ne montre pas de différences significatives pour les caractères considérés en fonction de l'année, à l'exception des mesures de taille d'ailes (Tableau 13).

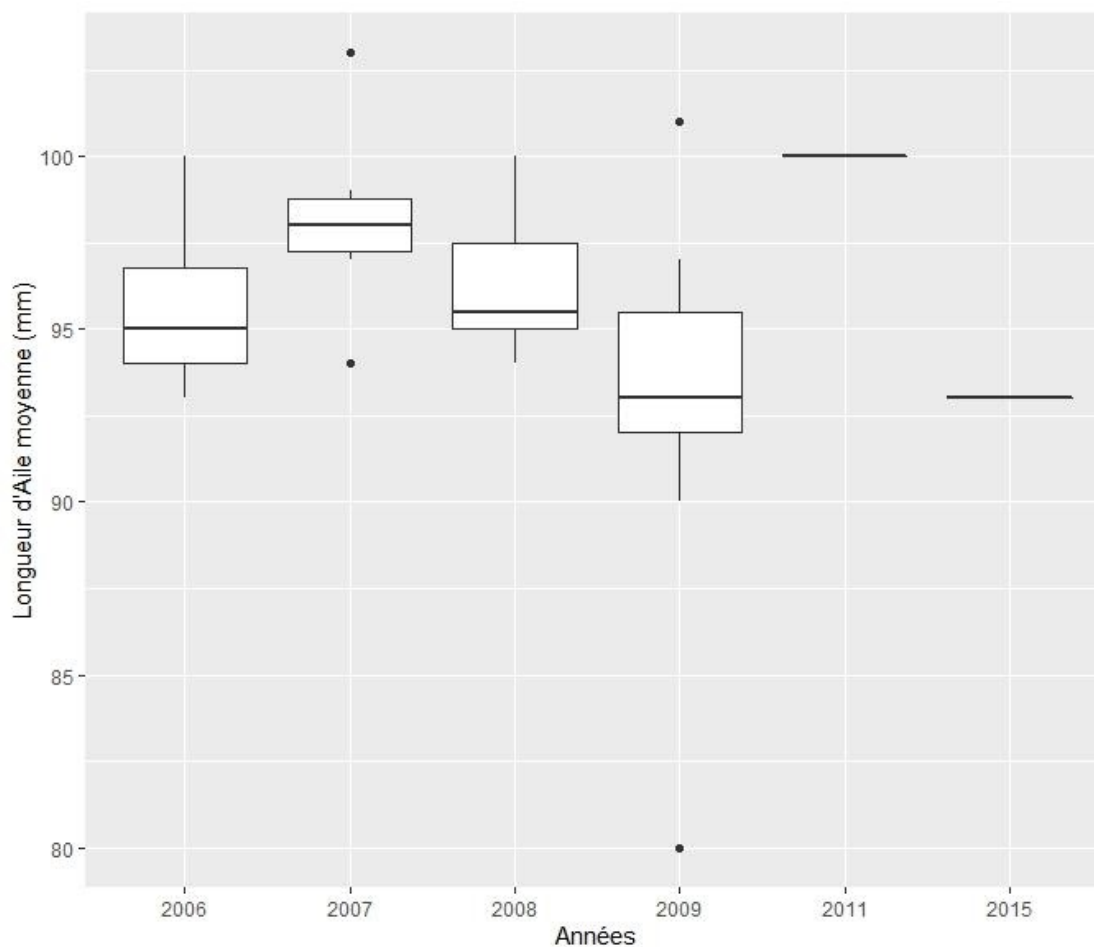


Figure 27 : Longueurs d'ailes moyennes de Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) représentées en fonction de l'année de mesure (2005-2016). Les longueurs d'ailes sont exprimées en millimètres.

Tableau 13 : Résultats de l'analyse de la variance sur les caractères morphologiques de Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) mesurés par Belfan et Condé (2006-2015). Les résultats significatifs sont en gras.* correspond à une significativité ou $p < 5\%$.

Caractère morphologique/ Variable	F	d.d.l.	p
<i>Masse</i>			
Effet année	0,84	5 ; 37	0,5303
<i>Longueur du tarse</i>			
Effet année	0,1978	5 ; 37	0,9613
<i>Longueur du bec</i>			
Effet année	0,394	5 ; 37	0,9338
<i>Longueur de l'aile</i>			
Effet année	3,3652	5 ; 37	0,01323 *

En effet, à l'analyse des données, on observe qu'en moyenne, les tailles d'ailes mesurées en 2009 sont significativement plus petites que celles mesurées les autres années (Figure 27).

Entre 2016 et 2018, nous avons capturé 63 individus, dont 42 à la Réserve et 21 à Anse Spoutourne. L'analyse de la variance (ANOVA) montre des différences significatives entre l'intérieur et l'extérieur de la réserve pour l'ensemble des caractères étudiés, sauf pour les longueurs d'ailes (Tableau 14).

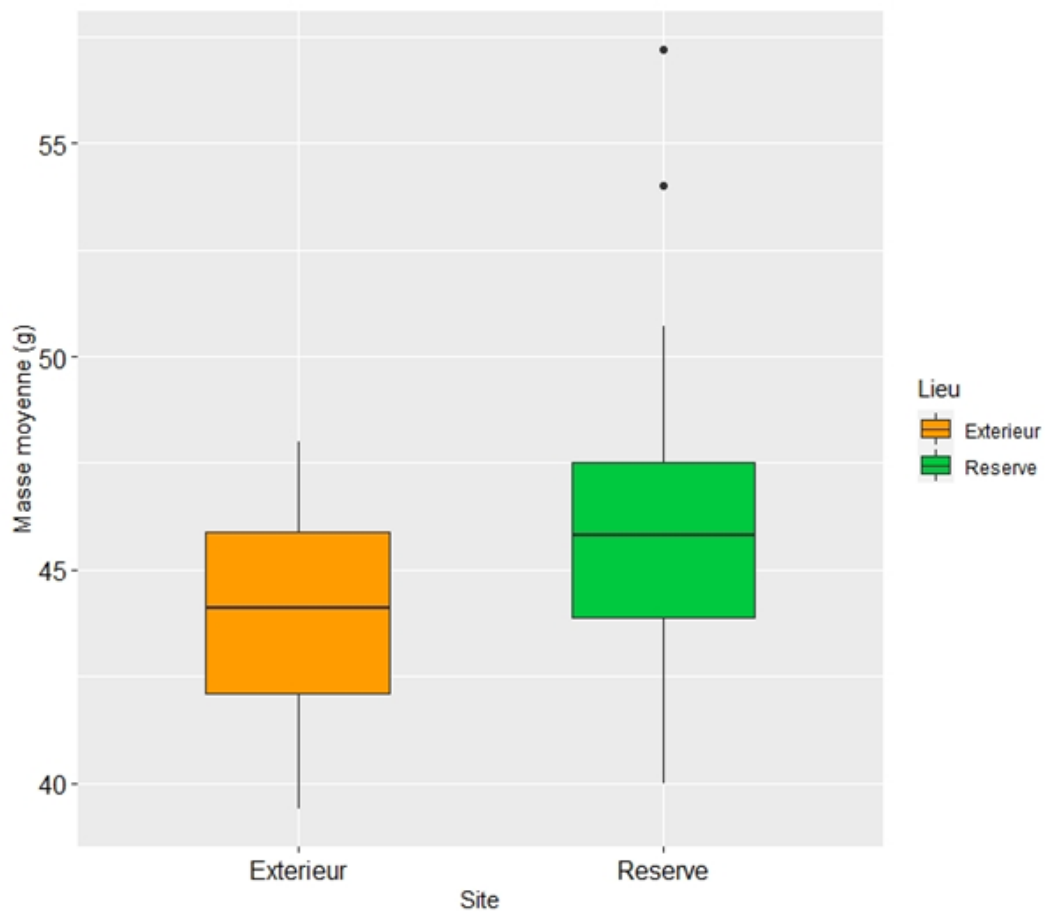


Figure 28 : Masses moyennes (en g) mesurées pour des moqueurs gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) entre les deux sites d'échantillonnage pour la période entre 2016 et 2018.

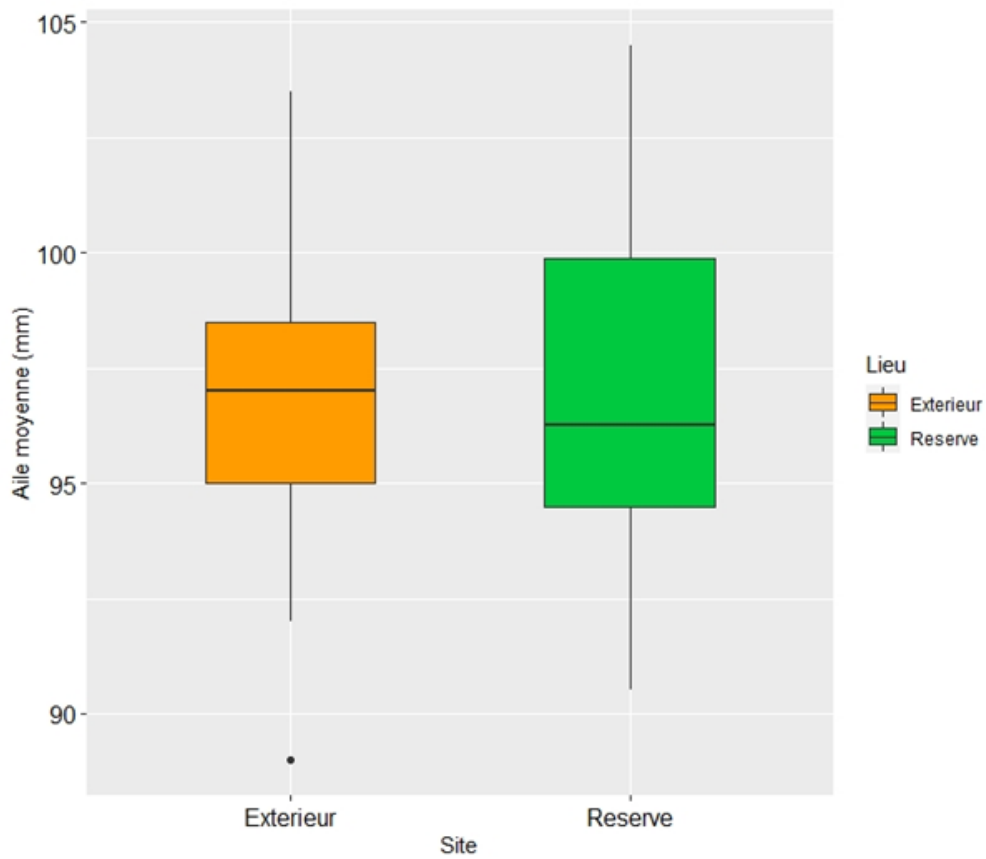


Figure 29 : Longueurs moyennes d'ailes mesurées pour des moqueurs gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) entre les deux sites d'échantillonnage pour la période entre 2016 et 2018.

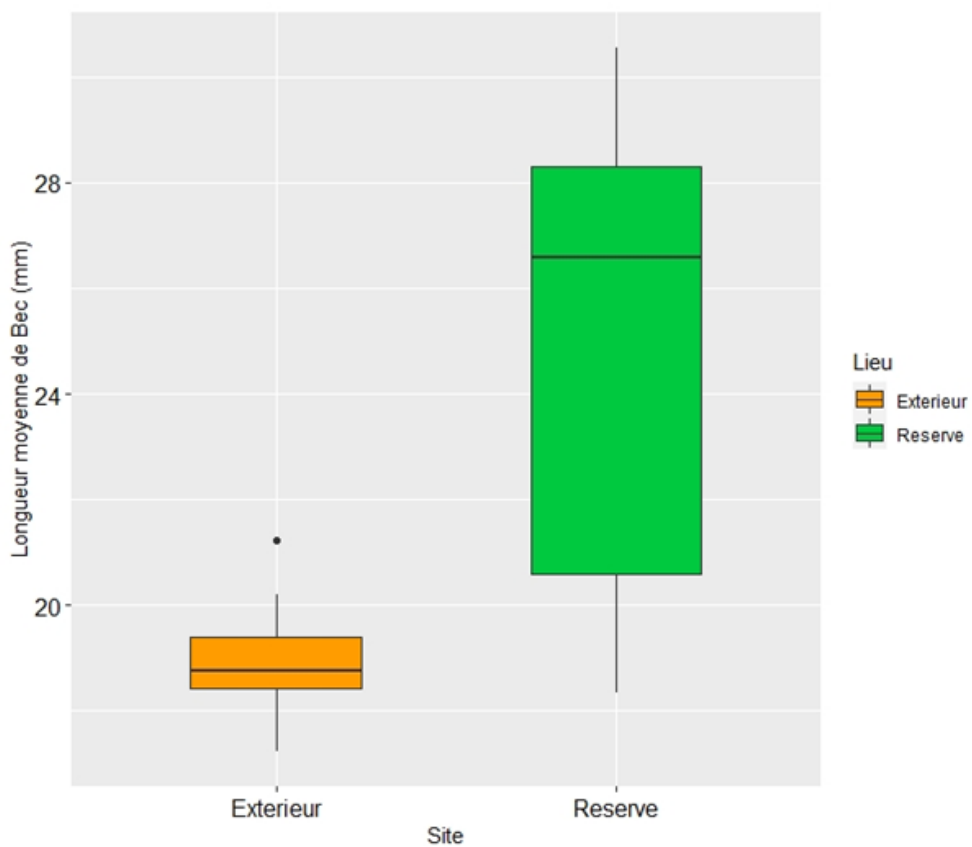


Figure 30 : Longueurs moyennes de becs mesurées pour des moqueurs gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) entre les deux sites d'échantillonnage pour la période entre 2016 et 2018.

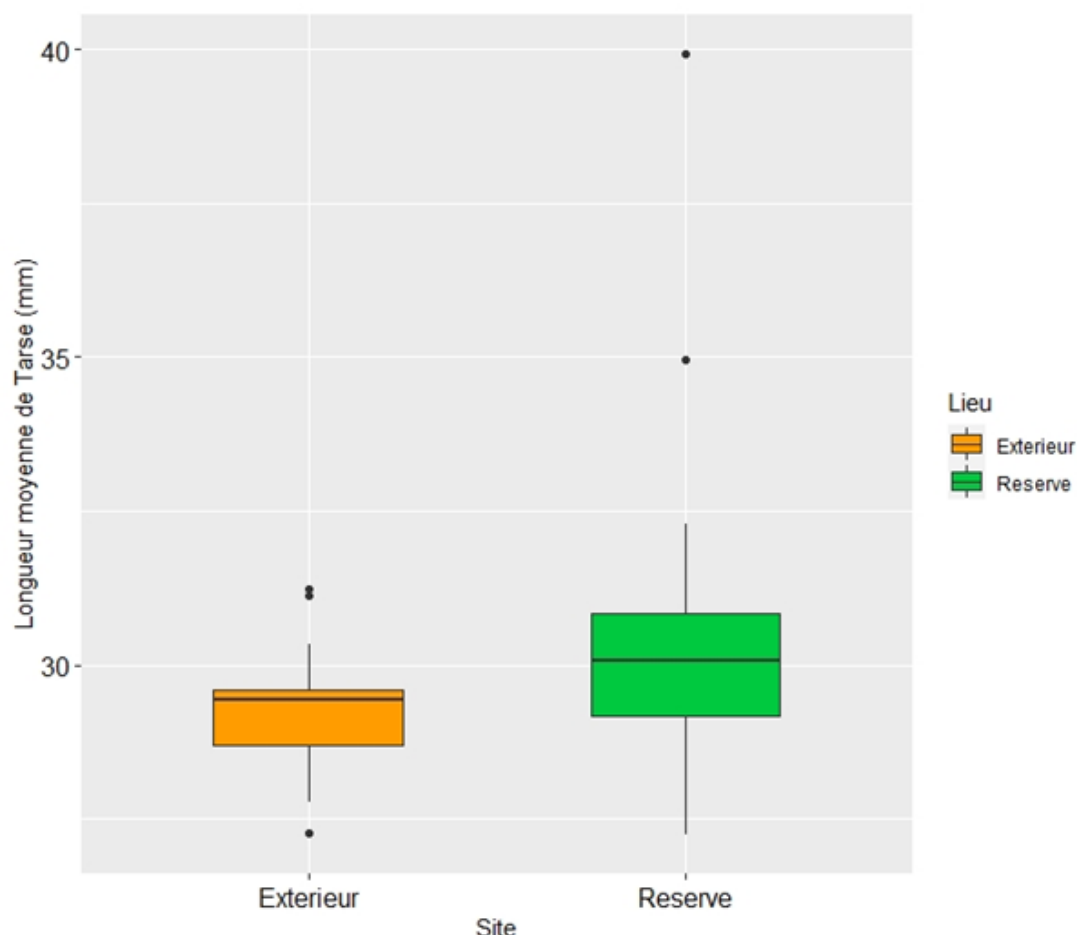


Figure 31 : Longueurs moyennes de tarse (en mm) pour des moqueurs gorge-blanc (R. b. brachyurus) entre les deux sites d'échantillonnage pour la période entre 2016 et 2018.

Tableau 14 : Résultats de l'analyse de la variance sur les caractères morphologiques des moqueurs gorge-blanc (R. b. brachyurus) mesurés par Son *et al.* (2016-2018). Les résultats significatifs sont en gras.* correspond à une significativité ou $p < 5\%$.

Caractère morphologique/ Variable	F	d.d.l.	p
<i>Masse</i>			
Effet site	6,1252	1	0,01617 *
Effet année	1,43	2	0,242
Effet interaction site-année	2,0244	3	0,1204
<i>Longueur du Tarse</i>			
Effet site	4,785	1	0,0326 *
Effet année	1,978	2	0,147
Effet interaction site-année	2,5703	3	0,06272 .
<i>Longueur du Bec</i>			
Effet site	187,35	1	<10⁻⁶
Effet année	85,065	2	<10⁻⁶
Effet interaction site-année	119,16	3	<10⁻⁶
<i>Longueur de l'Aile</i>			
Effet site	0,1067	1	0,7450
Effet année	1,8950	2	0,1594
Effet interaction site-année	1,2989	3	0,2833

L'analyse de la variance (ANOVA) ne montre pas de différences significatives entre la masse des individus capturés au cours des différentes années étudiées ($F_{2;59} = 1,43; p=0,248$). Elle met cependant en évidence des différences significatives entre les masses des individus capturés dans la Réserve et celles des individus capturés à Anse Spoutourne ($F_{1;60} = 6,125 ; p=0,0162$). Les individus capturés dans la Réserve ont en moyenne une masse plus importante que ceux capturés à l'extérieur (Figure 28).

L'ANOVA montre qu'il y a des différences significatives entre la longueur du tarse des individus capturés dans la Réserve et à Anse Spoutourne ($F_{1;61} = 4,785; p=0,0326$). En effet, ces derniers présentent en moyenne des longueurs de tarse plus grandes que ceux qui ont été capturés à l'extérieur de la Réserve (Figure 31). Des différences significatives sont aussi observées entre la longueur des becs des individus capturés au cours des différentes années (Tableau 15). Dans la Réserve, les individus capturés ont des becs plus longs que ceux de l'extérieur de la réserve (Figure 30). La différence est beaucoup plus significative pour l'année 2016 : les individus capturés avaient en moyenne des becs plus petits que les individus capturés au cours des autres années.

L'ANOVA ne montre pas de différences significatives entre la longueur des ailes des individus capturés au cours des différentes années ($F_{2;59} = 1,895; p=0,159$). Elle ne montre pas non plus de différences significatives entre la longueur des ailes des individus capturés dans la Réserve et à l'extérieur (Tableau 14).

L'analyse de la variance (ANOVA) montre des différences significatives entre les différents jeux de données pour l'ensemble des caractères étudiés à l'exception des longueurs de tarse qui n'évoluent qu'en fonction du site d'échantillonnage (Tableau 15).

Tableau 15 : Résultats de l'analyse de la variance sur les caractères morphologiques de Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*). Les résultats significatifs sont en gras. *** correspond à une significativité ou $p < 5\%$. ** correspond à un niveau de significativité ou $p < 1\%$. * correspond à une significativité ou $p < 5\%$.

Caractère morphologique/ Variable	F	d.d.l.	p
<i>Masse</i>			
Effet Site	12,765	1	0,000456 ***
Effet Expérimentateur	3,841	2	0,023296 *
Effet interaction Site- Expérimentateur	0,225	1	0,635602
<i>Longueur du Tarse</i>			
Effet Site	12,1678	1	0,0006119 ***
Effet Expérimentateur	3,0464	2	0,0500008 .
Effet interaction Site- Expérimentateur	0,0835	1	0,7729984
<i>Longueur du Bec</i>			
Effet Site	67,287	1	4,434e⁻¹⁴ ***
Effet Expérimentateur	174,826	2	< 2,2e⁻¹⁶ ***
Effet interaction Site- Expérimentateur	29,983	1	1,458e⁻⁰⁷ ***
<i>Longueur de l'Aile</i>			
Effet Site	22,236	1	4,83.10⁻⁰⁶ ***
Effet Expérimentateur	3,777	2	0,0247 *
Effet interaction Site- Expérimentateur	13,017	1	0,0004 *

Ainsi, nous observons que les masses moyennes diminuent entre les différentes périodes considérées (Figure 32).

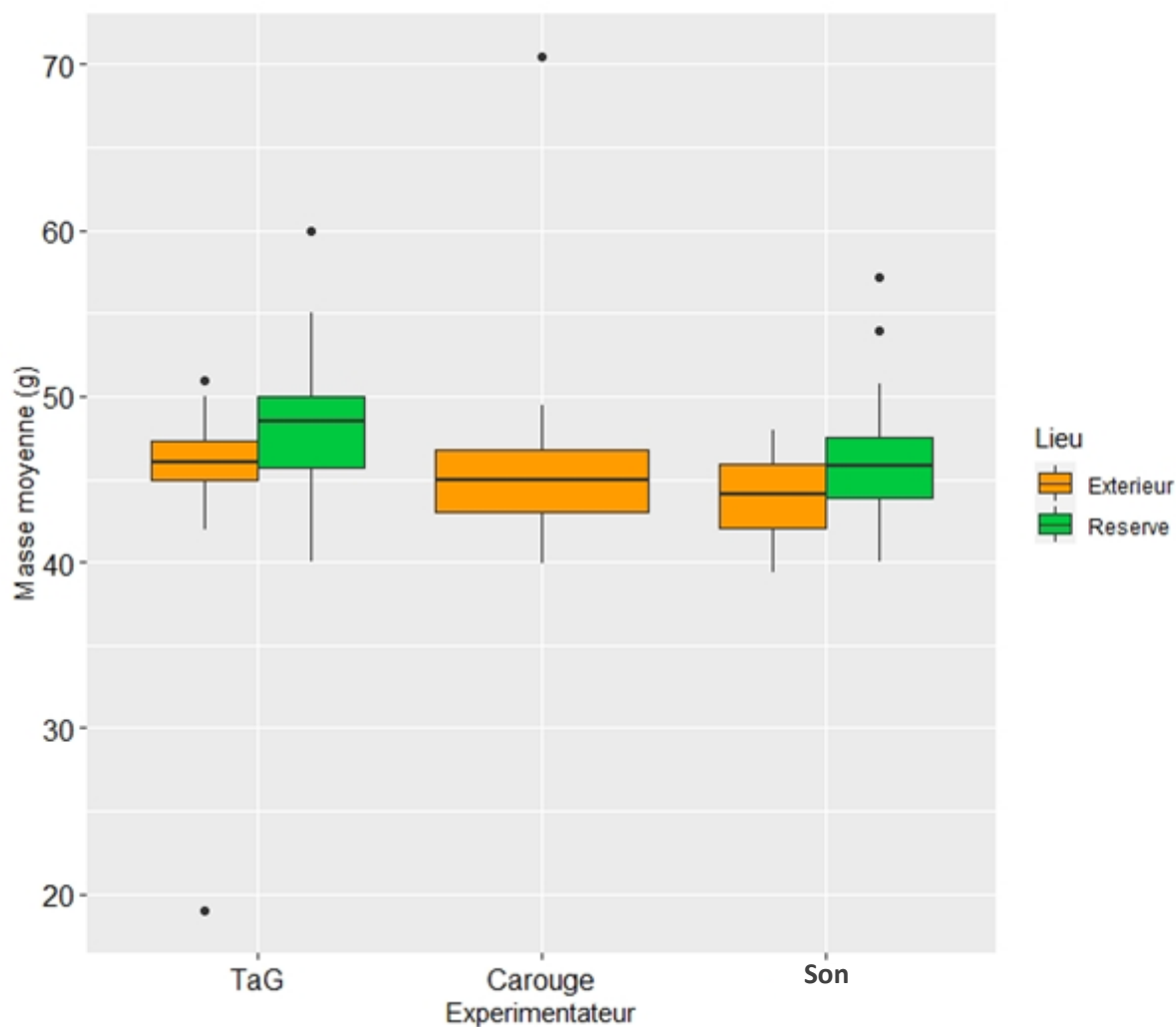


Figure 32 : Représentation des masses moyennes mesurées chez des moqueurs gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) entre 1994 et 2018. « TaG » représente le groupe de données de Tayalay *et al.* (1994-2005). « Carouge » représente le groupe de données de Belfan et Condé (2006-2015). « Son » représente le groupe de données de Son *et al.* (2016-2018). Les Masses sont représentées en grammes.

Sur la période allant de 2016 à 2018, les 63 moqueurs gorge-blanche mesurés et marqués ont été sexés (Tableau 16).

Tableau 16 : Tailles d'échantillons, moyennes, écart-types et comparaisons de mesures en fonction des sexes pour des moqueurs gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) mesurés de 2016 à 2018.

Caractères	Mâles		Femelles		<i>d</i> de Cohen (95% CI)
	<i>n</i>	$\bar{x} \pm sd$	<i>n</i>	$\bar{x} \pm sd$	
Masse (g)	38	44,86 (3,33)	24	46,08 (3,19)	-0,38 (-0,99; 0,13)
Longueur de l'aile (mm)	39	97,37 (3,46)	24	96,23 (3,33)	0,34 (-0,17; 0,90)
Longueur de la Queue (mm)	39	92,01 (6,32)	24	93,96 (9,81)	-0,34 (-0,86; 0,24)
Longueur du Tarse (mm)	39	30,09 (2,02)	24	29,71 (1,07)	0,22 (-0,32; 0,58)
Épaisseur du Tarse (mm)	39	2,98 (0,30)	24	2,88 (0,37)	0,29 (-0,26; 0,81)
Longueur du Bec (mm)	39	23,01 (4,60)	24	23,23 (4,38)	-0,05 (-0,56; 0,46)
Hauteur du bec (mm)	39	5,97 (0,31)	24	5,98 (0,39)	-0,05 (-0,63; 0,51)

L'analyse multivariée de la variance (MANOVA) ne montre pas de différences significatives entre les sexes pour l'ensemble des caractères étudiés (Tableau 17).

Tableau 17 : Résultats de l'analyse multi-variée de la variance (MANOVA) sur les caractères morphologiques du Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*).

Caractère morphologique/ Variable	Sum sq	Mean Sq	F	d.d.l.	p
<i>Masse</i>					
Effet sexe	22,01	22,015	2,0524	1	0,1572
Résidus	643,57	10,726		60	
<i>Longueur de l'aile</i>					
Effet sexe	16,54	16,537	1,4149	1	0,2389
Résidus	701,31	11,688		60	
<i>Longueur de la queue</i>					
Effet sexe	71,7	71,735	1,2228	1	0,2732
Résidus	3519,8	58,664		60	
<i>Longueur du tarse</i>					
Effet sexe	1,918	1,9184	0,5807	1	0,4490
Résidus	198,214	3,3036		60	
<i>Épaisseur du tarse</i>					
Effet sexe	0,0908	0,090842	0,8908	1	0,3498
Résidus	6,1185	0,101975		60	
<i>Longueur du bec</i>					
Effet sexe	0,13	0,1324	0,0065	1	0,9361
Résidus	1224,97	20,4162		60	
<i>Hauteur du bec</i>					
Effet sexe	0,0042	0,004227	0,0356	1	0,8511
Résidus	7,1325	0,118875		60	

La relation linéaire entre la longueur du tarse et la masse estimée avec la formule de Peig et Green (2009) précise les valeurs des paramètres à utiliser dans la formule suivante :

$\widehat{M}_i = M_i \left[\frac{L_0}{L_i} \right]^{b_{SMA}}$. Le coefficient de corrélation de la relation linéaire r est égal à 0,355. Il permet d'estimer la pente de régression linéaire : $b_{OLS} = 0,9322$. Ces deux précédentes permettent de calculer la régression standard d'axe majeur : $b_{SMA} = 2,626$. Enfin, la longueur moyenne des tarse de la population ($L_0 = 30,10$ mm) a été divisée par la longueur de tarse de chaque individu et mise à la puissance b_{SMA} . L'indice de masse échelonnée est obtenu en multipliant ce résultat par la masse de chaque individu. Enfin, une ANOVA des indices de masse échelonnée, a permis de mettre en évidence qu'il n'y a pas de différence significative pour la masse échelonnée, que ce soit en fonction du site d'échantillonnage ou en fonction de l'expérimentateur (Tableau 18).

Tableau 18 : Résultats d'analyse de la variance sur l'indice de masse échelonnée pour le Moqueur gorge-blanc (*R. b. brachyurus*).

<i>Indice de Masse échelonnée</i>	F	d.d.l.	p
Effet site	0,4443	1	0,5059
Effet expérimentateur	2,0008	2	0,1383
Interaction effet site-expérimentateur	0,2744	1	0,6011

8.3. Évaluation des conditions de nidification et d'alimentation

8.3.1. Conditions de nidification

Au total, 41 nids de moqueur gorge-blanc (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*) ont été localisés et analysés (Figure 33).

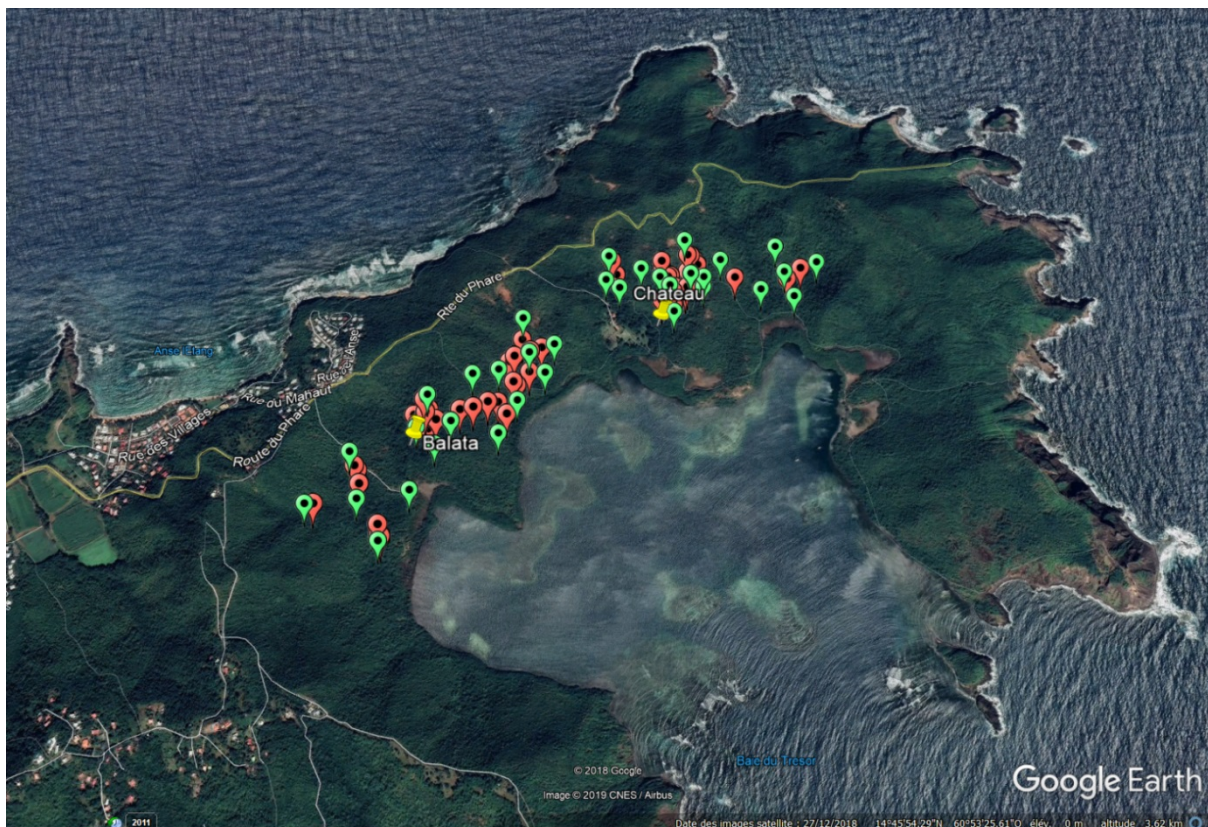


Figure 33 : Cartographie des sites d'étude de la nidification chez le Moqueur gorge-blanc au Château Dubuc et à Balata. Les points rouges représentent les localisations de nids de Moqueurs. Les points verts correspondent aux localisations ne présentant pas de nids de moqueurs. Conception : Steven SON. Propriété de DiSC (Dispositif de suivi des changements), Source : PNRM et CNRS (2018).

Le nombre de nids recensés dans la R.N.N.C. est de 0,193 nid/ha ($\sigma=0,19$) avec un coefficient de variation (CV) de 0,98. La localité Château Dubuc présente une densité de 0,222 ($\sigma=0,121$) nid/ha et CV de 0,55, alors que ceux de Balata sont de 0,176 ($\sigma=0,258$) nid/ha pour la densité et

1,471 pour le CV. Sur les 41 nids observés, 7 (17%) sont classés comme “actifs”, dont un contenant un jeune et un œuf, deux contenant un œuf chacun et quatre vides avec un individu adulte dans le nid. Les trois nids actifs occupés ont été prédatés.

Tableau 19 : Évaluation de la densité de nids pour le Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*).

	Station	Aire (ha)	Nombre de nids	Nombre de nids par surface (nids/ha)
Château Dubuc	SSJ8	2,263	6	$2,65e^{-01}$
	SSJ2	2,539	3	$1,18e^{-01}$
	SSJ6	1,026	1	$9,75e^{-02}$
	SSJ4	2,275	8	$3,52e^{-01}$
Balata	SSJ5	2,697	5	$1,85e^{-01}$
	SSJ3	2,917	4	$1,3e^{-01}$
	SSJ1	1,229	8	$6,51e^{-01}$
	SSJ7	6,257	6	$9,59e^{-02}$

Ils ont été observés sur sept espèces d’arbres parmi la quarantaine d’espèces qu’il est possible de rencontrer à la Presqu’île de la Caravelle (Vennetier 2015). Nos résultats montrent une forte fréquence des moqueurs gorge-blanche à construire leurs nids sur des merisiers (*Myrcia citrifolia*) puis dans une moindre mesure sur des bois chique (*Ardisia obovata*) (Figure 34).

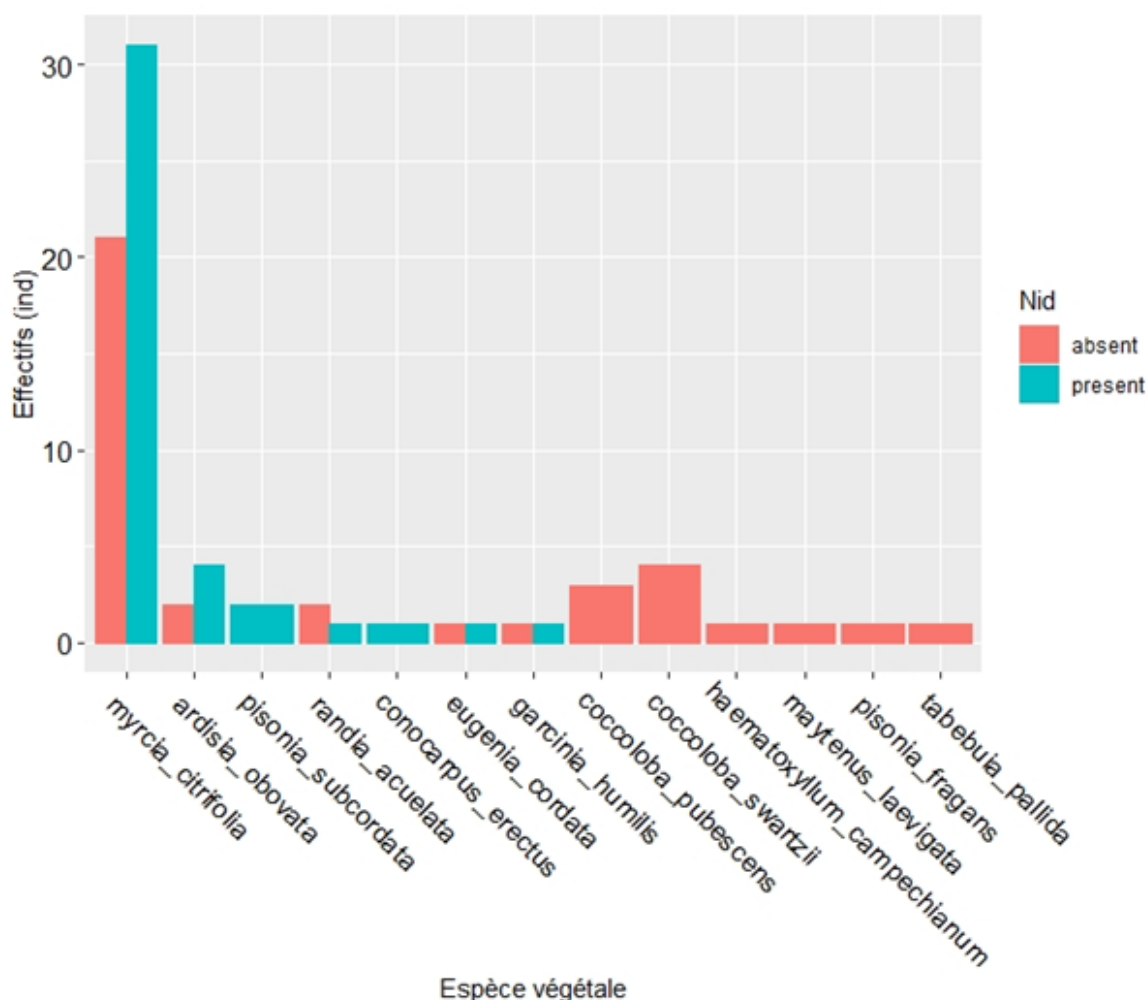


Figure 34 : Effectif d'espèces végétales servant de support aux nids de Moqueur gorge-blanche (*R.b.brachryurus*).

L'analyse par régressions logistiques démontre que l'utilisation des merisiers (*Myrcia citrifolia*) en tant que support de nid pourrait être due au hasard et non à un choix du Moqueur, du fait précisément de leur abondance (Tableau 20).

Tableau 190 : Résultat d'analyse logistique binomiale entre la présence/absence et la détermination spécifique du support végétal.

	Estimation	Erreur standard	z	p
Intercept	-19,26	3765,85	-0,005	0,996
<i>Coccoloba pubescens</i>	-19,26	3261,32	-0,006	0,995
<i>Coccoloba swartzii</i>	17,87	6522,64	0,003	0,998
<i>Conocarpus erectus</i>	-0,69	1,66	-0,418	0,676
<i>Eugenia cordata</i>	-0,69	1,66	-0,418	0,676
<i>Garcinia humilis</i>	-19,26	6522,64	-0,003	0,998
<i>Haematoxylum campechianum</i>	-19,26	6522,64	-0,003	0,998
<i>Maytenus laevigata</i>	-0,30	0,91	-0,333	0,739
<i>Myrcia citrifolia</i>	-19,26	6522,64	-0,003	0,998
<i>Pisonia fragrans</i>	17,87	4612,2021	0,004	0,997
<i>Randia acuelata</i>	-1,39	1,5	-0,924	0,355
<i>Tabebuia pallida</i>	-19,26	-19,26	-0,003	0,998

En outre, si le choix du support de nidification ne dépend pas de l'espèce, la régression logistique binomiale met en évidence une relation significative entre le diamètre des troncs et la présence de nids (Tableau 21). En effet, on observe que les troncs des individus supports font entre 4,3 et 20,3 cm de diamètre, mais que l'occurrence la plus fréquente est l'utilisation de supports de 5,3 et 5,7 cm de diamètre. Dans 57% des cas, ce sont les merisiers (*Myrcia citrifolia*) qui présentent cette gamme de diamètres. 14% des individus de « Ti coco » (*Randia acuelata*), d'abricotier batard (*Garcinia humilis*) et de Mapous gris (*Pisonia subcordata*) se retrouvent dans ces gammes de diamètres.

Tableau 21 : Résultat de l'analyse de la régression logistique binomiale. ** significativité correspondant à un $p < 1\%$.

	Estimation	Erreur standard	z	p
Intercept	1,839	0,582	3,160	0,00158 **
Diamètre de tronc	-0,174	0,059	-2,933	0,00336 **

L'analyse en composantes principales révèle des corrélations entre certaines variables physiques mesurées (Figure 35).

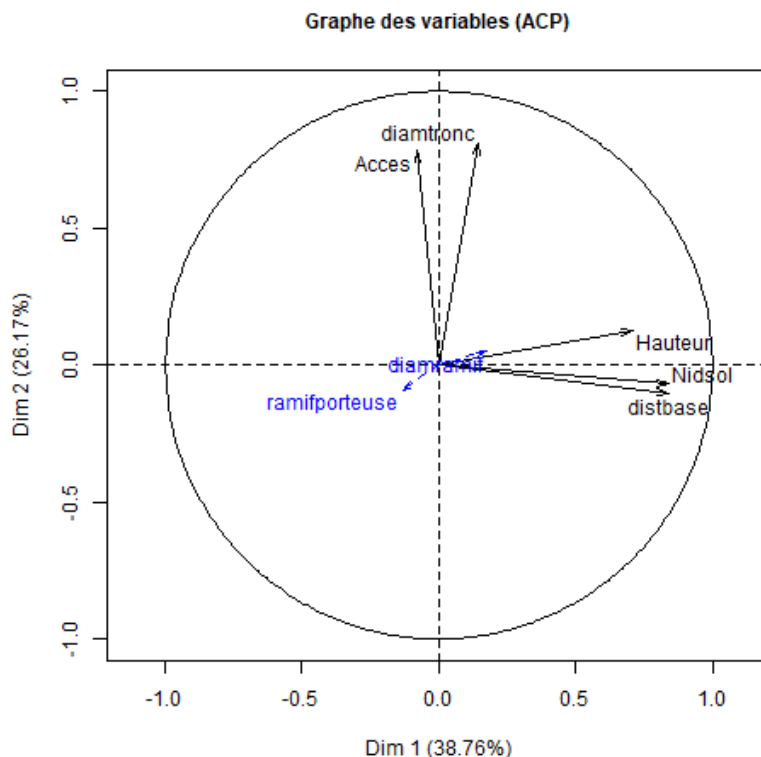


Figure 35 : Graphe des variables de l'ACP sur les variables mesurées à chaque station.

Sur l'axe 1, qui explique 38,76% de l'inertie, on observe que trois variables sont corrélées. Ce sont la hauteur de l'espèce support, la hauteur du nid au sol et la distance du nid à la base de l'espèce support.

Sur l'axe 2, qui explique 26,17% des données, on observe que la variable d'accessibilité au nid est corrélée avec le diamètre du tronc.

Le graphique des individus ne met pas en évidence une quelconque structure des données (Figure 36) du fait d'une diversité dans les gammes de valeurs des variables considérées pour les stations étudiées.

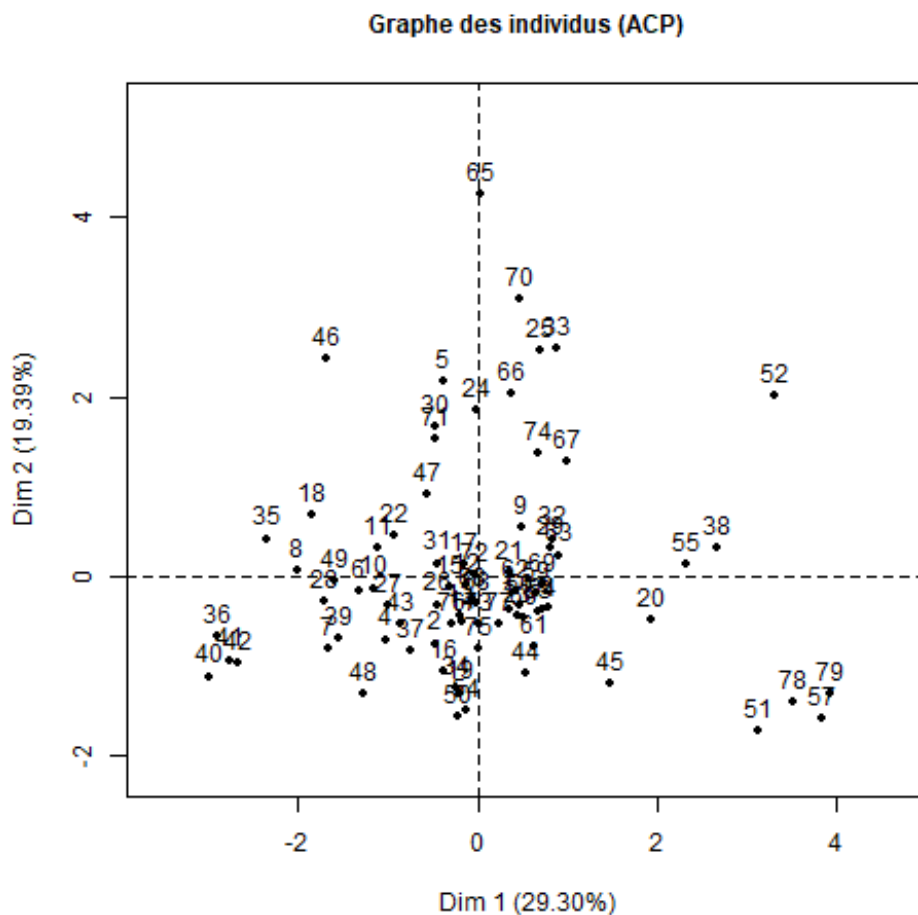


Figure 36 : Graphique des individus de l'ACP. Chaque point représente une station. Dim 1 représente la première dimension. Dim2 représente la deuxième dimension.

8.3.2. Conditions d'alimentation

Entre 2016 et 2018, 54 enregistrements vidéo correspondant à autant de localisations GPS, d'observations individualisées de recherche d'approvisionnement ont été réalisés. Pour chaque année, sur l'ensemble des comportements étudiés, les tests de Mantel réalisés entre la matrice des distances géographiques et la matrice des distances biologiques n'étaient pas significatifs (Tableau 22), mettant ainsi en évidence que 18 enregistrements en 2016, 19 enregistrements en 2017 et 17 enregistrements en 2018 pouvaient être considérés comme des données indépendantes.

Tableau 22 : Résultats des tests de Mantel réalisés sur plusieurs paramètres pour les années 2016, 2017 et 2018. Ces calculs ont été réalisés sur 10000 répliques.

Paramètres	2016		2017		2018	
	<i>r</i>	<i>p</i>	<i>r</i>	<i>p</i>	<i>r</i>	<i>p</i>
Distance entre les taux de vigilance (rangs)	0.1295	0.0695	0.0937	0.1298	0.0958	0.1844
Taux de vigilance (données)	0.0078	0.3784	0.1783	0.0763	-	0.7007
					0.1194	
Distance entre les taux de grattage (rang)	0.1295	0.0625	0.0931	0.1279	0.0958	0.1826
Taux de grattage (données)	0.0315	0.2404	-	0.3740	-	0.8454
			0.0105		0.1591	
Distances entre les taux de prédation (rang)	0.1295	0.0688	0.0931	0.1255	0.0958	0.1844
Taux de prédation (données)	0.0025	0.3988	-	0.3344	-	0.4878
			0.0038		0.0983	
Distance entre les taux d'autres comportements (rangs)	0.1295	0.0672	0.0931	0.1280	0.0958	0.1815
Taux d'autres comportements (données)	0.1047	0.0600	0.0567	0.2448	-	0.9508
					0.2081	

Le tableau 23 montre les valeurs moyennes et les écarts-types pour chaque comportement (nombre d'actes par seconde), pour le taux de vigilance (scan de vigilance par minute de recherche) et pour l'efficacité de capture (nombre de tentatives par proie capturée) individuellement observés par localisation GPS.

Tableau 23 : Moyennes (\bar{x}) et écart-types (s) pour chaque comportement (actes par seconde) de la séquence comportementale pour chaque localisation GPS, pour le taux de vigilance et l'efficacité de capture des moqueurs gorge-blanche (*R.b. brachyurus*) en fonction de l'année.

Année	Grattage		Prédation		Autres comportements		Taux de vigilance		Temps de vigilance		Temps Inter-actes		Efficacité de capture	
	\bar{x}	s	\bar{x}	s	\bar{x}	s	\bar{x}	s	\bar{x}	s	\bar{x}	s	\bar{x}	s
2016	0,918	0,386	0,005	0,007	0,019	0,024	4,81	2,30	2,58	2,25	10,36	7,84	132,14	110,82
2017	0,791	0,464	0,005	0,009	0,009	0,009	4,26	2,65	2,73	2,17	8,15	4,41	166,56	208,99
2018	1,005	0,483	0,020	0,036	0,015	0,010	6,08	2,30	2,13	2,17	6,66	4,19	130,045	161,47

L'analyse des données met en évidence l'absence de variation significative pour les variables comportementales étudiées en fonction de l'année. Ce qui permet de les analyser indépendamment de l'année d'enregistrement (Tableau).

Tableau 24 : Résultats d'ANOVA réalisés sur les différentes variables comportementales en fonction d'un effet année.

Variable comportementale	<i>F</i>	d.d.l.	<i>p</i>
Actes de vigilance	0,1003	2	0,9047
Grattage	0,1163	2	0,8904
Prédation	1,6379	2	0,2045
Autres comportements	1,5042	2	0,2319
Taux de vigilance	0,6066	2	0,5491
Temps de vigilance	0,4171	2	0,6612
Temps inter-actes	1,6603	2	0,2013
Efficacité de capture	0,7922	2	0,4584

L'analyse des données révèle qu'il n'y a pas d'influence de la distance au sentier et du contexte social sur les différentes variables comportementales étudiées. Néanmoins, il est important de noter que la distance au sentier influence significativement l'inter-scan : la durée entre deux actes de vigilance (Tableau 25). En effet, plus la localisation est proche du sentier, plus l'inter-scan est faible et inversement.

Tableau 20 : Résultats d'ANOVA sur les différentes variables comportementales en fonction d'un effet contexte social et d'un effet distance au sentier.

	Effet contexte social	Effet distance au sentier
Actes de vigilance	$F_{1,49}=2,5961 (0,1136)$	$F_{1,49}=0,5072 (0,4997)$
Grattage	$F_{1,49}=1,0766(0,3046)$	$F_{1,49}=0,4136 (0,5231)$
Prédation	$F_{1,49}=0,4079(0,5260)$	$F_{1,49}=0,6194(0,4350)$
Autres comportements	$F_{1,49}=0,0449(0,8331)$	$F_{1,49}=1,1356(0,2918)$
Durée moyenne de la vigilance	$F_{1,49}=0,5813(0,4495)$	$F_{1,49}=0,0002(0,9902)$
Temps interscan	$F_{1,44}=2,8519(0,09834)$	$F_{1,44}=4,2659 (0,04481*)$

De plus, les données révèlent qu'il n'y a pas d'influence de la distance au sentier et du contexte social sur le taux de vigilance ($F_{\text{sentier}}=0,4281$ $p=0,5137$; $F_{\text{context social}}=0,1057$ $p=0,7454$) ou sur l'efficacité de capture ($F_{\text{sentier}}=0,3959$ $p=0,5335$; $F_{\text{context social}}=0,7836$ $p=0,3824$). Elles soulignent de surcroît, qu'il n'y a pas de relation entre les variables liées à la vigilance (taux de vigilance et durée moyenne de la vigilance) et l'efficacité de capture (taux de vigilance : $t=-0.6410$, $d.d.l.=34$, $p=0.5257$; durée moyenne de la vigilance : $t=-1.4489$, $d.d.l.=34$, $p=0.1563$).

Au cours de l'approvisionnement chez le Moqueur gorge-blanche, la séquence comportementale se décompose en différentes activités. Parmi elles, l'activité la plus fréquente est le grattage avec 0.9627 ± 0.5663 acte par seconde, alternant avec des séquences de vigilance durant en moyenne 2.48 ± 2.20 secondes et des actes d'alimentation. Sur certaines séquences, on observe d'autres comportements peu fréquents tels que des auto-grattages ou plus fréquents tels que les envols qui mettent fin à la séquence d'observation.

Au total, nous avons capturé 63 individus de Moqueur gorge-blanche au niveau de la Presqu'île de la Caravelle dont 40 mâles et 23 femelles. Les méthodes de capture marquage recapture (C.M.R.) ont estimé la taille de population à environ 285 individus avec un intervalle de confiance allant de 161 à 592 individus. Les méthodes se basant sur le génotypage des individus ont permis d'estimer la taille de population à environ 447 individus, avec une borne inférieure d'intervalle d'estimation de 264 individus et une borne supérieure de 630 individus (Kohn *et al.* 1999, Luikart *et al.* 2010). L'ensemble des analyses génétiques révèlent qu'il n'y a pas de structure dans notre jeu de données. Cela permet de constater qu'il y a une seule population de Moqueur gorge-blanche au niveau de la Presqu'île de la Caravelle. La structure populationnelle observée dans les données collectées atteste de la présence d'au moins deux "familles". Ce constat est appuyé par les indices de différenciation (F_{ST} et F_{IS}) qui traduisent un écart à la panmixie et un déficit en hétérozygotes.

Les méthodes génétiques ont également permis d'obtenir des estimations d'effectifs efficaces. En effet, on observe selon les méthodes employées des effectifs efficaces variables qui sont de l'ordre de grandeur d'une trentaine et d'une quarantaine d'individus.

L'évaluation de la condition corporelle révèle qu'il n'y a pas de dimorphisme sexuel pour les caractères considérés ; que si les conditions physiologiques ne sont pas significativement différentes entre les groupes, la croissance des juvéniles présents à l'intérieur de la Réserve naturelle nationale de la Caravelle est en moyenne meilleure que celle de ceux qui sont à l'extérieur de cette dernière ; et qu'il existe un effet "site" dans la variation de caractères morphologiques comme la masse, le tarse et l'aile.

L'étude des conditions de nidification a permis de recenser une quarantaine de nids de moqueurs gorge-blanche dans la R.N.N.C., dont sept en état d'activité. Parmi eux, trois ont fait l'objet de la présence d'œufs et/ou de jeunes : 100% d'entre eux ont été prédatés.

Enfin, l'étude des conditions d'alimentation souligne que la proximité au sentier peut impacter le temps entre deux actes de vigilance chez le Moqueur gorge-blanche : plus ces derniers sont proches du sentier et plus le temps entre actes de vigilance sera court.

Chapitre 9: Discussion

9.1. Des limites méthodologiques

Dans un contexte où il est de plus en plus fréquent de mobiliser des experts pour opérationnaliser “le savoir pour l’action” (Damay 2011), les décisions prises en matière de conservation du Moqueur gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*) doivent être accompagnées d’une production cohérente de savoirs qui répond aux principaux freins et leviers à la préservation de l’espèce. Cependant, en vingt ans d’études, seuls quatre documents sur le *R. b. brachyurus* ont fait l’objet de publications scientifiques évaluées par les pairs, dont une concernant le comportement (Gros-Désormeaux *et al.* 2014), une sur les guildes (Gros-Désormeaux et Tayalay 2009), une sur les marqueurs microsatellites (Jin *et al.*, 2006) et une sur la morphologie (Storer 1989). Dans un contexte où les savoirs incontournables comme les effectifs, la reproduction et l’alimentation sont peu connus, il était inenvisageable d’approcher des problématiques de recherche singulières et innovantes à l’image des travaux de Temple sur les “helpers” (Temple *et al.* 2009) à Sainte-Lucie. Nous avons donc choisi d’être moins ambitieux en proposant un travail de recherche dont le contenu apporte des informations essentielles sur les prérequis de la conservation d’une espèce : la démographie et la structure génétique ; la condition corporelle et la morphométrie ; les conditions d’habitat pour la nidification et l’alimentation.

Au fur et à mesure de l’avancement des travaux de collecte et de traitement des données, d’autres limites se sont révélées. Les recaptures ont mis en lumière que les individus enlevaient les marques plastiques colorées qui avaient été posées lors de la première campagne en 2016 : six des neuf individus marqués à cette période ont été recapturés avec une à deux des trois marques colorées. Ce constat est aussi confirmé par les résultats du génotypage, car les quatre des six individus pour lesquels des marques ont été partiellement retrouvées ont été différenciés grâce à la génétique. À partir de 2017, le marquage a été réalisé à l’aide de marques métalliques colorées et gravées : aucun des individus capturés ou recapturés après la pose de ces dernières n’avait

perdu ces marques métalliques. Du fait de la forme allongée et incurvée de leur bec, les moqueurs ont probablement une certaine aisance à extraire leur patte des bagues plastiques souples et flexibles. Ajoutons que la température peut aussi avoir un effet dilatateur sur le plastique. Au regard de ces constats, il est recommandé d'utiliser essentiellement des marques ou bagues métalliques dans le cadre de campagnes de C.M.R. du Moqueur gorge-blanche.

Nous avons été surpris par les faibles taux de recapture sur des sites où des moqueurs capturés et marqués étaient observés régulièrement. Cela peut signifier un gain rapide d'expérience par ces individus qui ne se laisseraient pas recapturer aux mêmes endroits, soit par évitement des endroits où les filets ont été placés, ou soit par accroissement de la vigilance. Un tel comportement des individus serait aussi de nature à biaiser les résultats. Malgré des tentatives de C.M.R. au Domaine de Pointe Rouge, une autre localité de la Presqu'île de la Caravelle où l'observation naturaliste atteste de la présence d'individus de Moqueur gorge-blanche, aucun individu observé à ces occasions n'y a été capturé. Enfin, bien que la C.M.R. soit l'un des outils les plus performants, sa mise en œuvre nécessite une approche collective et s'est avérée de ce fait particulièrement chronophage et contraignante.

Par rapport aux estimations des sex-ratios, nous observons un sex ratio significativement pas différent d'un mâle pour une femelle. Néanmoins, il semblerait que les proportions relatives soient toujours en faveur de plus de mâles que de femelles. Cela pourrait alors suggérer un sex-ratio en faveur d'une dominance des mâles. Cependant, au regard de notre faible taille d'échantillon de 63 individus, il est possible que nous ne disposions pas de suffisamment d'individus pour déceler cela. Par conséquent, nous considérons dans notre discussion, un sex-ratio à l'équilibre sachant qu'il soit possible qu'il y ait une dominance des mâles pour la population de la Presqu'île de la Caravelle.

Concernant le génotypage, nous ne disposons pas des moyens logistiques et de l'expertise pour le mettre en œuvre localement. Plus encore, au faible nombre d'individus échantillonnés, s'est

ajouté un nombre de *markers* limité pour l'espèce. De ce fait, quatre individus identifiés comme étant deux recaptures par le génotypage, correspondent à quatre organismes différents identifiés et bagués. Cela induit que les analyses démographiques réalisées sur la base des 63 individus pourraient être une légère sous-estimation comprise entre un et six individus. Néanmoins, par précaution, nous avons fait le choix de nous conformer aux données et aux informations dont nous disposons en effectuant tous les calculs sur la base des 63 individus obtenus en croisant les résultats du génotypage et de la recapture. Dès lors les analyses qui résultent du génotypage gagneraient en précision avec un nombre plus important de *markers*. Le faible échantillon a théoriquement pour conséquence de rendre d'autant plus difficile l'estimation des effectifs. Précisons néanmoins que l'échantillon représente entre 16% et 31% de la population estimée (Gros-Désormeaux et Tayalay 2009, Life +Capdom 2014). Concernant la structure de la population, des méconnaissances demeurent sur le mode de reproduction (reproduction coopérative, couples monoparentaux, nombre de nids, etc.).

Au cours de la phase d'analyse des données morphologiques, nous avons observé plusieurs éléments qui réduisent nos marges d'interprétation. Dans un premier temps, concernant les mesures historiques, on observe de faibles tailles d'échantillons, que ce soit dans les données de Vieillot où les mesures concernent 11 individus, ou dans les données de Storer où les mesures ont été effectuées sur la base d'échantillons allant de 13 à 21 individus. Il est possible que les données historiques ne soient pas représentatives des populations présentes à cette période. Néanmoins, les faibles effectifs pourraient laisser penser le contraire. De plus, de nombreuses études mettent en évidence des erreurs de détermination du sexe basé sur des différences morphologiques (Storer 1966, Hart *et al.* 2000). Plus encore, les mesures effectuées par Vieillot en 1818 ont été réalisées différemment par rapport aux méthodes et aux instruments que nous avons utilisés : des différences observées entre les jeux de données antérieurs à 1994 peuvent donc provenir de techniques de mesure différentes. Il se peut que des mesures effectuées de la

même façon puissent aussi comporter des erreurs. En effet, pour la mesure du bec, la façon dont l'expérimentateur perçoit la limite de la mandibule supérieure cachée à la base du front induit des biais millimétriques. Cela se vérifie notamment par la distribution en forme de U que nous observons pour ce caractère (Annexe 10). Une telle distribution pourrait aussi s'expliquer par la présence de sous-groupes dans le jeu de données. Pour les mesures concernant les paramètres du bec (longueur, hauteur, longueur tête-bec), il existe d'autres incertitudes similaires lors de la prise de mesure. Ne pouvant démontrer la certitude des mesures pour ces caractères, nous ne les avons pas exploités aussi bien dans les traitements que dans l'analyse. Enfin, concernant les jeux de données représentant les mesures réalisées de 1994 à 2018, les mesures ont été effectuées par des expérimentateurs ayant suivi des formations certifiées dispensées par le Centre de recherche sur la biologie des populations d'oiseaux (C.R.B.P.O.) du Muséum national d'histoire naturelle de Paris (M.N.H.N.). Par conséquent, nous considérons que les résultats des comparaisons entre ces jeux de données sont relativement fiables, car elles résultent d'une technique standardisée qui permet de minimiser les biais d'observation.

Enfin, le risque de prédation et le régime alimentaire du Moqueur gorge-blanche constituent des domaines de connaissance incontournables pour assurer la conservation de l'espèce. Or, ces aspects, bien que partiellement envisagés dans le cadre de ce travail de recherche, gagneraient à faire l'objet d'études complémentaires.

9.2. Des effectifs particulièrement faibles

Les résultats de génotypages obtenus montrent que parmi les 69 moqueurs gorge-blanche de Martinique capturés, 63 sont génétiquement différents les uns des autres. Cela met en évidence que la population minimale actuelle de moqueurs gorge-blanche physiquement capturés est de 63 individus pour la Presqu'île de la Caravelle. Rappelons que les précédentes campagnes de capture ont dénombré 79 individus capturés et marqués en onze ans pour l'Association

ornithologique de la Martinique (AOMA) et 63 individus en dix ans pour l'association "le Carouge" : cela correspond respectivement à 34 et 39 jours de capture, avec une moyenne de 3 jours par ans pour l'AOMA et 4 jours par ans pour le "Carouge". Dans le cadre des campagnes réalisées entre 2016 et 2018, nous avons totalisé 43 jours de capture, soit une moyenne de 14 jours par ans. La comparaison entre les nombres d'individus capturés et marqués par rapport aux pressions d'échantillonnage de chacun des trois opérateurs, conforte une tendance de capture allant de moins d'une centaine d'individus sur moins de 14 jours par ans. Ces effectifs bruts d'individus confirment une importante augmentation du nombre de moqueurs observés à la Caravelle depuis le recensement de deux moqueurs par Bond en 1966.

Les données collectées ont permis d'utiliser 12 des 65 modèles de base proposés par le logiciel MARK (White et Burnham 1999). Le choix du type de modèle testé a reposé sur l'hypothèse de population fermée au sens démographique (White 1982). Au sens géographique et génétique, une population est dite "fermée" lorsqu'il n'y a pas de migration, de naissance et/ou de décès durant la période d'échantillonnage. Temples *et al.* (2009), Mortensen et Reed (2016), Gros-Désormeaux *et al.* (2014) et DaCosta *et al.* (2019) apportent des informations qui confortent l'hypothèse d'une population fermée. Néanmoins, par curiosité nous avons aussi testé quatre modèles spécifiques aux populations ouvertes. Les estimations obtenues sont dix fois plus importantes que celles des populations fermées.

Les estimations de taille de population qui nous apparaissent les plus pertinentes correspondent aux résultats des deux modèles M0 et Mh (Otis *et al.* 1978), ainsi que ceux obtenus à partir de la méthode C.M.R. Précisons que les estimations pour des populations fermées sont plus appropriées pour les études à court terme (White, 1982). Les modèles d'Otis *et al.* (1978) estiment la taille de population vivant à la Presqu'île de la Caravelle à environ 285 individus avec une marge d'erreur située entre 152 et 592 individus. Les résultats obtenus à partir de la méthode

de Khon *et al.*, (1999) estiment les effectifs à 447 individus avec un interval de confiance de 264 à 630 individus (Kohn *et al.* 1999, Luikart *et al.* 2010).

Rappelons que la taille de population pour cette espèce avait été estimée entre 200 et 400 individus en 2007 (AOMA 2008) par extrapolation à partir de méthodes d'estimations d'abondance « Distance Sampling » (Buckland *et al.* 2004, 2008) et la surface des écotopes potentiels du Moqueur gorge-blanche (Gros-Désormeaux et Tayalay 2009, Cheula *et al.* 2010). Au regard de ces effectifs, nous aurions donc capturé près de 17% à 34.5% de la population totale estimée à cette période. Cela représente entre deux et trois dixièmes d'une espèce rare dont le maximum d'individus capturés en une année n'a jamais dépassé la vingtaine d'individus depuis 1994.

La population totale de Moqueur gorge-blanche de la Martinique représenterait entre 5% et 25% de la population mondiale. En effet, Mortensen et Reed (2016) estiment la population totale de Moqueurs à moins de 2000 individus. Ces résultats traduisent une situation critique pour la survie d'une espèce cumulant de faibles tailles de populations et une aire de distribution géographique restreinte. L'enjeu de conservation du Moqueur gorge-blanche est d'autant plus renforcé par les conclusions de DaCosta *et al.* (2019) qui affirment qu'il y a autant de distance génétique entre la sous-espèce de Martinique et celle de Sainte-Lucie qu'il y en a entre celle de Martinique et une autre espèce de Mimidé. Ils suggèrent de considérer les deux sous-espèces comme deux espèces distinctes. Dans cette perspective, les effectifs de l'espèce de Martinique sont critiques et indiquent un risque d'extinction particulièrement significatif.

Bien que cette deuxième estimation soit une information cruciale pour la stratégie de conservation, elle apporte aux gestionnaires une représentation biaisée qui sous-évalue le niveau critique de conservation de la sous-espèce à la Martinique. En effet, l'estimation de la taille efficace fournit des valeurs bien en dessous de l'estimation minimum de 152 individus. La taille efficace obtenue serait de l'ordre de moins de 100 individus. Cela reviendrait à estimer la

proportion d'individus qui se reproduisent à moins d'un tiers de la population totale estimée. Ces résultats mettent en évidence que la diversité génétique de l'espèce est très faible. Ces résultats confortent l'état critique de conservation des populations de Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) sur la Presqu'île de la Caravelle.

9.3. L'existence d'une unique population

Les analyses d'assignation montrent qu'il n'y aurait pas de structuration de la population de Moqueur gorge-blanche (*R.b. brachyurus*) à l'échelle de l'ensemble de la Presqu'île de la Caravelle. Les analyses ne mettent pas en évidence de différence significative pour la diversité génétique en fonction des sites d'échantillonnage. Les indices de différenciation (F_{ST}) testés pour les 63 individus montrent qu'il n'y a pas de différences significatives entre l'intérieur et l'extérieur de la réserve ($F_{ST}=0,012$; $p < 2.10^{-4}$). De plus, les indices de fixation (F_{IS}) indiquent un déficit en hétérozygotes. En effet, 18,1% des hétérozygotes attendus sous l'hypothèse de panmixie sont absents. Le déficit en hétérozygotes est cohérent avec la littérature scientifique montrant une petite population et un "bottleneck" ancien pour la population de Moqueur gorge-blanche (Pinchon 1976, Lesales *et al.* 2012). Enfin, ces résultats répondent négativement à l'hypothèse théorique de présence de métapopulation au sens de Levins (Gilpin 2012).

En outre, les analyses révèlent l'existence de deux familles. La part d'individus apparentés au premier degré est plus importante dans la zone "Château Dubuc" qu'aux autres localités de la Presqu'île. On peut alors suggérer que des individus présents au "Châteaux Dubuc" pourraient présenter des ressemblances alléliques plus élevées au niveau de certains "loci" qu'aux autres sites d'échantillonnage. Ce constat conduit à s'interroger sur les systèmes de reproduction et plus singulièrement sur l'hypothèse de couples reproducteurs. Plus encore, en analysant les lieux de capture des individus des deux groupes, il semblerait que leur répartition soit homogène en dehors de quelques rares exceptions, les trois individus isolés. Ce qui génère de nouvelles interrogations pour une espèce dont la durée de vie minimale constatée est de 8 ans. Le mode de reproduction du Moqueur gorge-blanche de Martinique est actuellement très mal connu. Chez celui de Sainte-Lucie, beaucoup plus étudié, il a été démontré qu'il pratique une reproduction communautaire facultative : "*facultative communal breeding*" (Temple *et al.* 2009). Cela signifie qu'il aurait des unités de reproduction monogames qui sont aidées par des individus auxiliaires

nommés “helpers” durant la reproduction. Ces couples sont généralement des adultes âgés d’au moins deux ans qui la plupart du temps se font aider par des jeunes (de précédentes reproductions) ou des apparentés. L’aide est donnée soit de façon indirecte sous la forme de surveillance des prédateurs ou directement en aidant aux tâches parentales (Temple *et al.* 2009). Le régime d’appariement de l’espèce de Sainte-Lucie semble se conformer à une monogamie sociale et génétique, avec un très faible taux de paternité hors couple, soit 7,5% sur un échantillon de 67 poussins issus de 40 nids différents et 30 unités de reproduction différentes (Temple *et al.* 2009). Ces conclusions ne sont pas vérifiables pour le Moqueur gorge-blanche de Martinique à cause d’un faible taux de recaptures visuelles qui ne nous permet pas d’identifier des couples ou plus largement des unités de reproduction.

Le sex-ratio tertiaire résultant du traitement des données traduit un état d’équilibre : il y aurait autant de femelles que de mâles. Plusieurs interprétations peuvent être proposées au regard de ces résultats. Premièrement, les campagnes de captures ont été mises en œuvre avant le début de la période de reproduction pour éviter tout biais de capture lié à une activité plus importante de l’un des deux sexes. Il est possible que nous ayons capturé autant de mâles que de femelles, car en période précédant la reproduction, le degré d’activité des deux sexes doit probablement être équivalent. Bien qu’un sex-ratio équilibré soit observé fréquemment chez les vertébrés (McIlhenny 1940), cette norme a tendance à être contestée dans la littérature scientifique relative à l’étude des oiseaux (Donald 2007). Dans le cas du Moqueur gorge-blanche de Martinique, le sex-ratio équilibré pourrait signifier un système de reproduction particulier. Si le Moqueur gorge-blanche de Martinique effectue réellement de la reproduction coopérative comme son homologue de Sainte-Lucie, le fait qu’il y ait autant de femelles que de mâles est un aspect positif. En effet, chez certaines espèces, l’un des deux sexes étant plus rare que l’autre cela a pour conséquences de diminuer le nombre potentiel de couples (monogames, polygames, polyandre et polygynandre) pouvant se reproduire. Dans les études en écologie et évolution, le sex-ratio est

pris en compte dans l'étude des systèmes de reproduction, dans la sélection sexuelle, dans les soins parentaux, dans les comportements individuels, dans les stratégies de dispersion des espèces étudiées (Clutton-Brock et Parker 1992, Kvarnemo et Ahnesjo 1996, Le Galliard *et al.* 2005, Gerber 2006, Kokko *et al.* 2006, Marr *et al.* 2006). Dès lors, ces aspects mal connus pour le Moqueur gorge-blanche gagneraient à être étudiés dans le cadre de la conservation de l'espèce.

En tant qu'espèce rare à forte valeur patrimoniale, la gestion du moqueur à l'échelle de différentes populations apparaît comme un enjeu en matière de conservation pour le Parc naturel régional de la Martinique (P.N.R.M.). La mise en évidence de l'existence d'une seule et unique population est une information essentielle dans le cadre de la conception des plans de gestion de la R.N.N.C. Néanmoins, la nécessité d'une connaissance approfondie de la démographie et des systèmes de reproduction de l'espèce, ainsi que la mise à jour des connaissances actuelles, sont d'importance capitale pour une gestion et une conservation durables de cette espèce. En effet, les estimatifs populationnels mettent en évidence le caractère hautement vulnérable de la population vivant à la Presqu'île de la Caravelle. Ce constat est appuyé par les indices de différenciation (F_{IS}) qui traduisent un déficit en hétérozygotes. Les causes de ces écarts sont encore inconnues pour le Moqueur gorge-blanche mais cela pourrait être du à de hauts niveaux de consanguinité dans la population. Soulignons que pour cette espèce avec une faible taille de population et une faible répartition démographique, le risque d'extinction pourrait être accentué par la depression de consanguinité. Dans le cadre d'actions visant à favoriser la conservation du Moqueur gorge-blanche par la facilitation à des sites de reproduction favorables ou par la relocalisation d'individus, nous recommandons de coupler les actions de gestion à l'acquisition d'information génétique. Les méthodes d'échantillonnage (capture-marquage recapture), les méthodes génétiques et les méthodes d'analyses statistiques sont alors nécessaires à toute action de conservation menée pour le Moqueur gorge-blanche. En effet, dans le but de préserver la diversité génétique au sein des populations de la Presqu'île de la Caravelle, la connaissance des groupes

génétiques pourrait être décisive dans le choix des actions à mener. En outre, au regard de l'état critique d'une population d'une sous-espèce appelée à être élevée au rang d'espèce, il est impératif que les méthodes de prélèvements de tissus soient les moins invasives possibles, aussi bien dans leur organisation temporelle que dans leur modalité technique de mise en œuvre.

9.4. Une absence de dimorphisme sexuel

Pour les caractères considérés, les analyses confirment qu'il n'y a pas de dimorphisme sexuel chez le Moqueur gorge-blanche de Martinique. Or, les données recueillies par Vieillot (1818) et Storer (1989) précisent le sexe des individus capturés. Si un caractère dimorphique existe chez cette espèce, il se peut que nous ne l'ayons pas mesuré et dans ce cas d'autres études seraient nécessaires pour le déterminer. Au regard des résultats de nos analyses, nous considérons qu'il n'existe pas à ce jour de caractère dimorphique comme c'est le cas chez de nombreuses espèces d'oiseaux (Bercovitz *et al.* 1978, Price et Birch 1996, Dubiec et Zagalska-Neubauer 2006). Néanmoins, du point de vue des caractères morphologiques, il existe des différences significatives selon le jeu de données traité. Tout d'abord, les tests statistiques réalisés sur les données de Tayalay *et al.* entre 1994 et 2005 dévoilent un effet "site" pour les différents traits considérés. Le caractère adaptatif des traits morphologiques chez les oiseaux a notamment été discuté par Charles Darwin (Lack et David 1983). On remarque qu'à l'intérieur de la R.N.N.C., qui bénéficie d'un fort degré de protection réglementaire, les individus présentent de plus grandes mesures qu'à Anse Spoutourne où l'Arrêté de protection de biotope (A.P.B.) est moins strict. Cependant, les analyses réalisées à partir du jeu de données de Son *et al.* entre 2016 et 2018 ne montrent pas de différence significative entre les indices de condition corporelle calculés pour l'intérieur et l'extérieur de la R.N.N.C. Cela signifie que les ratios "masses" et "tarses" sont les mêmes pour les deux sites d'étude, ce qui traduit un état physiologique équivalent entre les individus quel que soit le lieu d'observation. Les résultats des données de Storer sont significativement différents de ceux de Son *et al.* En effet, l'analyse comparative révèle que les

individus capturés entre 2016 et 2018 présentaient des ailes et des queues plus grandes que celles mesurées en 1989. Il est probable que la disponibilité en ressources soit plus importante actuellement qu'en 1989 et que ces ressources soient allouées dans certaines parties du corps (Diaz 1990). Chez les oiseaux en contexte insulaire, Clegg et Owens (2002) ont observé qu'en condition de grande abondance de ressources, certaines espèces présentaient des caractères morphologiques de plus grandes tailles qu'en plus faible abondance de ressource. Il est aussi probable que les individus mesurés en 1989 soient plus jeunes que ceux mesurés entre 2016 et 2018. Dans ce cas, la différence entre les caractères morphologiques révélée par les analyses serait due à des variances d'âges importantes (Wendeln et Becker 1999). N'ayant pas suffisamment d'informations sur le jeu de données de Storer, il n'est pas possible de confirmer l'hypothèse d'une variation morphologique temporelle. En effet, d'autres hypothèses peuvent expliquer ces différences morphologiques. Les ailes et la queue étant considérés comme les membres décisifs pour la fonction du vol (Swaddle *et al.* 1996), le changement de structure arbustive (Venetier 2015) de la végétation pourrait aussi être une variable à l'origine de ces différences comme cela a été mis en évidence chez l'Etourneau sansonnet (*Sturnus vulgaris*) pour lequel il a été démontré qu'un habitat encombré augmentent les performances de vol (Swaddle *et al.* 1996). Plus encore, chez certaines espèces effectuant des parades, on observe que la performance de vol peut dépendre du sexe (Verspoor *et al.* 2007). Or, chez le Moqueur gorge-blanche, l'une des activités de parades se matérialise par des courses poursuites entre individus (Gros-Désormeaux *et al.* 2014). Il est aussi probable que ces poursuites participent à une sélection morphologique des individus. Si tel est le cas, des différences morphologiques entre mâles et femelles devraient être significatives au niveau des ailes et de la queue. Nos données ne permettent pas de mettre en évidence de telles différences. De plus, ne disposant d'aucune information sur le sexe de l'individu poursuivi et du poursuivant, les hypothèses explicatives de mécanismes sous-jacents à une telle sélection restent encore à être explorées.

En revanche, l'ensemble des données recueillies entre 1994 et 2018 met en évidence une influence significative du site d'échantillonnage et de l'année sur les différents caractères morphologiques mesurés chez *R. b. brachyurus*. En milieu sauvage, des éléments de microévolution peuvent potentiellement être masqués par des fluctuations de l'environnement. À l'instar du cas d'une population de Gobemouches à collier (*Ficedula albicollis*) dont les traits continuent de diminuer alors que les composantes génétiques et phénotypiques sont sélectionnées de façon positive au cours de la reproduction, ce risque d'évolution cryptique masquée appuie la nécessité d'un suivi à long terme de la morphologie et de la génétique du Moqueur gorge-blanche pour comprendre les potentielles variations morphologiques de l'espèce (Merilä *et al.* 2001). D'autres différences significatives sont à noter entre zones échantillonnées. Rappelons que les individus capturés dans la réserve présentent des tarse plus grands que ceux à l'extérieur de la réserve : la longueur du tarse est un bon indicateur de la croissance des oiseaux au moment de leur période juvénile (Grant 1971, Peig et Green 2009, Labocha et Hayes 2012). Les individus vivants dans la réserve ont donc une meilleure croissance dans les stades juvéniles. Cela conduit à s'interroger sur la qualité des écotopes (Cheula *et al.* 2012). En 2001, Mangel et Stamps (2001) mettaient déjà en évidence que les taux de croissance étaient hautement dépendants de facteurs écologiques tels que le risque de prédation ou la recherche de nourriture. Au stade juvénile, la recherche de nourriture et la survie chez le Moqueur gorge-blanche dépendent en majeure partie d'un autre facteur écologique crucial que sont les soins parentaux (Gros-Désormeaux *et al.* 2014). Or, les juvéniles sont nourris au sol par les adultes et ces derniers effectuent des cris d'alerte lors de la détection d'un prédateur à proximité, comportement permettant au juvénile de se camoufler dans la litière (Gros-Désormeaux *et al.* 2014). Ces observations comportementales sont en adéquation avec l'assertion de Mangel et Stamps (2001) selon laquelle la croissance dépend d'une multitude de facteurs écologiques et évolutifs. De plus, les trajectoires de croissance divergent pour des populations subissant des gradients de conditions écologiques différentes

(Dmitriew 2011). Dès lors, il semble évident que l'identification des multiples causes de cette différence de croissance inter-sites requiert des études supplémentaires visant à l'évaluation à long terme ou à court terme de plusieurs facteurs écologiques (Werner et Anholt 1993).

9.5. Des conditions de nidification et d'alimentation précaires

À partir de la méthode de comptage indirect par dénombrement de nids, Benito-Espinal et Hautcastel ont dénombré 15 couples en 1987, alors que Peter Evans comptabilise 40 couples en 1990 (Lesales *et al.* 2012). En appliquant cette méthode, nous obtiendrions les résultats suivants : 41 couples en tenant compte de l'ensemble des nids identifiés ; 7 couples en se référant au nombre de nids actifs ; et 3 couples en considérant les nids contenant au moins un œuf et/ou un jeune. La littérature fait fréquemment référence au fait que le Moqueur gorge-blanche construirait plusieurs nids. Aussi, dans les années 70, Pinchon précise que “tous les nids trouvés avaient des jeunes” (Pinchon 1976). S'il nous est impossible de vérifier cette hypothèse, force est de constater que le Moqueur gorge-blanche rencontre des contraintes de nidification significatives. En outre, nos résultats attestent que le taux d'activité pour ces nids est particulièrement faible (17% observés actifs) et que leur taux de prédation (100%) traduit une situation critique. Bien que ces résultats soient inquiétants, l'inventaire floristique démontre que les conditions d'habitat sont propices à la nidification. Le merisier (*Myrcia citrifolia*) est le support de nidification le plus fréquemment observé. L'espèce *Myrcia citrifolia* est en effet la plus abondante dans ce type de forêt sèche secondaire. Elle est souvent présentée comme une espèce primordiale pour favoriser la nidification du Moqueur gorge-blanche (Bulens *et al.* 1994 , Béranger 2007, AOMA 2008, Lesales *et al.* 2012). Or, les analyses ont révélé qu'en termes statistiques, l'espèce n'est pas la variable décisive dans le choix de construction des nids. Ces résultats sont en accord avec les conclusions de Lesales *et al.* (2012) à partir de l'ensemble des observations menées depuis 1994. Les résultats de l'analyse par régression logistique tendent à valider l'hypothèse que l'utilisation

des merisiers (*Myrcia citrifolia*) comme supports de nidification préférentiels pourrait être due au hasard et non à un choix du Moqueur, du fait de la forte abondance et de l'importante fréquence de l'espèce dans la zone. En revanche, le diamètre des troncs de l'espèce support est une variable explicative significative dans le choix de nidification. Ces résultats mettent en évidence une préférence des moqueurs gorge-blanche pour des supports de nidification d'environ 5 cm de diamètre. Ce constat interroge les constats naturalistes qui prétendent que le Moqueur aurait un comportement opportuniste lors du choix de son site de nidification, justifiant probablement la détection d'un grand nombre de nids inactifs. Dans le cadre de la construction de nids, certaines espèces d'oiseaux procéderaient par stratégie d'essai/erreur (Bitterman 1979, Danchin *et al.* 2008, Ackerman 2019). Cette stratégie mobilisée par les individus en cours d'apprentissage permettrait à ces derniers de gagner de l'expérience jusqu'à ce qu'ils aient du succès dans leur activité. Par conséquent les choix de sites de nidification se feraient au hasard avec plusieurs tentatives, ce qui dans le cas du Moqueur gorge-blanche pourrait justifier la présence de plusieurs nids construits, mais dont l'activité n'a pu être observée (Lesales *et al.* 2012). Dans les cas où cette stratégie serait avérée pour le Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*), elle aura tendance à accentuer les inquiétudes relatives à la conservation de l'espèce. En effet, ce type de stratégie est coûteux en temps et en énergie. Le facteur qui semble être décisif pour la nidification est la prédation. Bien que l'échantillon observé soit particulièrement faible, les nombres obtenus font état d'un problème majeur d'échec de reproduction. Sur 41 nids recensés, 17% étaient actifs, 7% font état d'œufs et/ou de jeunes et aucun d'entre eux n'a fait l'objet d'un succès : 100% des nids occupés ont été prédatés.

Concernant les conditions d'alimentation, rappelons que le grattage est une activité coûteuse énergétiquement, car elle consiste au déplacement d'éléments différents de la litière telles que de la terre, des racines, des branches et des feuilles de taille variable (Weathers *et al.* 1984). En effet,

par moments nous avons assisté au déplacement de feuilles de Raisiniers grandes feuilles (*Coccoloba pubescens*) qui peuvent mesurer jusqu'à trois fois la taille de l'oiseau. Nous considérons que cette activité est coûteuse cognitivement, car elle demande à chaque individu de débusquer et d'attraper des proies cryptiques plus ou moins agiles (Lawrence 1985). La fréquence élevée de grattage pourrait être alors un indice de la difficulté à capturer des proies d'une grande mobilité, d'une importante crypticité, d'une faible quantité ou encore d'un regroupement de ces causes. Les moqueurs seraient alors obligés d'augmenter quantitativement leurs tentatives, de façon à avoir des succès pour rééquilibrer leur balance énergétique (Ydenberg *et al.* 1994, Dugatkin 2013). D'autre part, nous considérons les séquences de vigilance difficiles à caractériser du point de vue énergétique, car comme le grattage, la vigilance est dépendante d'un compromis entre gestion d'énergie, risque de prédation et compétition intra-spécifique. Le temps de vigilance correspond à un temps où les oiseaux ne grattent pas, ce qui pourrait être considéré comme un déficit en termes de prise énergétique. Néanmoins, il s'agit d'une activité cruciale dans l'évaluation de l'environnement, car elle permet la vérification locale de la compétition ou du risque de prédation (Beauchamp 2015, 2017). Parmi les facteurs explicatifs étudiés, peu d'entre eux ont un impact sur la séquence comportementale. Chez *R. b. brachyurus*, on observe que la distance au sentier est un facteur qui n'influence pas les actes comportementaux (en termes de fréquences ou de durées d'actes), mais plutôt les durées entre actes de vigilances (interscan). À proximité du sentier, nos données révèlent que la durée moyenne entre actes de vigilance est plus courte que celles qui sont éloignées du sentier. Ces résultats appuient des études précédentes selon lesquelles les intervalles d'inter-actes sont considérés comme 'hypervariables' (Bednekoff et Lima 1998). Dans le cadre du comportement d'approvisionnement, nos résultats mettent en évidence que la proximité des *R.b. brachyurus* aux « zones sentier » est corrélée positivement avec la nécessité d'une fréquence de vigilance individuelle accrue. Ce constat est en accord avec les résultats de différentes études montrant que cette zone support d'activités

humaines (Lesales 2017, Lerandy et Chery 2013), pourrait affecter négativement les communautés d'oiseaux présentes à proximité des sentiers (Wang *et al.* 2011, Klett-Mingo *et al.* 2016, Bötsch *et al.* 2018). Il est alors cohérent de s'interroger sur la perception de la « zone » sentier par les Moqueurs et leur cortège communautaire. En effet, les animaux semblent percevoir les activités humaines comme une forme de menace prédatrice (Tarjuelo *et al.* 2015), impliquant qu'ils se comportent potentiellement comme étant sous le coup de risques élevés de prédation dans les zones sentier. Ces assertions sont à nuancer, car des observations montrent que la proximité du sentier à la R.N.N.C. était favorable à la nidification (Johnson 2013). En effet, il a été démontré que les probabilités de prédation des nids d'oiseaux étaient plus faibles dans ces zones (Smith-Castro et Rodewald 2010). Les prédateurs étant plus souvent dérangés, éviteraient aussi la proximité de ces zones. Le contexte social n'influence aucune variable comportementale mesurée (Tableau 23) qu'ils fassent de l'approvisionnement solitaire (un individu) ou de l'approvisionnement social (de 2 à 4 individus). Nos données n'ont pas montré de comportements significativement différents chez les moqueurs gorge-blanche en fonction du contexte social. Ces résultats sont en accord avec les travaux de Lovette *et al.* (2012) qui ont évoqué une importante variabilité au niveau des relations sociales que l'on retrouve chez les Mimidés. Par exemple, chez les moqueurs gorge-blanche de Sainte-Lucie *Ramphocinclus brachyurus sanctaeluciae*, il a été démontré que l'espèce pratique la reproduction coopérative facultative (Temple *et al.* 2006), alors que cela n'a pas été démontré ni chez *R.b. brachyurus* ni chez le Trembleur gris *Cinlocerthia gutturalis* (LaPergola *et al.* 2011). Dans la vaste littérature traitant de l'impact de la taille de groupe sur la vigilance anti-prédateur (Lima 1995, Beauchamp 2001, 2017; Fernández *et al.* 2003, Fernández-Juricic *et al.* 2007), on peut observer ce qu'on appelle l'effet taille de groupe, selon lequel la vigilance individuelle devrait diminuer avec l'augmentation de la taille de groupe (Elgar 1989, Treves 2000, Bolhuis et Giraldeau 2005). Ainsi, nous aurions dû observer des différences dans les composantes de la vigilance individuelle entre les différents contextes

sociaux étudiés : plus il y aurait d'individus présents et plus les taux de vigilance individuels auraient dû diminuer et/ou plus les durées moyennes de vigilance auraient dû augmenter. Or, nous n'observons pas de variations de la magnitude de vigilance chez le Moqueur gorge-blanche (Roberts 1996, Beauchamp 2008).

Dans le cadre de l'approvisionnement social, une invariance des activités comportementales pour différentes tailles de groupe peut s'expliquer de différentes façons. Il est possible que les individus étudiés aient une forte tolérance à côtoyer des 'compétiteurs' (Kutsukake et Clutton-Brock 2008). En effet, le nombre d'individus recherchant des ressources alimentaires sur une surface de 5m² ne dépassant que rarement trois voire quatre individus, il est possible que le seuil de tolérance soit élevé et soit rarement atteint, d'autant plus que les individus présents sont potentiellement des apparentés (Ekman et Griesser 2002, Dickinson *et al.* 2009). De plus, au cours de leur fouille, les moqueurs gorge-blanche sont mobiles, augmentant ainsi leur surface de prospection. Aussi, par leurs déplacements dus au caractère hétérogène du milieu, et de par leur espacement avec leur congénère au cours des sessions de grattage, ils éviteraient potentiellement les zones déjà prospectées par eux-mêmes ou par des compétiteurs, ce qui atténuerait drastiquement la pression de compétition intraspécifique dans une même zone. Enfin, il est possible que les effets de la compétition soient présents, mais soient masqués par la réponse des individus à des facteurs écologiques tels qu'un excès de ressources disponibles ou encore de trop faibles risques de prédation dans la zone (Brown 1988). L'évaluation de ces deux paramètres apparaît comme étant l'étape méthodologique suivante de notre étude.

9.6. Une espèce en “danger critique d’extinction”

Au regard des précédents constats, nous recommandons que le Moqueur gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*) soit classé dans la catégorie des espèces en “danger critique d’extinction (CR)” de la Liste Rouge de l'Union Internationale pour Conservation de la Nature (U.I.C.N.). Quelle que soit la sous-espèce considérée (Martinique ou Sainte-Lucie), tous

les experts soulignent le caractère critique de l'état de conservation pour la survie des populations. Cette espèce endémique dont la taille de population est réduite est particulièrement rare du fait de sa distribution géographique restreinte et d'un système de reproduction mal connu dont les premières études révèlent un caractère aussi complexe que singulier, dans des conditions de prédation extrêmes.

Dès lors, si d'un point de vue fondamental la recherche doit prioriser l'acquisition de connaissances sur le système de reproduction, la recherche-action devrait poursuivre les démarches expérimentales de régulation de la prédation. Dans le cadre des Dispositifs de suivi des changements (DiSC), le Parc naturel régional de la Martinique et le Centre national de la recherche scientifique (CNRS) pourraient associer le Department of Forest and Lands Resources Development, de Sainte-Lucie autour de deux dispositifs : "Breeding" et "Killer". Le dispositif « Breeding » vise à localiser et à caractériser les sites de nidification des Moqueurs gorge-blanche. Le dispositif « Killer » a plusieurs objectifs dont deux principaux qui sont l'élimination d'espèces invasives (rats et mangoustes) et l'obtention d'un estimatif du niveau de prédation et d'élimination des prédateurs au niveau de l'écotopie des Moqueurs gorge-blanche.

Ces priorités ne doivent pas faire oublier la nécessité de poursuivre l'acquisition de connaissances sur des aspects mal-connus, voir méconnus, essentiels à la conservation du Moqueur : trouver de nouveaux marqueurs génétiques pour améliorer la précision des analyses ; et étudier la qualité énergétique des placettes de nutrition du Moqueur gorge-blanche.

Nous recommandons enfin d'optimiser le monitoring de ces actions en proposant au gestionnaire d'adopter une stratégie de surveillance à partir de prélèvements de tissus associant la méthode de capture marquage recapture (C.M.R.) correspondant au dispositif "Catching" du programme DiSC. Afin de limiter le dérangement tout en répondant aux attentes de la planification par le plan de gestion, nous soulignons l'absolue nécessité que le gestionnaire se limite à une campagne par plan de gestion.

Conclusion générale

La volonté d’agir pour la protection de la biodiversité est apparue dès la création des sciences de la conservation. Selon Laurent Mermet, l’article fondateur de la biologie de la conservation de Soulé (1985) exprimait l’importance de prendre en considération les activités et décisions humaines pour apporter des solutions efficaces aux problèmes de conservation (Gauthier-Clerc *et al.* 2014). Pourtant, quasiment trente-cinq ans plus tard, les biologistes de la conservation sont face au difficile constat qu’ils ont un impact insuffisant dans la société pour aboutir au niveau de protection nécessaire. Malgré un nombre croissant d’études et de moyens toujours plus importants, ils observent une érosion continue de la biodiversité, ce qui leur donne l’impression d’un caractère inéluctable de cette perte. Ce décalage entre l’augmentation des connaissances et l’inaction semble être dû à la nature constitutive des disciplines formant les sciences de la conservation. Ces différentes disciplines liées par le principe de *biophilie* se sont constituées autour de l’étude du vivant mettant les organismes au centre et les observateurs (humains) à part. Cette vision biocentrée permettant une meilleure compréhension du vivant par la création de concepts, théories et modèles a également contribué à négliger les interactions résultantes des comportements humains. Pourtant, la prise en compte des comportements humains est considérée comme faisant partie intégrante de la solution. En effet, conscients de cela, nombre de chercheurs comme le rappelle Mermet (2014) ont développé des collaborations fructueuses avec les sciences sociales. Cette nécessité de passage d’une vision biocentrée à une vision ‘socio-écocentrée’ avait été perçue par les sciences sociales (Berkes et Folke 1998) pour la gestion durable des écosystèmes. S’il est vrai que cette propension des biologistes de la conservation à se centrer sur leur objet d’étude est problématique, des difficultés émanent également de la capacité et de la volonté de chercheurs en sciences sociales à concevoir le

construit comme une matérialité physique qu'il faut aussi appréhender aussi bien par la mise à distance que par l'implication.

La multiplicité et le cloisonnement des disciplines peuvent rendre difficile la tâche du biologiste pour trouver les partenaires indiqués. Anthropologie, droit, économie, géographie, gestion publique, histoire, philosophie, sciences politiques, sociologie, etc. sont une liste non exhaustive de domaines de connaissance pertinents permettant de saisir la dimension humaine. La question du choix du domaine avec qui collaborer est alors posée, car les niveaux de complexité disciplinaires ainsi que certains points de vue pourraient retarder la résolution des problématiques de conservation. En effet, il est possible que les partenaires (élus, responsables politiques, gestionnaires, fonctionnaires, etc.) engagés dans un projet travaillent à redéfinir les objectifs de conservation dans leurs intérêts. Par conséquent, le cheminement du biologiste impliqué dans la conservation n'est pas sans embûches s'il souhaite voir ses travaux impacter les actions de conservation. En effet, il doit lever les blocages académiques en intégrant la dimension humaine dans sa recherche et ses réflexions. Il doit être conscient de ses limites d'expertise et chercher activement de nouveaux partenaires pertinents avec qui travailler en collaboration. Il se doit de mener une réflexion sur les applications de ses travaux tout en collaborant avec des praticiens de la conservation : il s'agit pour lui d'être un acteur de terrain. Dans ce contexte d'urgence face à l'érosion de la diversité, face au besoin d'actions concrètes et pour répondre à l'ensemble des demandes faites au biologiste, des méthodes de recherche récentes ont été créées pour répondre au besoin d'actions. Il s'agit de méthodes dans le cadre conceptuel de la recherche-action qui permettent le rapprochement entre les chercheurs, les décideurs (politiques et gestionnaires) et les praticiens (agents du terrain) par des mises en œuvre opérationnelles de la conservation.

La recherche-action dont le cadre conceptuel a été largement présenté par Gonzalez-Laporte (2014) se décline dans un triptyque regroupant la recherche-action participative (R.A.P.), la recherche-action collaborative (R.A.C.) et la recherche intervention (R.I.). Démarche remplissant

pour le biologiste l'ensemble des prérequis présentés précédemment, la recherche action collaborative (R.A.C.) est une méthode de développement d'une expertise sur des problématiques concrètes ; elle permet le développement d'un savoir global intégrant les connaissances théoriques et pratiques ; elle expérimente de nouveaux modes d'intervention dans le but d'améliorer la compréhension des problématiques ; et enfin elle enrichit le champ de compétences des participants grâce à la réflexivité et à une mise en commun structurée des expériences de recherche et d'intervention. En acceptant d'employer cette approche, le chercheur s'engage avec le praticien et en tant que praticien dans un contrat où les prérogatives de chacun doivent être traitées de manière égale. Le chercheur accepte alors de se mettre au service de l'action tout comme le praticien se met au service de la recherche. Chaque acteur au cours de ses réflexions ne doit pas seulement penser aux aspects qui l'intéressent, mais aussi à ceux de ses partenaires. Pour cela, chacun fait preuve d'une capacité de penser leurs actions dans la perspective de 'finalités multiples'. Par la multiplication des débats entre chercheurs et praticiens pour co-construire les questions de recherche ensemble et le dialogue entre tous les acteurs, la R.A.C. se différencie de la recherche traditionnelle, car elle mélange théorie et pratique. Travaillant sur un même objet d'étude, les chercheurs et les praticiens vont aborder ensemble des problématiques spécifiques à chacun et des problématiques communes dont les solutions visent à améliorer la connaissance et la pratique. Avec ces méthodes, le chercheur effectue une recherche beaucoup plus complète intégrant des aspects dont peuvent se saisir ses homologues et il devient par conséquent le 'passeur de science' (Jollivet 1992) capable de décrypter les résultats scientifiques et de les transmettre aux décideurs (politiques, gestionnaires, etc.). Ce travail de transformation des produits de recherche en consommables pour l'action est une innovation majeure et une capacité indispensable au chercheur pour qu'il puisse avoir un impact réel sur l'action publique et la gestion.

Ces méthodes de recherche-action sont venues en réponse à l'augmentation croissante de consultants qui obtenaient des autorisations, effectuaient leur recherche, donnaient des résultats scientifiques que les décideurs ne pouvaient pas toujours s'approprier et mettre en œuvre. Les études scientifiques sur les peuplements aviens à la Martinique n'ont pas fait exception à cette tendance. En effet, l'analyse chronologique des études scientifiques menées à la Martinique met en évidence une concordance entre la dynamique de production de savoirs scientifiques mondiaux et la mise en application de ces savoirs dans les études de l'avifaune en Martinique. D'une manière générale et en concordance avec les grandes périodes de développement scientifique, on observe une spécialisation progressive des savoirs - la scientification de savoirs d'usage basés sur l'expérience vers des savoirs rationalisés institutionnels - et des concepts mobilisés pour l'étude de l'avifaune. Bien que cette dynamique de changement de type de savoirs dominants ait eu des impacts plus ou moins bénéfiques sur les populations, elle a néanmoins permis de construire les corpus de connaissances et les savoirs utilisés pour la gestion et la conservation des espèces remarquables à la Martinique. Cette nécessité de gestion et de conservation dans un espace insulaire s'inscrit dans la continuité de la logique de protection des espaces désignés comme étant prioritaires pour la conservation de la biodiversité (*hotspots*). Contribution supplémentaire à la gestion de populations d'oiseaux endémiques à la Martinique, cette recherche répond à la fois aux besoins de connaissance des gestionnaires et aux besoins des scientifiques de valider les savoirs théoriques questionnés par les observations naturalistes.

En effet, la dynamique de production de connaissances d'un monde nouveau s'est appuyée sur les expéditions naturalistes à partir de 1735 à la Martinique. Les chroniqueurs et des naturalistes ont donc été les premiers à mettre en évidence le déclin des populations de Moqueur gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*) au début du XXe siècle. À partir des années 1950, Robert Pinchon a apporté une contribution notable à l'observation et à la connaissance des espèces dans les Petites Antilles. C'est d'ailleurs lui qui en 1951 a fait état de la capture d'un

Moqueur gorge-blanche (Pinchon *et al.*, 1951) alors que l'espèce était considérée comme disparue par James Bond (1950) un an plus tôt. Sa contribution à la connaissance des espèces des Petites Antilles fut telle qu'en 2018 un musée a été consacré à l'exposition de l'ensemble de ses collections : le Musée du Père Pinchon. D'autres observateurs ont eux aussi contribué de différentes façons à l'étude du Moqueur tels que Édouard Benito-Espinal, Marcel Bon Saint-Côme, et plus d'une dizaine de contributeurs (Gros-Désormeaux, 2010), qui par leurs formations ont été fortement influencés par les prismes disciplinaires de la biologie. N'ayant pas trouvé de publications traitant du Moqueur gorge-blanche entre 1976 et 1987, nous pouvons supposer que les observations naturalistes de l'espèce ont continué jusqu'à 1987, date à laquelle Bénito-Espinal et Hautcastel firent état de 15 couples observés. Enfin, les années 1990 marquent un tournant dans le développement technologique mondial, avec l'avènement de l'informatique et d'internet, un élément majeur de la diffusion des savoirs. Les sciences et techniques en plein essor deviennent un cadre de référence sur lequel devront s'appuyer les décisions prises en matière de gestion. Cette décennie a dès lors été marquée par l'explosion du recours à l'expertise. Cela s'est traduit par une croissance du nombre de rapports institutionnels produits à partir du premier plan de gestion de la Réserve naturelle nationale de la Caravelle (Bosch 1993, Bulens *et al.* 1994, Pascal *et al.* 1996, Tayalay 1999, Tayalay et Gros-Désormeaux 2008, Lesales *et al.* 2012).

Au cours de leurs études relatives à cette espèce à enjeux de conservation, divers porteurs de savoirs rationalisés institutionnels ont en effet contribué par leurs observations et leur travail à améliorer l'état des connaissances. Les savoirs autochtones sont en rapport avec les besoins, les usages et l'expérience de ceux qui en sont les porteurs. La mise en œuvre de la Réserve naturelle nationale de la Caravelle (R.N.N.C.) en 1976 pour protéger les particularités géologiques et écologiques remarquables de la Presqu'île de la Caravelle dont le Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachryurus*) constitue un élément essentiel, et est donc le résultat d'une coalition de longue date entre des savoirs rationalisés institutionnels, présents en grande majorité, et des savoirs

naturalistes opérationnels, qui au fur et à mesure, ont connu des processus de légitimation par le biais de dispositifs de rationalisation scientifique. Cette recherche sur le Moqueur gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus*) se veut comme point de rupture à partir duquel les études sur cette espèce aboutissent à une conservation effective basée sur des outils scientifiques actualisés. Malgré des limites méthodologiques d'origine variées, cet état des lieux de la conservation du Moqueur gorge-blanche de Martinique pose les bases de la gestion d'une unique population avec des effectifs particulièrement faibles, estimés entre 150 et 600 individus, dont moins d'un tiers d'entre eux se reproduisent. Au regard du caractère précaire des conditions de nidification et d'alimentation de cette espèce, ces effectifs soulignent la nécessité de classer le Moqueur gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*) au rang de "danger critique d'extinction" dans la Liste Rouge des espèces menacées de l'Union Internationale pour la Conservation de la Nature (U.I.C.N.).

Bibliographie

- Ackerman, J. (2019). *Le génie des oiseaux*. Marabout.
- Adams, L. (1951). Confidence Limits for the Petersen or Lincoln Index Used in Animal Population Studies. *The Journal of Wildlife Management* 15:13–19.
- Akaike, H. (1974). A new look at the statistical model identification. *IEEE transactions on automatic control* 19:716–723.
- Alonso-Alvarez, C. (2006). Manipulation of primary sex-ratio: an updated review. *Avian and Poultry Biology Reviews* 17:1–20.
- Anadon-Irizarry, V., D. C. Wege, A. Upgren, R. Young, B. Boom, Y. M. Leon, Y. Arias, K. Koenig, A. L. Morales, and W. Burke (2012). Sites for priority biodiversity conservation in the Caribbean Islands Biodiversity Hotspot. *Journal of Threatened Taxa*:2806–2844.
- Anderson, D. J., J. Reeve, J. E. M. Gomez, W. W. Weathers, S. Hutson, H. V. Cunningham, and D. M. Bird (1993). Sexual size dimorphism and food requirements of nestling birds. *Canadian Journal of Zoology* 71:2541–2545.
- Andriamampianina, J. (1985). Statut des parcs et réserves de Madagascar. *Priorité en matière de conservation des espèces de Madagascar*:27.
- AOMA (2008). Suivi du Moqueur gorge blanche et des autres oiseaux remarquables: Réserve Naturelle de la Caravelle (Bilan 2006-2007). Association ornithologique de la Martinique.
- Aronson, J., A. F. Clewell, J. N. Blignaut, and S. J. Milton (2006). Ecological restoration: A new frontier for nature conservation and economics. *Journal for nature conservation* 14:135–139.
- Baillie, J. E., C. Hilton-Taylor, and S. N. Stuart (2004). A global species assessment. International Union for Conservation of Nature (IUCN).
- Baldwin, S. P., H. C. (Harry C. Oberholser, L. G. Worley, and J. M. Valentine (1931). *Measurements of birds*. [Cleveland, Ohio].
- Barnaud, G. (1992). *Sciences de la nature, sciences de la société: Les passeurs de frontières*. CNRS Éditions via OpenEdition.
- Barthe, Y., M. Callon, and P. Lascoumes (2014). *Agir dans un monde incertain. Essai sur la démocratie technique*. Le Seuil.
- Basile, M., R. Balestrieri, M. Posillico, A. Mancinelli, T. Altea, and G. Matteucci (2016). Measuring bird abundance—a comparison of methodologies between capture/recapture and audio-visual surveys. *Avocetta* 40:55–61.
- Batellier, F., F. Marchal, M. F. Scheller, J. Gautron, N. Sellier, M. Taouis, C. Monbrun, A. Vignal, and J. P. Brillard (2004). Sex ratios in mule duck embryos at various stages of incubation. *Theriogenology* 61:573–580.
- Bateson, W., and G. Mendel (2013). *Mendel's Principles of Heredity*. Courier Corporation.
- Beauchamp, G. (2001). Should vigilance always decrease with group size? *Behavioral Ecology and Sociobiology* 51:47–52.

- Beauchamp, G. (2008). What is the magnitude of the group-size effect on vigilance? *Behavioral Ecology* 19:1361–1368.
- Beauchamp, G. (2015). *Animal vigilance: monitoring predators and competitors*. Academic Press.
- Beauchamp, G. (2017). What can vigilance tell us about fear? *Animal Sentience: An Interdisciplinary Journal on Animal Feeling* 2:1.
- Beckles, H. M. (1992). Kalinago (Carib) Resistance to European Colonisation of the Caribbean. *Caribbean Quarterly* 38:1–124.
- Bednekoff, P. A., and S. L. Lima (1998). Randomness, chaos and confusion in the study of antipredator vigilance. *Trends in Ecology & Evolution* 13:284–287.
- Belkhir, K., P. Borsa, L. Chikhi, N. Raufaste, and F. Bonhomme (2004). GENETIX 4.05, Windows TM software for population genetics. Laboratoire génome, populations, interactions, CNRS UMR 5000.
- Béranger, C. (2007). La fréquentation de la Réserve naturelle de la Caravelle et du Château Dubuc (Martinique) : étude quantitative et qualitative, et évaluation de l'impact sur un oiseau endémique *Ramphocinclus brachyurus brachyurus*. Rapport non publié pour le Parc naturel régional de la Martinique. 87 p.
- Bercovitz, A. B., N. M. Czekala, and B. L. Lasley (1978). A New Method of Sex Determination in Monomorphic Birds. *The Journal of Zoo Animal Medicine* 9:114–124.
- Bergonzini, J.-C., and J.-P. Lanly (2000). *Les forêts tropicales*. Editions Quae.
- Berkes, F., and C. Folke (1998). Linking Sociological and Ecological Systems for resilience and sustainability. id.. *Linking Sociological and Ecological Systems: Management practices and social mechanisms for building resilience*, Cambridge University Press, New York:1–25.
- Bioret, F., R. Estève, and A. Sturbois (2009). *Dictionnaire de la protection de la nature*. Presses universitaires de Rennes.
- BirdLife International (2018). *Ramphocinclus brachyurus*. *The IUCN Red List of Threatened Species 2018*. [Online.] Available at <http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2018-2.RLTS.T22711137A129922471.en>.
- Bitterman, M. E. (1979). *L'Apprentissage chez l'animal: faits et théories*. Editions Mardaga.
- Blanco, G., J. Martínez-Padilla, D. Serrano, J. A. Dávila, and J. Viñuela (2003). Mass provisioning to different-sex eggs within the laying sequence: consequences for adjustment of reproductive effort in a sexually dimorphic bird. *Journal of Animal Ecology* 72:831–838.
- Blandin, P., and M. Lamotte (1988). Recherche d'une entité écologique correspondant à l'étude des paysages: la notion d'éco-complexe. *Bulletin d'écologie* 19:547–555.
- Blondel, J. (1995). *Biogéographie: approche écologique et évolutive*. Masson.
- Bolhuis, J. J., and L.-A. Giraldeau (Editors) (2005). *The behavior of animals: Mechanisms, function, and evolution*. Blackwell Publishing, Malden.
- Bonnet, E., and Y. Van de Peer (2002). zt : a software tool for simple and partial Mantel tests. *Journal of statistical software* 7:1.

- Bötsch, Y., Z. Tablado, D. Scherl, M. Kéry, R. F. Graf, and L. Jenni (2018). Effect of Recreational Trails on Forest Birds: Human Presence Matters. *Frontiers in Ecology and Evolution* 6.
- Bourgeron, P. S., H. C. Humphries, and L. Riboli-Sasco (2009). Regional analysis of social-ecological systems. *Natures Sciences Societes* Vol. 17:185–193.
- Bravard, J. P. (2003). Dynamiques à long terme des systèmes écologiques ou de l'Eden impossible à la gestion de la variabilité. Lévêque C. et Leeuw (van der) S.(éds), *Quelles natures voulons-nous*:133–139.
- Breton, J.-M. (2009). Espaces et aires protégés. Gestion intégrée et gouvernance participative. *Études caribéennes*.
- Brewer, D. (2010). *Wrens, Dippers and Thrashers*. Bloomsbury Publishing.
- Brooks, T. M., R. A. Mittermeier, G. A. da Fonseca, J. Gerlach, M. Hoffmann, J. F. Lamoreux, C. G. Mittermeier, J. D. Pilgrim, and A. S. Rodrigues (2006). Global biodiversity conservation priorities. *science* 313:58–61.
- Brosset, A. (1974). La nidification des oiseaux en forêt gabonaise architecture, situation des nids et prédation. *La Terre et la vie*.
- Brown, J. S. (1988). Patch use as an indicator of habitat preference, predation risk, and competition. *Behavioral Ecology and Sociobiology* 22:37–47.
- Brun, É., J.-M. Betsch, P. Blandin, G. Humbert, J.-C. Lefevre, and M.-C. Marival (2007). Postures des scientifiques et interdisciplinarité dans le champ de l'environnement. *Natures Sciences Societes* Vol. 15:177–185.
- Buckland, S. T., D. R. Anderson, K. P. Burnham, J. L. Laake, D. L. Borchers, and L. Thomas (2004). *Advanced distance sampling*. Oxford University Press Oxford.
- Buckland, S. T., S. J. Marsden, and R. E. Green (2008). Estimating bird abundance: making methods work. *Bird Conservation International* 18:S91–S108.
- Bulens, P. J., A. Le Dru, A. G. Tayalay, J. Bonet, and M. Tanasi (1994). Premiers résultats sur un suivi de l'avifaune de la Presqu'île de la Caravelle. Parc Naturel Régional Martinique.
- Bullock, S. H., H. A. Mooney, and E. Medina (1995). *Seasonally Dry Tropical Forests*. Cambridge University Press.
- Burnham, K. P., and D. R. Anderson (2002). *Model Selection and Multimodel Inference: A Practical Information-Theoretic Approach*. 2nd edition. Springer-Verlag, New York.
- Burnham, K. P., and D. R. Anderson (2004). Multimodel inference: understanding AIC and BIC in model selection. *Sociological methods & research* 33:261–304.
- Butchart, S. H. M., M. Walpole, B. Collen, A. van Strien, J. P. W. Scharlemann, R. E. A. Almond, J. E. M. Baillie, B. Bomhard, C. Brown, J. Bruno, K. E. Carpenter, *et al.* (2010). Global Biodiversity: Indicators of Recent Declines. *Science*:1187512.
- Canhos, D. A. L., M. S. Sousa-Baena, S. de Souza, L. C. Maia, J. R. Stehmann, V. P. Canhos, R. D. Giovanni, M. B. M. Bonacelli, W. Los, and A. T. Peterson (2015). The Importance of Biodiversity E-infrastructures for Megadiverse Countries. *PLOS Biology* 13:e1002204.

- Chao, A., H.-Y. Pan, and S.-C. Chiang (2008). The Petersen–Lincoln Estimator and its extension to estimate the size of a shared population. *Biometrical Journal: Journal of Mathematical Methods in Biosciences* 50:957–970.
- Chape, S., M. Spalding, and M. Jenkins (2008). *The world’s protected areas: status, values and prospects in the 21st century*. University of California Press.
- Chastel, O., H. Weimerskirch, and P. Jouventin (1995). Body Condition and Seabird Reproductive Performance: A Study of Three Petrel Species. *Ecology* 76:2240–2246.
- Cheula, A., J.-R. Gros-Désormeaux, Y. Kato, A. G. Tayalay, and S. Tollis (2010). Cartographie par télédétection et SIG des écotopes potentiels du Moqueur gorge blanche. *Biodiversité insulaire*:167.
- Clegg, S. M., and P. F. Owens (2002). The ‘island rule’ in birds: medium body size and its ecological explanation. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences* 269:1359–1365.
- Clutton-Brock, T. H., and G. A. Parker (1992). Potential reproductive rates and the operation of sexual selection. *The Quarterly Review of Biology* 67:437–456.
- Criscione, C. D., and M. S. Blouin (2005). Effective sizes of macroparasite populations: a conceptual model. *Trends in Parasitology* 21:212–217.
- Damay, L. (2011). *Savoirs experts et profanes dans la construction des problèmes publics*. Presses de l’Université Saint-Louis.
- Danchin, E., L.-A. Giraldeau, and F. Cézilly (2008). *Behavioural ecology*. Oxford University Press Oxford.
- Darwin, C. (1859). *On the origin of species*, 1859.
- David, P., and S. Samadi (2000). *La théorie de l’évolution: une logique pour la biologie*. Flammarion Paris.
- Davies, N. B., J. R. Krebs, and S. A. West (2012). *An Introduction to Behavioural Ecology*. John Wiley & Sons.
- Dawkins, M. S. (2007). *Observing Animal Behaviour: Design and Analysis of Quantitative Data*. Oxford University Press.
- De Aranzabal, I., M. F. Schmitz, P. Aguilera, and F. D. Pineda (2008). Modelling of landscape changes derived from the dynamics of socio-ecological systems: a case of study in a semiarid Mediterranean landscape. *Ecological indicators* 8:672–685.
- De Buffon, C. (1764). *Histoire naturelle, générale et particulière, avec la description du Cabinet du Roi*. Tome XII. Imprimerie Royale, Paris.
- Denslow, J. S. (2001). The ecology of insular biotas. *Trends in Ecology & Evolution* 16:423–424.
- Dessart, N., and P. Hunel (2014). Data collection using WSN for counting individuals and habitat characterization. *Journal of Computational Science* 5:624–632.
- Diaz, M. (1990). Interspecific patterns of seed selection among granivorous passerines: effects of seed size, seed nutritive value and bird morphology. *Ibis* 132:467–476.

- Dickinson, J. L., M. Euaparadorn, K. Greenwald, C. Mitra, and D. Shizuka (2009). Cooperation and competition: nepotistic tolerance and intrasexual aggression in western bluebird winter groups. *Animal Behaviour* 77:867–872.
- Dmitriew, C. M. (2011). The evolution of growth trajectories: what limits growth rate? *Biological Reviews* 86:97–116.
- Do, C., R. S. Waples, D. Peel, G. M. Macbeth, B. J. Tillett, and J. R. Ovenden (2014). NeEstimator v2: re-implementation of software for the estimation of contemporary effective population size (N_e) from genetic data. *Molecular Ecology Resources* 14:209–214.
- Donald, P., N. Collar, S. Marsden, and D. Pain (2010). Facing extinction: the world's rarest birds and the race to save them. Bloomsbury Publishing.
- Donald, P. F. (2007). Adult sex ratios in wild bird populations. *Ibis* 149:671–692.
- Doucet, M.-C., and L. Dumais (2015). Chapitre 8. La recherche-action collaborative, une activité dialogique pour produire des connaissances. Presses de l'EHESP.
- Dubiec, A., and M. Zagalska-Neubauer (2006). Molecular techniques for sex identification in birds. *Biological Letters* 43:3.12.
- Dudley, N. (2008). Lignes directrices pour l'application des catégories de gestion aux aires protégées.
- Dugatkin, L. A. (2013). Principles of Animal Behavior: Third International Student Edition. W. W. Norton & Company.
- Dumez, R., M. Roué, and S. Bahuchet (2014). Conservation de la nature: quel rôle pour les sciences sociales?. Vers une anthropologie de la conservation. *Revue d'ethnoécologie*.
- Eggers, S., M. Griesser, M. Nystrand, and J. Ekman (2006). Predation risk induces changes in nest-site selection and clutch size in the Siberian jay. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 273:701–706.
- Ekman, J., and M. Griesser (2002). Why offspring delay dispersal: experimental evidence for a role of parental tolerance. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences* 269:1709–1713.
- Elgar, M. A. (1989). Predator Vigilance and Group Size in Mammals and Birds: A Critical Review of the Empirical Evidence. *Biological Reviews* 64:13–33.
- Ellison, A. M. (2010). Repeatability and transparency in ecological research. *Ecology* 91:2536–2539.
- Fernández, G. J., A. F. Capurro, and J. C. Reboreda (2003). Effect of Group Size on Individual and Collective Vigilance in Greater Rheas. *Ethology* 109:413–425.
- Fernández-Juricic, E. (2012). Sensory basis of vigilance behavior in birds: Synthesis and future prospects. *Behavioural Processes* 89:143–152.
- Fernández-Juricic, E., G. Beauchamp, and B. Bastain (2007). Group-size and distance-to-neighbour effects on feeding and vigilance in brown-headed cowbirds. *Animal Behaviour* 73:771–778.
- Fisher, R. A. (1930). The Genetical Theory of Natural Selection: A Complete Variorum Edition. OUP Oxford.

- Fonseca, C. R., and G. Ganade (2001). Species functional redundancy, random extinctions and the stability of ecosystems. *Journal of Ecology* 89:118–125.
- Fontaine, J. J., and T. E. Martin (2006). Parent birds assess nest predation risk and adjust their reproductive strategies. *Ecology Letters* 9:428–434.
- Forest, P. (2009). *Géographie du droit: épistémologie, développement et perspectives*. Presses de l'Université Laval.
- Friard, O., and M. Gamba (2016). BORIS: a free, versatile open-source event-logging software for video/audio coding and live observations. *Methods in Ecology and Evolution* 7:1325–1330.
- Fridolfsson, A.-K., and H. Ellegren (1999). A simple and universal method for molecular sexing of non-ratite birds. *Journal of Avian Biology* 30:116–121.
- Fujiwara, M. (2002). *Mark-recapture statistics and demographic analysis*. MASSACHUSETTS INST OF TECH CAMBRIDGE.
- Gardiner, G. (1994). Mieux vaut prévenir que guérir: préservation ou conservation. *Museum International (Edition Française)* 46:54–56.
- Gauthier-Clerc, M., F. Mesléard, and J. Blondel (2014). *Sciences de la conservation*. De Boeck Supérieur.
- Génot, J.-C. (2011). Naturalité. *La Lettre Des Forêts Sauvages* 10.
- Génot, J.-C., and A. Schnitzler (2008). Empreinte des protecteurs, réserves forestières intégrales et naturalité. *Colloque Biodiversité, Naturalité, Humanité: pour inspirer la gestion des forêts*.
- Genovart, M., R. Pradel, and D. Oro (2012). Exploiting uncertain ecological fieldwork data with multi-event capture–recapture modelling: an example with bird sex assignment. *Journal of Animal Ecology* 81:970–977.
- Gerber, J. D. (2006). *Structures de gestion des rivalités d'usage du paysage: une analyse comparée de trois cas alpins*. Somedia Buchverlag.
- Ghasemi, A., and S. Zahediasl (2012). Normality Tests for Statistical Analysis: A Guide for Non-Statisticians. *International Journal of Endocrinology and Metabolism* 10:486–489.
- Gilpin, M. (2012). *Metapopulation Dynamics: Empirical and Theoretical Investigations*. Academic Press.
- Gonzalez-Laporte, C. (2014). *Recherche-action participative, collaborative, intervention... Quelles explicitations? Labex ITEM*.
- González-Zamora, A., V. Arroyo-Rodríguez, F. Escobar, M. Rös, K. Oyama, G. Ibarra-Manríquez, K. E. Stoner, and C. A. Chapman (2014). Contagious Deposition of Seeds in Spider Monkeys' Sleeping Trees Limits Effective Seed Dispersal in Fragmented Landscapes. *PLOS ONE* 9:e89346.
- Gorman, M. (2012). *Island Ecology*. Springer Science & Business Media.
- Goudet, J. (2001). FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices, version 2.9.3. <http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm>.
- Gouillart, C. (1996). *Le Parc Naturel Régional : Trente ans d'expérience en matière de protection de la nature*. Université des Antilles-Guyane.

- Granjou, C. (2003). L'expertise scientifique à destination politique. *Cahiers internationaux de sociologie* n° 114:175–183.
- Grant, P. R. (1971). Variation in the Tarsus Length of Birds in Island and Mainland Regions. *Evolution* 25:599–614.
- Green, A. J. (2001). Mass/Length Residuals: Measures of Body Condition or Generators of Spurious Results? *Ecology* 82:1473–1483.
- Griffiths, R., M. C. Double, K. Orr, and R. J. G. Dawson (1998). A DNA test to sex most birds. *Molecular Ecology* 7:1071–1075.
- Grosbois, V., and O. Gimenez (2010). Capture-mark-recapture models. *Effects of Climate Change on Birds*:39–46.
- Gros-Désormeaux, J.-R. (2010). La biodiversité dans les petites antilles. Univ Européenne, Place of publication not identified.
- Gros-Désormeaux, J.-R., T. Lesales, and A.-G. Tayalay (2014). Behavioral observations on the White-breasted Thrasher (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*): conservation implications. *acta ethologica* 18:197–208.
- Gros-Désormeaux, J.-R., and Tayalay (2009). *Écosystèmes forestiers des Caraïbes*. KARTHALA Editions.
- Gros-Désormeaux, J.-R., L. Tupiassu, and R. Z. Bastos (2016). L'île et le vivant revisités dans la théorie de la Biogéographie insulaire : les symptômes du syndrome d'insularité/Island and the living revisited in the insular biogeography theory : the symptoms of insularity syndrome. *Revista GeoAmazônia* 3:200–210.
- Guillemette, S., and L. Savoie-Zajc (2012). La recherche-action et ses rapports de coconstruction de savoirs et de formation dans une perspective de professionnalisation entre acteurs praticiens et chercheurs. *Formation et profession* 20:41–52.
- Harris, G., and S. L. Pimm (2008). Range Size and Extinction Risk in Forest Birds. *Conservation Biology* 22:163–171.
- Hasanah, N. (2010). Animal behavior for Conservation planning: from theory to the real world.
- Henderson, A. R. (2005). The bootstrap: A technique for data-driven statistics. Using computer-intensive analyses to explore experimental data. *Clinica Chimica Acta* 359:1–26.
- Hill, W. G. (1981). Estimation of effective population size from data on linkage disequilibrium. *Genetics Research* 38:209–216.
- Hirsch, P. D., W. M. Adams, J. P. Brosius, A. Zia, N. Bariola, and J. L. Dammert (2011). Acknowledging conservation trade-offs and embracing complexity. *Conservation Biology* 25:259–264.
- Hoekstra, J. M., T. M. Boucher, T. H. Ricketts, and C. Roberts (2005). Confronting a biome crisis: global disparities of habitat loss and protection. *Ecology letters* 8:23–29.
- Huggan, G., and H. Tiffin (2007). Green Postcolonialism. *Interventions* 9:1–11.
- Husain, N., P. Roy, and touseef H. Trak (2017). Photography as a Conservation Tool in Science.

- Jin, L., H. J. Temple, J. I. Hoffman, S. Tan, and W. Amos (2006). Polymorphic microsatellite DNA markers for the white-breasted thrasher, *Ramphocinclus brachyurus*. *Molecular Ecology Notes* 6:862–864.
- Johnson, K. M. (2013). Une évaluation des dérangements sur la Réserve Naturelle de la Caravelle : le cas du Moqueur gorge blanche (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*).
- Jollivet, M. (2001). Un exemple d'interdisciplinarité au CNRS: le PIREN (1979-1989). La revue pour l'histoire du CNRS.
- Jones, O. R., and J. Wang (2010). COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular Ecology Resources* 10:551–555.
- Joseph, C. (2016). Extraction de connaissances dans les données de la réserve naturelle de caravelle en Martinique. Université des Antilles-Guyane.
- Kagel, J. H., L. Battalio, R. C. Battalio, and L. Green (1995). *Economic Choice Theory: An Experimental Analysis of Animal Behavior*. Cambridge University Press.
- Karasov, W. H. (1986). Energetics, physiology and vertebrate ecology. *Trends in Ecology & Evolution* 1:101–104.
- Katzner, T. E., E. A. Bragin, S. T. Knick, and A. T. Smith (2006). Spatial structure in the diet of imperial eagles *Aquila heliaca* in Kazakhstan. *Journal of Avian Biology* 37:594–600.
- Kendall, W. L. (1999). Robustness of Closed Capture–Recapture Methods to Violations of the Closure Assumption. *Ecology* 80:2517–2525.
- Kerr, J. T., and D. J. Currie (1995). Effects of Human Activity on Global Extinction Risk. *Conservation Biology* 9:1528–1538.
- Kim, T. H., K. S. Kim, B. H. Choi, D. H. Yoon, G. W. Jang, K. T. Lee, H. Y. Chung, H. Y. Lee, H. S. Park, and J. W. Lee (2005). Genetic structure of pig breeds from Korea and China using microsatellite loci analysis. *Journal of animal science* 83:2255–2263.
- Klett-Mingo, J. I., I. Pavón, and D. Gil (2016). Great tits, *Parus major*, increase vigilance time and reduce feeding effort during peaks of aircraft noise. *Animal Behaviour* 115:29–34.
- Kohn, M. H., E. C. York, D. A. Kamradt, G. Haught, R. M. Sauvajot, and R. K. Wayne (1999). Estimating population size by genotyping faeces. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences* 266:657–663.
- Kokko, H., R. A. Johnstone, and J. Wright (2002). The evolution of parental and alloparental effort in cooperatively breeding groups: when should helpers pay to stay? *Behavioral Ecology* 13:291–300.
- Korfanta, N. M., W. D. Newmark, and M. J. Kauffman (2012). Long-term demographic consequences of habitat fragmentation to a tropical understory bird community. *Ecology* 93:2548–2559.
- Köse, T., M. Orman, F. Ikiz, M. F. Baksh, J. Gallagher, and D. Böhning (2014). Extending the Lincoln–Petersen estimator for multiple identifications in one source. *Statistics in Medicine* 33:4237–4249.
- Kutsukake, N., and T. H. Clutton-Brock (2008). The number of subordinates moderates intrasexual competition among males in cooperatively breeding meerkats. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 275:209–216.

- Kvarnemo, C., and I. Ahnesjö (1996). The dynamics of operational sex ratios and competition for mates. *Trends in Ecology & Evolution* 11:404–408.
- Kwak, S. K., and J. H. Kim (2017). Statistical data preparation: management of missing values and outliers. *Korean Journal of Anesthesiology* 70:407–411.
- Labocha, M. K., and J. P. Hayes (2012). Morphometric indices of body condition in birds: a review. *Journal of Ornithology* 153:1–22.
- Lack, D., and L. David (1983). *Darwin's Finches*. CUP Archive.
- Lagrange, P. (2015). Déterminants de la survie et de la dispersion de reproduction par une approche capture-marquage-recapture chez l'Hirondelle bicolore au Québec.
- LaPergola, J. B., J. L. Mortensen, and R. L. Curry (2011). Nest, Eggs, and Nesting Behavior of the Gray Trembler (*Cinlocerthia gutturalis*) on St. Lucia, West Indies. *The Wilson Journal of Ornithology* 123:390–395.
- Lascoumes, P. (2011). Savoirs, expertises et mobilisation. In *Savoirs experts et profanes dans la construction des problèmes publics*. Bruxelles, pp. 221–227.
- Lascoumes, P., M. Callon, and Y. Barthe (1997). Information, consultation, expérimentation: les activités et les formes d'organisation au sein des forums hybrides: points de vue de Pierre Lascoumes, Michel Callon, Yannick Barthe: actes. CNRS.
- Lawrence, E. S. (1985). Vigilance during 'easy' and 'difficult' foraging tasks. *Animal Behaviour* 33:1373–1375.
- Le Boterf, G. (1983). La recherche-action: une nouvelle relation entre les experts et les acteurs sociaux. *Revue Pour* 90.
- Le Galliard, J.-F., P. S. Fitze, R. Ferrière, and J. Clobert (2005). Sex ratio bias, male aggression, and population collapse in lizards. *Proceedings of the National academy of Sciences* 102:18231–18236.
- Lecomte, J. (1999). *Réflexions sur la naturalité*.
- Lefrançois, R. (1997). La recherche collaborative: essai de définition. *Nouvelles pratiques sociales* 10:81–95.
- Legay, J.-M. (1986). Quelques réflexions à propos d'écologie: défense de l'indisciplinarité. *Acta oecologica. Oecologia generalis* 7:391–398.
- Lerandy, Y., and V. Chery (2013). Plan de gestion 2013-2017 - Réserve naturelle de la Caravelle. Parc Naturel Régional de Martinique.
- Lesales, T., J.-R. Gros-Désormeaux, and A. G. Tayalay (2012). Ethologie du Moqueur gorge-blanche (*R. bachyurus*). Parc Naturel Régional Martinique-CIHENCE.
- Lévêque, C. (1994). Le concept de biodiversité: de nouveaux regards sur la nature. *Natures Sciences Sociétés* 2:243–254.
- Lewis, D. S., R. van Veen, and B. S. Wilson (2011). Conservation implications of small Indian mongoose (*Herpestes auropunctatus*) predation in a hotspot within a hotspot: the Hellshire Hills, Jamaica. *Biological Invasions* 13:25–33.

- Life +Capdom (2014). Conserving French overseas threatened bird species and their habitats using demonstrative conservation tools.
- Lima, S. L. (1995). Back to the basics of anti-predatory vigilance: the group-size effect. *Animal Behaviour* 49:11–20.
- Lugo, A. E., E. Medina, J. C. Trejo-Torres, and E. Helmer (2006). Botanical and ecological basis for the resilience of Antillean dry forests. In *Neotropical savannas and seasonally dry forests*. CRC Press, pp. 359–381.
- Luikart, G., N. Ryman, D. A. Tallmon, M. K. Schwartz, and F. W. Allendorf (2010). Estimation of census and effective population sizes: the increasing usefulness of DNA-based approaches. *Conservation Genetics* 11:355–373.
- MacArthur, R. H., and E. O. Wilson (1963). An equilibrium theory of insular zoogeography. *Evolution* 17:373–387.
- MacKinnon, J., K. MacKinnon, G. Child, and J. Thorsell (1986). *Managing protected areas in the tropics*. IUCN.
- Macrini, T. E., D. J. Irschick, and J. B. Losos (2003). Ecomorphological Differences in Toepad Characteristics between Mainland and Island Anoles. *Journal of Herpetology* 37:52–58.
- Magaña, M., J. C. Alonso, C. A. Martín, L. M. Bautista, and B. Martín (2010). Nest-site selection by Great Bustards *Otis tarda* suggests a trade-off between concealment and visibility. *Ibis* 152:77–89.
- Mahrane, Y., M. Fenzi, C. Pessis, and C. Bonneuil (2012). De la nature à la biosphère. *Vingtieme Siecle. Revue d'histoire* n° 113:127–141.
- Mangel, M., and J. Stamps (2001). Trade-offs between growth and mortality and the maintenance of individual variation in growth. *Evolutionary Ecology Research* 3.
- Martin, T. E. (1988). Habitat and area effects on forest bird assemblages: is nest predation an influence? *Ecology* 69:74–84.
- Martin, T. E. (1993a). Nest predation and nest sites. *BioScience* 43:523–532.
- Martin, T. E. (1993b). Nest predation among vegetation layers and habitat types: revising the dogmas. *The American Naturalist* 141:897–913.
- Martin, T. E., and J. J. Roper (1988). Nest predation and nest-site selection of a western population of the Hermit Thrush. *The Condor* 90:51–57.
- Mathieu, N., C. Rivault, N. Blanc, and A. Cloarec (1997). Le dialogue interdisciplinaire mis à l'épreuve: réflexions à partir d'une recherche sur les blattes urbaines. *Natures Sciences Sociétés* 5:18–30.
- McIlhenny, E. A. (1940). Sex ratio in wild birds. *The Auk* 57:85–93.
- Meadows, D. H., E. Goldsmith, and P. Meadow (1972). The limits to growth. <https://doi.org/10.1111/j.1752-1688.1972.tb05230.x>
- Meeûs, T. D. (2012). *Initiation à la génétique des populations naturelles: applications aux parasites et à leurs vecteurs*. IRD Editions.

- Merilä, J., L. E. B. Kruuk, and B. C. Sheldon (2001). Cryptic evolution in a wild bird population. *Nature* 412:76–79.
- Mikusiński, G., H. P. Possingham, and M. Blicharska (2014). Biodiversity priority areas and religions—a global analysis of spatial overlap. *Oryx* 48:17–22.
- Mittermeier, R. A., W. R. Turner, F. W. Larsen, T. M. Brooks, and C. Gascon (2011). Global Biodiversity Conservation: The Critical Role of Hotspots. In *Biodiversity Hotspots* (F. E. Zachos and J. C. Habel, Editors). Springer Berlin Heidelberg, pp. 3–22.
- Møller, A. P. (1989). Nest Site Selection across Field-Woodland Ecotones: The Effect of Nest Predation. *Oikos* 56:240–246.
- Morán-Ordóñez, A., R. Bugter, S. Suárez-Seoane, E. de Luis, and L. Calvo (2013). Temporal changes in socio-ecological systems and their impact on ecosystem services at different governance scales: a case study of heathlands. *Ecosystems* 16:765–782.
- Mortensen, J. L., M. N. Morton, P. Haynes, J. Tschirky, M.-L. Felix, and J. M. Reed (2017). Current status of the Endangered White-breasted Thrasher (*Ramphocinclus brachyurus*), a dry forest songbird endemic to Saint Lucia and Martinique. *Journal of Caribbean Ornithology* 30.
- Mortensen, J. L., and J. M. Reed (2016). Population Viability and Vital Rate Sensitivity of an Endangered Avian Cooperative Breeder, the White-Breasted Thrasher (*Ramphocinclus brachyurus*). *PLOS ONE* 11:e0148928.
- Myers, N. (2003). Biodiversity hotspots revisited. *BioScience* 53:916–917.
- Myers, N., R. A. Mittermeier, C. G. Mittermeier, G. B. da Fonseca, and J. Kent (2000). Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature* 403:853–858.
- Nakagawa, S., and I. C. Cuthill (2007). Effect size, confidence interval and statistical significance: a practical guide for biologists. *Biological Reviews* 82:591–605.
- Nakagawa, S., D. O. S. Gillespie, B. J. Hatchwell, and T. Burke (2007). Predictable males and unpredictable females: sex difference in repeatability of parental care in a wild bird population. *Journal of Evolutionary Biology* 20:1674–1681.
- Nakagawa, S., and H. Schielzeth (2010). Repeatability for Gaussian and non-Gaussian data: a practical guide for biologists. *Biological Reviews* 85:935–956.
- Nomura, T. (2008). Estimation of effective number of breeders from molecular coancestry of single cohort sample. *Evolutionary Applications* 1:462–474.
- Noss, R. (2016). Announcing the world’s 36th biodiversity hotspot: The North American Coastal Plain.
- Olson, D. M., and E. Dinerstein (2002). The Global 200: Priority Ecoregions for Global Conservation. *Annals of the Missouri Botanical Garden* 89:199–224.
- Orme, C. D. L., R. G. Davies, M. Burgess, F. Eigenbrod, N. Pickup, V. A. Olson, A. J. Webster, T.-S. Ding, P. C. Rasmussen, R. S. Ridgely, A. J. Stattersfield, et al. (2005). Global hotspots of species richness are not congruent with endemism or threat. *Nature* 436:1016–1019.
- Otis, D. L., K. P. Burnham, G. C. White, and D. R. Anderson (1978). Statistical inference from capture data on closed animal populations. *Wildlife monographs*:3–135.

- Peig, J., and A. J. Green (2009). New perspectives for estimating body condition from mass/length data: the scaled mass index as an alternative method. *Oikos* 118:1883–1891.
- Peig, J., and A. J. Green (2010). The paradigm of body condition: a critical reappraisal of current methods based on mass and length. *Functional Ecology* 24:1323–1332.
- Petit, E., and N. Valiere (2006). Estimating Population Size with Noninvasive Capture-Mark-Recapture Data. *Conservation Biology* 20:1062–1073.
- Pinchon, R. (1976). *Les Oiseaux*. Fort de France, Martinique.
- Pollock, K. H. (2000). Capture-recapture models. *Journal of the American Statistical Association* 95:293–296.
- Portécop, J. (2009). Évolution des services rendus par les écosystèmes forestiers aux Petites Antilles. In *Écosystèmes forestiers des Caraïbes*. Karthala. KARTHALA Editions.
- Pradel, R. (1996). Utilization of capture-mark-recapture for the study of recruitment and population growth rate. *Biometrics*:703–709.
- Priam, J., J.-R. Gros-Désormeaux, and M. MAINSON (2013). Instrumentation bio-acoustique pour la surveillance d'une espèce menacée: Le cas du Moqueur gorge-blanche (*R. brachyurus*). Séminaire de restitution du projet CARIBSAT. Scoelcher, Martinique.
- Price, T., and G. L. Birch (1996). Repeated evolution of sexual color dimorphism in passerine birds. *The Auk* 113:842–848.
- Prieur, M., J. Bétaille, M.-A. Cohendet, H. Delzangles, J. Makowiak, and P. Steichen (2016). *Droit de l'environnement*. Dalloz.
- Primack, R. B., F. Sarrazin, and J. Lecomte (2012). *Biologie de la conservation*. Dunod Paris.
- Prugnolle, F., and T. de Meeus (2002). Inferring sex-biased dispersal from population genetic tools: a review. *Heredity* 88:161–165.
- Pudovkin, A. I., D. V. Zaykin, and D. Hedgecock (1996). On the Potential for Estimating the Effective Number of Breeders From Heterozygote-Excess in Progeny. *Genetics* 144:383–387.
- Purvis, A., J. L. Gittleman, G. Cowlishaw, and G. M. Mace (2000). Predicting extinction risk in declining species. *Proceedings of the royal society of London. Series B: Biological Sciences* 267:1947–1952.
- R Core Team (2019). *R: a language and environment for statistical computing*. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing; 2018. Google Scholar.
- Raffin, J.-P. (2005). De la protection de la nature à la gouvernance de la biodiversité. *Ecologie politique*:97–109.
- Ramade, F. (2008). *Dictionnaire encyclopédique des sciences de la nature et de la biodiversité*. Dunod.
- Rapoport, R. N. (1973). Les trois dilemmes de la recherche-action. *Connexions* 7:115–131.
- Razali, N. M., and Y. B. Wah (2011). Power comparisons of shapiro-wilk, kolmogorov-smirnov, lilliefors and anderson-darling tests. *Journal of statistical modeling and analytics* 2:21–33.

- Réale, D. (1997). Ressources trophiques et reproduction chez les mammifères et les oiseaux. *Revue d'écologie*.
- Remagnino, P., and G. A. Jones (2001). Classifying Surveillance Events from Attributes and Behaviour. *BMVC. Citeseer*, pp. 1–10.
- Ricklefs, R. E., and E. Bermingham (2002). The concept of the taxon cycle in biogeography. *Global Ecology and Biogeography* 11:353–361.
- Ridgway, R., and H. Friedmann (1907). *The birds of North and Middle America : a descriptive catalogue of the higher groups, genera, species, and subspecies of birds known to occur in North America, from the Arctic lands to the Isthmus of Panama, the West Indies and other islands of the Caribbean sea, and the Galapagos Archipelago*. Washington : Govt. Print. Off.
- Rivault, C., N. Mathieu, A. Cloarec, and N. Blanc (1993). Les blattes. Un animal de ville à toutes saisons. *Les Annales de la Recherche Urbaine* 61:33–39.
- Roberts, G. (1996). Why individual vigilance declines as group size increases. *Animal Behaviour* 51:1077–1086.
- Rockmore, T. (2007). Hegel et le constructivisme épistémologique. *Revue de métaphysique et de morale* n° 53:103–113.
- Roper, J. J. (2005). Try and try again: nest predation favors persistence in a neotropical bird. *Ornitologia Neotropical* 16:253–262.
- Russell, A. F., and B. J. Hatchwell (2001). Experimental evidence for kin-biased helping in a cooperatively breeding vertebrate. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences* 268:2169–2174.
- Sandom, C., S. Faurby, B. Sandel, and J.-C. Svenning (2014). Global late Quaternary megafauna extinctions linked to humans, not climate change. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 281:20133254.
- Saout, S. L., M. Hoffmann, Y. Shi, A. Hughes, C. Bernard, T. M. Brooks, B. Bertzky, S. H. M. Butchart, S. N. Stuart, T. Badman, and A. S. L. Rodrigues (2013). Protected Areas and Effective Biodiversity Conservation. *Science* 342:803–805.
- Sass, E. M., J. L. Mortensen, and J. M. Reed (2017). Habitat suitability models indicate the White-breasted Thrasher *Ramphocinclus brachyurus* occupies all suitable habitat in Saint Lucia. *Bird Conservation International* 27:96–110.
- Schnitzler, A., J.-C. Génot, M. Wintz, and B. W. Hale (2008). Naturalness and conservation in France. *Journal of Agricultural and Environmental Ethics* 21:423–436.
- Selltiz, C., L. S. Wrightsman, and S. W. Cook (1976). *Research methods in social relations*. Holt, Rinehart and Winston.
- Shaffer, M. L. (1981). Minimum Population Sizes for Species Conservation. *BioScience* 31:131–134.
- Silva, N. (2008). Rôle de l'information sociale dans les décisions de reproduction chez deux espèces d'oiseaux, le faucon crécerelle (*Falco tinnunculus*) et le rollier d'Europe (*Coracias garrulus*).
- Slade, N. A., and S. M. Blair (2000). An Empirical Test of Using Counts of Individuals Captured as Indices of Population Size. *Journal of Mammalogy* 81:1035–1045.

- Smith-Castro, J. R., and A. D. Rodewald (2010). Behavioral responses of nesting birds to human disturbance along recreational trails. *Journal of Field Ornithology* 81:130–138.
- Stacey, P. B., and W. D. Koenig (1990). *Cooperative Breeding in Birds: Long Term Studies of Ecology and Behaviour*. Cambridge University Press.
- Stattersfield, A. J., M. J. Crosby, A. J. Long, and D. C. Wege (1998). Endemic Bird Areas of the world: priorities for biodiversity conservation. *The Condor* 100:770.
- Stevenson, R. D., and W. A. Woods (2006). Condition indices for conservation: new uses for evolving tools. *Integrative and Comparative Biology* 46:1169–1190.
- Storer, R. W. (1989). Geographic Variation and Sexual Dimorphism in the Tremblers (*Cinclocerthia*) and White-Breasted Thrasher (*Ramphocinclus*). *The Auk* 106:249–258.
- Swaddle, J. P., M. S. Witter, I. C. Cuthill, A. Budden, and P. McCowen (1996). Plumage Condition Affects Flight Performance in Common Starlings: Implications for Developmental Homeostasis, Abrasion and Molt. *Journal of Avian Biology* 27:103–111.
- Tarjuelo, R., I. Barja, M. B. Morales, J. Traba, A. Benítez-López, F. Casas, B. Arroyo, M. P. Delgado, and F. Mougeot (2015). Effects of human activity on physiological and behavioral responses of an endangered steppe bird. *Behavioral Ecology* 26:828–838.
- Tayalay, A. G. (1999). Une étude de la distribution spatiale du Moqueur gorge blanche.
- Tayalay, A. G. (2013). Etat de la connaissance naturaliste relative au Moqueur gorge blanche à la Martinique. *Biodiversité insulaire: la flore, la faune et l'homme dans les Petites Antilles*, Editions DEAL:158–166.
- Teixeira, O. A. (2000). L'interdisciplinarité en acte: les programmes "Causses-Cévennes"(PIREN-CNRS) et "Agriculture-Environnement-Société des Eaux (SAD/INRA).
- Temple, H. J., J. I. Hoffman, and W. Amos (2006). Dispersal, philopatry and intergroup relatedness: fine-scale genetic structure in the white-breasted thrasher, *Ramphocinclus brachyurus*. *Molecular Ecology* 15:3449–3458.
- Temple, H. J., J. I. Hoffman, and W. Amos (2009). Group structure, mating system and extra-group paternity in the co-operatively breeding White-breasted Thrasher *Ramphocinclus brachyurus*. *Ibis* 151:99–112.
- Thiébault, S. (2012). Les disciplines paléoenvironnementales. *Archéopages. Archéologie et société*:29–31.
- Tollu, G., M. Labeille, and B. de Gaulejac (2012). Projet d'extension de la Réserve Naturelle de la Caravelle. *Impact-Mer. Rapport pour : Parc Naturel Régional de Martinique* 0910–04.
- Treves, A. (2000). Theory and method in studies of vigilance and aggregation. *Animal Behaviour* 60:711–722.
- Trivers, R. L., and D. E. Willard (1973). Natural selection of parental ability to vary the sex ratio of offspring. *Science* 179:90–92.
- Vallauri, J. A., J.-C. Génot, J.-P. De Palma, and R. Eynard-Machet (2010). Biodiversité, naturalité, humanité. Pour inspirer la gestion des forêts. Lavoisier.
- Van Andel, J., and J. Aronson (2012). *Restoration ecology: the new frontier*. John Wiley & Sons.

- Vennetier, M. (2015). Inventaire 2015 des placettes permanentes Evolution des unités écologiques Synthèse des travaux réalisés de 1990 à 2015. 212.
- Verspoor, J. J., O. P. Love, E. Rowland, E. H. Chin, and T. D. Williams (2007). Sex-specific development of avian flight performance under experimentally altered rearing conditions. *Behavioral Ecology* 18:967–973.
- Wang, Z., Z. Li, G. Beauchamp, and Z. Jiang (2011). Flock size and human disturbance affect vigilance of endangered red-crowned cranes (*Grus japonensis*). *Biological Conservation* 144:101–105.
- Waples, R. S. (2006). A bias correction for estimates of effective population size based on linkage disequilibrium at unlinked gene loci*. *Conservation Genetics* 7:167.
- Waples, R. S., and C. Do (2010). Linkage disequilibrium estimates of contemporary Ne using highly variable genetic markers: a largely untapped resource for applied conservation and evolution. *Evolutionary Applications* 3:244–262.
- Weathers, W. W., W. A. Buttemer, A. M. Hayworth, and K. A. Nagy (1984). An Evaluation of Time-Budget Estimates of Daily Energy Expenditure in Birds. *The Auk: Ornithological Advances* 101:459–472.
- Weir, B. S., and C. C. Cockerham (1984). Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure. *Evolution* 38:1358–1370.
- Wendeln, H., and P. H. Becker (1999). Effects of parental quality and effort on the reproduction of common terns. *Journal of Animal Ecology* 68:205–214.
- Werner, E. E., and B. R. Anholt (1993). Ecological Consequences of the Trade-Off between Growth and Mortality Rates Mediated by Foraging Activity. *The American Naturalist* 142:242–272.
- Werner, U., and J. Buszko (2005). Detecting biodiversity hotspots using species–area and endemics–area relationships: the case of butterflies. *Biodiversity & Conservation* 14:1977–1988.
- White, G. C. (1982). Capture-recapture and removal methods for sampling closed populations. Los Alamos National Laboratory.
- White, G. C., and K. P. Burnham (1999). Program MARK: survival estimation from populations of marked animals. *Bird study* 46:S120–S139.
- White, R. L. (2009). Assessing the impact of tourism development in St. Lucia on the endangered White-breasted Thrasher (*Ramphocinclus brachyurus*): identifying priority sites for conservation.
- White, R. L., T. Jn. Baptiste, A. Dornelly, M. N. Morton, M. J. O’connell, and R. P. Young (2012). Population responses of the Endangered White-breasted Thrasher *Ramphocinclus brachyurus* to a tourist development in Saint Lucia – conservation implications from a spatial modelling approach. *Bird Conservation International* 22:468–485.
- Whittaker, R. H., S. A. Levin, and R. B. Root (1973). Niche, Habitat, and Ecotope. *The American Naturalist* 107:321–338.
- Whittaker, R. J., S. of G. R. J. Whittaker, J. M. Fernandez-Palacios, and D. de E. F. de B. J. M. Fern?ndez-Palacios (2007). *Island Biogeography: Ecology, Evolution, and Conservation*. OUP Oxford.
- Wolak, M. E., D. J. Fairbairn, and Y. R. Paulsen (2012). Guidelines for estimating repeatability. *Methods in Ecology and Evolution* 3:129–137.

- Yamada, F., and K. Sugimura (2004). Negative impact of an invasive small Indian mongoose *Herpestes javanicus* on native wildlife species and evaluation of a control project in Amami-Oshima and Okinawa Islands, Japan. *Global Environmental Research* 8:117–124.
- Ydenberg, R. C., C. V. J. Welham, R. Schmid-Hempel, P. Schmid-Hempel, and G. Beauchamp (1994). Time and energy constraints and the relationships between currencies in foraging theory. *Behavioral Ecology* 5:28–34.
- Yeh, P. J., M. E. Hauber, and T. D. Price (2007). Alternative nesting behaviours following colonisation of a novel environment by a passerine bird. *Oikos* 116:1473–1480.
- Young, R. P., T. J. Baptiste, A. Dornelly, H. Temple, H. Whitehead, H. G. Young, and M. N. Morton (2010). Potential impacts of tourist developments in St Lucia on the Endangered White-breasted Thrasher *Ramphocinclus brachyurus*. *Bird Conservation International* 20:354–364.
- Zhdanova, O. L., and A. I. Pudovkin (2008). Nb_HetEx: A Program to Estimate the Effective Number of Breeders. *Journal of Heredity* 99:694–695.

Annexes

Annexe 1: La nomenclature internationale des Aires protégées dans les Petites Antilles

Cette nomenclature fait partie des différents modes et instruments conçus et mis en place pour la protection de la biodiversité (Breton 2009). On peut citer de manière non exhaustive les principaux dispositifs réglementaires : la création de réseaux communautaires « Natura 2000 », l'acquisition à but conservatoire d'espaces fonciers par le Conservatoire du littoral, la création d'aires protégées (parcs nationaux, réserves naturelles, arrêtés de biotope), les listes d'espèces protégées sur le territoire national font partie des outils les plus communément utilisés pour la gestion de la diversité biologique au niveau local. Ces modes de gestion possèdent des avantages et des inconvénients inhérents aux écosystèmes concernés.

Selon l'Union internationale pour la conservation de la nature (U.I.C.N.), à l'origine, le statut d'aire protégée désigne un espace où il y a une préservation permanente des écosystèmes par l'interdiction d'occupation du sol ou de sa vente (Dudley 2008). Cet espace dédié à la protection de la nature est un bien public dont chaque citoyen peut avoir la jouissance. Le Parc national du Yellowstone aux États-Unis d'Amérique a été considéré comme la toute première aire protégée (Chape *et al.* 2008). Depuis la création de celui-ci en 1872, plus de 100 000 aires protégées nationales ont été établies à travers le monde, auxquelles s'ajoutent plus de 5000 sites historiques et réserves de biosphère. Le concept d'aire protégée a évolué de manière significative sous l'influence des notions de développement durable et de biodiversité (Chape *et al.* 2008) mais aussi avec l'avènement d'accords, de conférences internationales. En effet, on peut citer de façon chronologique le lancement du programme « Man and Biosphère » (M.A.B.) par l'Organisation des Nations Unies pour l'éducation, la science et la culture (UNESCO), la Conférence environnementale de Stockholm (1972), la ratification de la stratégie mondiale de la conservation

(1980), la Conférence des Nations Unies sur l'environnement et le développement, l'adoption de la Convention sur la diversité biologique (1992), le développement de la Commission mondiale des aires protégées (World commission on protected areas : W.C.P.A.) et bien d'autres congrès qui ont amené à la formulation de catégories spécifiques de gestion des aires protégées. Le concept d'aire protégée a ainsi évolué vers la définition proposée par l'U.I.C.N. qui a contribué à la création d'un système de classification reconnu internationalement. Une aire protégée est définie selon l'U.I.C.N. comme : « *un espace géographique clairement défini, reconnu, consacré et géré, par tout moyen efficace, juridique ou autre, afin d'assurer à long terme la conservation de la nature ainsi que les services écosystémiques et les valeurs culturelles qui lui sont associées* » (Conférence d'Almeria 2007 , Dudley 2008). À l'analyse de cette nouvelle définition, on remarque qu'en plus de l'action de conservation des ressources biologiques, les aires protégées doivent aussi garantir la préservation des valeurs culturelles.

La classification proposée par l'U.I.C.N. a amené à la détermination de six types d'aires protégées en fonction de leurs modalités de gestion (Annexe 3). Cette classification est une procédure qui remonte à 1994 et qui a été instaurée par la Commission mondiale des aires protégées (C.M.A.P.). Elle a pour objectif de démocratiser le principe d'aire protégée au niveau international.

La catégorie Ia est la réserve naturelle intégrale où la préservation et la gestion sont effectuées pour la recherche scientifique et/ou surveillance de l'environnement. Du point de vue juridique, c'est le décret du 31 décembre 1927 qui a instauré les premières réserves naturelles (Andriamampianina 1985). L'appellation "Réserve naturelle intégrale" n'a été adoptée qu'à partir de la Convention de Londres du 8 novembre 1933. La réserve naturelle intégrale implique une sauvegarde et une protection de la faune et de la flore. Dans cette zone, l'introduction d'espèces animales ou végétales, indigènes, importées, sauvages ou domestiquées y est strictement interdite. Il est aussi défendu de pénétrer, de circuler ou de camper sans autorisation

spéciale écrite des autorités compétentes. Même les recherches scientifiques ne peuvent être réalisées qu'avec la permission des autorités. La catégorie Ib est la zone de nature sauvage dont la gestion vise principalement à la protection de la nature. Selon l'U.I.C.N., ces zones sont de vastes aires intactes ou légèrement modifiées qui ont conservé leur caractère et leur influence naturelle, sans habitations humaines permanentes ou significatives, qui sont protégées et gérées afin de préserver leur état naturel. Bien que la protection de l'aire soit la préoccupation première, des accès sont accordés au public en veillant à ce qu'ils n'impactent pas le caractère 'sauvage' de l'aire. Si des communautés autochtones y vivent, il faut que leur style de vie ainsi que leurs valeurs culturelles et spirituelles ne soient pas modifiés. Les activités scientifiques et éducatives doivent avoir des impacts minimes dans le cas où leur réalisation ne peut être menée à l'extérieur de la zone (Dudley 2008). D'une manière générale, la catégorie Ib diffère de la catégorie Ia par sa taille, mais principalement par la présence de peuples autochtones. La catégorie II est le parc national qui correspond à une aire protégée gérée principalement pour la protection de l'écosystème et à des fins récréatives. Selon l'U.I.C.N. ces espaces sont mis en réserve pour préserver les processus écologiques à grande échelle. Cela inclut la protection des espèces et des écosystèmes qui sont des opportunités pour des visites de nature spirituelle, scientifique, éducative et récréative. La plus-value de cette aire protégée est que pour la préservation des écosystèmes, une gestion des territoires avoisinants peut-être menée. La catégorie III est le monument naturel qui est une aire protégée gérée principalement pour la conservation d'éléments naturels spécifiques. Le monument naturel réfère à tout élément topographique remarquable tel une montagne, une caverne sous-marine ou encore une caractéristique géologique comme une grotte ou une ancienne île reboisée. La détermination d'une aire en tant que monument naturel requiert au minimum les quatre conditions suivantes : la présence d'éléments naturels géologiques et géomorphologiques, des éléments naturels influencés par la culture, des sites naturels culturels et enfin des sites naturels avec une écologie associée. La catégorie IV

s'applique à des espaces où la stratégie de conservation est de nature interventionniste. Elle vise à la protection et à la restauration des habitats et des espèces par des méthodes actives de conservation (translocations d'espèces, réintroductions, élimination des invasifs, etc.). La catégorie V concerne la protection du paysage, terrestre ou marin, à des fins récréatives. Ces paysages résultent d'interactions biotiques, abiotiques et humaines. La catégorie VI correspond à une aire protégée principalement pour l'utilisation durable de ses ressources naturelles.

Annexe 2 : Arrêté de création de la Réserve naturelle nationale de la Caravelle (R.N.N.C.).



ARRETE

Arrêté du 2 mars 1976 portant création de la réserve naturelle dite "Presqu'île de la Caravelle" (Martinique)

Article 1

Est classée en réserve naturelle, conformément aux dispositions de l'article 8 bis de la loi du 2 mai 1930 susvisée, la partie de la presqu'île de la Caravelle (commune de Trinité, département de la Martinique) intéressant les parcelles cadastrales suivantes, telles qu'elles figurent au plan cadastral joint au présent arrêté (le plan peut être consulté à la préfecture de la Martinique) :

Section C, n° 40 P, 41 à 56, 60, 61, 63 à 67, 68 b, 69, 70 a, 71, 74, 75 et 78 P ;

Section D, n° 77 P,

soit une contenance totale approximative de 517 hectares.

Article 2

La réserve naturelle de la Caravelle ainsi définie est soumise aux interdictions et obligations énoncées dans les articles ci-après.

Article 3

L'exercice de la chasse est interdit en tout temps sur toute l'étendue de la réserve. Est notamment considéré comme un acte de chasse le passage sur le territoire de la réserve d'un ou de plusieurs chiens poursuivant un gibier lancé en dehors de ce territoire, lorsque leur maître a toléré leur action.

Article 4

La détention, le port ou le recel d'une arme à feu ou de munitions sont interdits sur toute l'étendue de la réserve. Ces dispositions ne sont pas applicables aux personnes mentionnées au titre 1er, livre 1er, du code de procédure pénale, dans l'exercice de leurs fonctions de police judiciaire.

Article 5

► Créé par Arrêté 1976-03-02 JORF 30 MARS 1976

L'exercice de la pêche est interdit en tout temps sur tout le territoire de la réserve.

Article 6

Il est interdit, sauf autorisation spéciale délivrée par le préfet de la Martinique :

D'introduire à l'intérieur de la réserve des oeufs ou des petits d'animaux d'espèces non domestiques, ou ces animaux eux-mêmes ;

De détruire ou d'enlever des oeufs, des couvées ou des nids, de blesser, de tuer ou d'enlever des animaux non domestiques ou, à l'intérieur ou à l'extérieur de la réserve dont ils proviennent, qu'ils soient vivants ou morts, de les transporter, de les colporter, de les mettre en vente, de les vendre ou de les acheter sciemment ;

De troubler ou de déranger sciemment des animaux non domestiques par des cris ou des bruits, des jets de projectiles ou de toute autre manière.

Article 7

Il est interdit, sauf autorisation spéciale délivrée par le préfet de la Martinique :

D'introduire à l'intérieur de la réserve dans un but autre qu'agricole ou forestier des graines, des semis, des plants, des greffons, des boutures ou des fructifications de végétaux quelconques ;

De détruire, de couper, de mutiler, d'anacher ou d'enlever, dans un but autre qu'agricole, des végétaux non cultivés ou leurs fructifications ou, que ce soit à l'intérieur ou à l'extérieur de la réserve dont ils proviennent, de les transporter, de les colporter, de les mettre en vente, de les vendre ou de les acheter sciemment.

Article 8

Il est interdit, sauf autorisation spéciale délivrée par le préfet de la Martinique :

De ramasser ou d'enlever des roches, des minéraux ou des fossiles et, que ce soit à l'intérieur ou à l'extérieur de la réserve dont ils proviennent, de les transporter, de les colporter, de les mettre en vente, de les vendre ou de les acheter sciemment ;

De détruire ou de dégrader, de quelque façon que ce soit, des gîtes géologiques, minéraux ou fossilifères.

Article 9

Le camping, le bivouac et toute autre forme d'hébergement ainsi que le stationnement des caravanes sont interdits. Cette interdiction ne s'applique toutefois pas au personnel de gardiennage ni aux personnalités scientifiques autorisées par le préfet de la Martinique à effectuer des observations.

Article 10

Il est interdit :

D'abandonner, de déposer ou de jeter en dehors des lieux spécialement désignés à cet effet des papiers, des boîtes de conserves, des bouteilles, des ordures ou des débris de quelque nature que ce soit ;

De porter ou d'allumer du feu ;

De troubler le calme et la tranquillité des lieux en utilisant un appareil de radio ou tout autre instrument sonore ;

De faire, par quelque procédé que ce soit, des inscriptions, des signes ou des dessins sur les pierres, les arbres ou tout autre bien meuble ou immeuble ;

D'amener ou d'introduire dans la réserve des chiens non tenus en laisse.

Article 11

En dehors de l'accès au château Dubuc par le chemin départemental n° 2, la circulation des véhicules à moteur est interdite sauf nécessité de service visant la surveillance, l'exploitation normale des fonds et la défense contre l'incendie.

Article 12

La circulation des personnes est interdite en dehors des sentiers spécialement désignés et balisés à cet effet.

Article 13

Tout travail public ou privé est interdit, sauf autorisation spéciale délivrée par le préfet de la Martinique. Cette autorisation ne saurait tenir lieu des autres autorisations requises par les lois et règlements en vigueur.

Toutefois, le ministère de l'équipement - service des phares et balises - pourra, sans autorisation préalable, procéder aux travaux de signalisation maritime nécessaires au maintien de la sécurité en mer, le directeur de la protection de la nature en étant préalablement informé au moins deux mois à l'avance, sauf urgence constatée.

Article 14

Toute activité industrielle ou commerciale est interdite.

Article 15

La publicité, quel que soit le moyen par lequel elle est effectuée, est interdite.

Article 16

Les décisions ou autorisations prévues aux articles 6, 7, 8, 9 et 13 ci-dessus sont prises ou données après avis du comité de gestion de la réserve.

Un arrêté du préfet fixera la composition de ce comité dont le directeur du parc naturel régional de la Martinique, les propriétaires intéressés et la commune de La Trinité seront membres de droit.

Le comité établit le règlement intérieur de la réserve. Il a la faculté d'évoquer toute question intéressant la réserve : il peut proposer toute mesure visant à l'application du texte de classement et du règlement intérieur ; il peut s'entourer en tant que de besoin de l'avis de personnalités techniques et scientifiques.

Article 17

Le directeur de la protection de la nature, le préfet de la Martinique et le maire de la commune de La Trinité sont chargés, chacun en ce qui le concerne, de l'exécution du présent arrêté, qui sera publié au Journal officiel de la République française.

Annexe 3 : Catégories de l'Union internationale pour la conservation de la nature (U.I.C.N.).

Tableau 21: Aires protégées classées par l' U.I.C.N. tiré de Dudley (2008).

Catégorie U.I.C.N.	Nom	Description
Ia	Réserve naturelle intégrale	Aire protégée gérée principalement à des fins scientifiques ou de protection des ressources sauvages
Ib	Zone de nature sauvage	Aire protégée gérée principalement à des fins de protection des ressources sauvages
II	Parc national	Aire protégée gérée principalement dans le but de protéger les écosystèmes et à des fins récréatives
III	Monument naturel	Aire protégée gérée principalement dans le but de préserver des éléments naturels spécifiques
IV	Aire de gestion des habitats ou des espèces	Aire protégée gérée principalement à des fins de conservation, avec intervention au niveau de la gestion
V	Paysage terrestre ou marin protégé	Aire protégée gérée principalement dans le but d'assurer la conservation de paysages terrestres ou marins et à des fins récréatives
VI	Aire Protégée de ressources naturelles gérée	Aire protégée gérée principalement à des fins d'utilisation durable des écosystèmes naturels

Annexe 4: Corpus de documents traitant de l'étude du Moqueur gorge-blanche (*R. brachyurus*).

Date	Titre	Auteurs	Organisme
1892	Catalogue of West indians birds	C. Cory	Amercian ornithologist
1907	The birds of North and Middle America part4	Ridgway	Smithonian museum
1976	Faune des Antilles françaises - Les oiseaux - Moqueur gorge-blanche	R Pinchon	MNHN
1994	Premiers résultats sur un suivi de l'avifaune de la Presqu'île de la Caravelle	A. G. Tayalay	AEVA
1996	Etude faisabilité mangouste	AEVA	AEVA
1999	Distribution spatiale	Tayalay	PNRM
2001	Molecular systematics and biogeography of antillean thrashers tremblers and mockingbirds Aves Mimidae	J Hunt E Bermingham R Ricklefs	Smithonian museum
2005	Measure to save the thrasher	D Anthony	NA
2006	Polymorphic microsatellite DNA markers for the white breasted thrasher <i>Ramphocinclus brachyurus</i>	L Jin J Temple J Hoffman S Shengjiang Tan W Amos	
2006	Dispersal, philopatry and intergroup relatedness: fine-scale genetic structure in the white-breasted thrasher, <i>Ramphocinclus brachyurus</i>	H J Temple J I Hoffman W Amos	University of Cambridge
2007	Suivi du Moqueur gorge-blanche et des autres oiseaux remarquables	NA	AOMA
2008	Oiseaux.net Moqueur gorge-blanche	D Le Dantec	Oiseaux.net
2009	Assessing the impact of tourist development in St-Lucia on the Endangered White-breasted Thrasher (<i>Ramphocinclus brachyurus</i>)	R L White	University of Brighton
2009	Group structure, mating system and extra-group paternity in the co-operatively breeding White-breasted Thrasher <i>Ramphocinclus brachyurus</i>	H J Temple J I Hoffman W Amos	University of Cambridge
2010	Potential impacts of tourist development in St-Lucia on the Endangered White-breasted Thrasher <i>Ramphocinclus brachyurus</i>	R P Young H G Young	Imperial college London
2012	Ethologie du Moqueur gorge-blanche <i>Ramphocinclus brachyurus</i>	T Lesales JRGD A G Tayalay	Cihence/PNRM
2012	Population responses of the Endangered White-breasted Thrasher <i>Ramphocinclus brachyurus</i> to a tourist development in St-Lucia	R L White T J N Baptiste Dornelly	University of Kent
2013	Mieux connaître la biodiversité 2	AG Tayalay	DEAL UAG
2013	Assessing the connectivity of the White-breasted Thrasher (<i>Ramphocinclus brachyurus</i>) populations	J Mortensen J Reed	Tufts University
2013	Mémoire K Jhonson	K Jhonson	UAG
2014	Data collecting using WSN for counting individuals and habitat characterization	N Dessart P Hunel	UAG
2014	Behavioural observations on the White-breasted thrasher conservation implications	JRGD T Lesales AG Tayalay	UAG AOMA
2014	Population connectivity of <i>Ramphocinclus brachyurus</i> across their global range	J Mortensen J Reed	Tufts University
2014	Life+Capdom	NA	PNRM
2014	France Antilles Moqueur gorge-blanche est-il bien protégé?	France Antilles	France Antilles
2014	Martinique 1ere Protégeons le moqueur à gorge blanche	Martinique 1ere	Martinique 1ere
2015	Informatique et ornithologie outils d'aide à la protection du moqueur gorge blanche	P Hunel J Priam JRGD N Dessart	UAG
2015	Population connectivity of <i>Ramphocinclus brachyurus</i> addendum	J Mortensen	Tufts University
2016	Population viability and vital rate sensitivity of an endangered avian cooperative breeder, the White-breasted thrasher (<i>Ramphocinclus brachyurus</i>)	J Mortensen J Reed	Tufts University
2016	Bilan d'activité de l'association le Carouge	NA	Association le Carouge

Annexe 5 : Codes couleurs employés pour le marquage des moqueurs gorge-blanche (*R. b. brachyurus*).

Tableau 22 : Code couleurs et identifiants physiques des marques pour les moqueurs gorge-blanche.

Individus	Patte gauche	Patte droite	Type de marque	Code Marque
MG001	jaune	bleu/jaune	Plastique	NA
MG002	jaune	bleu/rouge	Plastique	NA
MG003	jaune	bleu/orange	Plastique	NA
MG004	jaune	bleu/blanc	Plastique	NA
MG005	jaune	bleu/bleu	Plastique	NA
MG006	jaune	bleu/vert	Plastique	NA
MG007	rouge	bleu/jaune	Plastique	NA
MG008	rouge	bleu/rouge	Plastique	NA
MG009	rouge	bleu/orange	Plastique	NA
MG010	rouge	bleu/blanc	Plastique	NA
MG011	rouge	bleu/bleu	Plastique	NA
MG012	rouge	bleu/vert	Plastique	NA
MG013	0	blanc	Plastique	NA
MG014	orange	bleu/jaune	Plastique	NA
MG015	orange	bleu/rouge	Plastique	NA
MG016	orange	bleu/orange	Plastique	NA
MG017	vert	bleu/jaune	Plastique	NA
MG018	bleu	bleu/rouge	Plastique	NA
MG019	blanc	bleu/orange	Plastique	NA
MG020	vert	bleu/bleu	Plastique	NA
MG021	vert	bleu/orange	Plastique	NA
MG022	bleu	bleu/blanc	Plastique	NA
MG023	orange	bleu/vert	Plastique	NA
MG024	blanc	bleu/jaune	Plastique	NA
MG025	orange	rouge/jaune	Plastique	NA
MG026	vert	rouge/orange	Plastique	NA
MG027	jaune	blanc/orange	Plastique	NA
MG028	vert	bleu/rouge	Plastique	NA
MG029	orange	rouge/blanc	Plastique	NA
MG030	vert	rouge/jaune	Plastique	NA
MG031	vert	bleu/blanc	Plastique	NA
MG032	bleu/rouge	métal/blanc	Mixte	Bague Museum Paris – JA532387
MG033	blanc	bleu/vert	Plastique	NA
MG034	bleu	bleu/jaune	Plastique	NA
MG035	blanc	vert/rouge	Plastique	NA
MG036	jaune	vert/jaune	Plastique	NA

MG037	orange	vert/blanc	Plastique	NA
MG038	bleu	vert/orange	Plastique	NA
MG039	Perdu	Bleu-Bleu	Plastique	NA
MG040	Silver/Red	Vert	Métallique	S003- R002- G001
MG041	Silver/Pink	Orange	Métallique	S002- P001- O001
MG042	Gold/Red	Red	Métallique	G001- R001- R002
MG043	Gold/Violet	Violet	Métallique	G002- V001- V002
MG044	BleuC/Vert	Marron	Métallique	LB001- G001- M001
MG045	Violet/BleuM	Silver	Métallique	V003- BM001- S001
MG046	Pink/Vert	Silver	Métallique	P003- G003- S004
MG047	Bleu/Violet	Orange	Métallique	B002- P002- O003
MG048	BleuM/BleuC	Marron	Métallique	BM003- LB002- M002
MG049	Vert/Violet	Red	Métallique	G002- P001- R003
MG050	Orange/Gold	Pink	Métallique	O002- G003- P002
MG051	Vert/BleuM	BleuC	Métallique	G002- BM004- LB003
MG052	Vert/Gold	BleuC	Métallique	G003- G004- LB004
MG053	Silver/Orange	Violet	Métallique	S005- O004- P003
MG054	Gold/Marron	Violet	Métallique	G003- M003- P004
MG055	Gold/Silver	Orange	Métallique	G005- S006- O005

MG056	BleuC/Vert	Rose	Métallique	LB005- G004- P004
MG057	Orange/Vert	Rouge	Métallique	O006- G004- R004
MG058	Violet/Gold	Silver	Métallique	P004- G006- S007
MG059	Rouge/Orange	BleuClair	Métallique	R005- O007- LB008
MG060	Rose/BleuMarine	Vert	Métallique	P005- BM005- G005
MG061	Violet/Rose	Rouge	Métallique	
MG062	Marron/Rouge	Silver	Métallique	M004- R004- S002
MG063	-	Gold	Métallique	G004
MG064	Rouge/Vert	Orange	Métallique	R006- G005- O008
MG065	BleuM/Silver	Vert	Métallique	BM007- S003- G006
MG066	Violet/Vert	Rouge	Métallique	P005- G006- R007
MG067	Violet/Or	Orange	Métallique	P006- G007- O010
MG068	Rouge/Vert	Violet	Métallique	R008- G010- P007
MG069	Marron/Rouge	Gold	Métallique	M006- R005- G005

Annexe 6 : Conception de l'indice de masse échelonnée

Analyse en composantes principales (A.C.P.)

Tableau 23: Valeurs propres, pourcentage de variance et pourcentage de variance cumulée pour les caractères étudiés,

	Valeur propre	Pourcentage de variance	Pourcentage de variance cumulée
Comp. 1	1,74	43,41	43,41
Comp. 2	0,96	24,07	67,48
Comp. 3	0,72	18,08	85,56
Comp. 4	0,58	14,44	100,00

Selon le critère du coude, nous ne retenons que les axes qui se situent avant le décrochement (coude), car ils sont ceux qui permettent de conserver la plus grande part d'inertie du nuage. Ainsi, nous avons choisi de sélectionner les deux premiers axes pour constituer le plan factoriel. Ces derniers expliquent 67,48% de l'inertie totale du nuage de points.

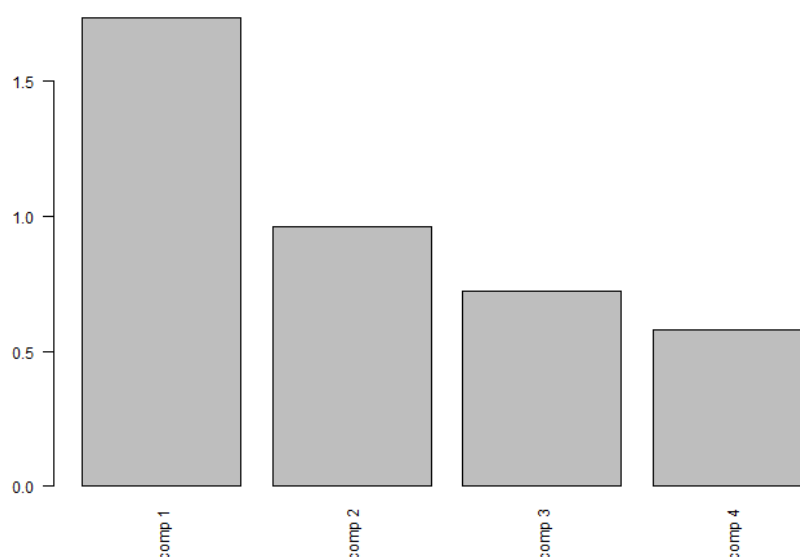


Figure 37: Graphique des éboulis de l'ACP.

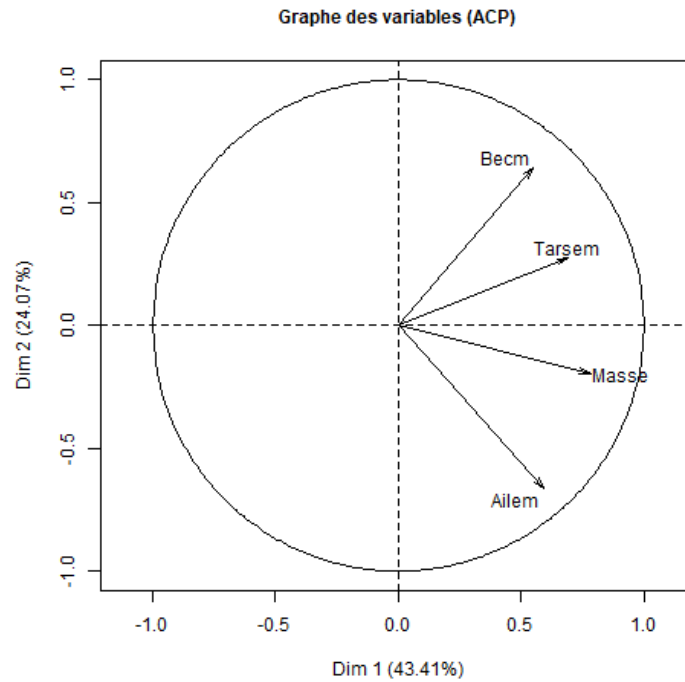


Figure 38: Cercle des corrélations sur les deux premiers axes. Tarsem représente les longueurs moyennes de Tarses. Masse représente les Masse moyennes Beem représente les longueurs moyennes de Becs. Ailem représente les longueurs moyennes d'ailes.

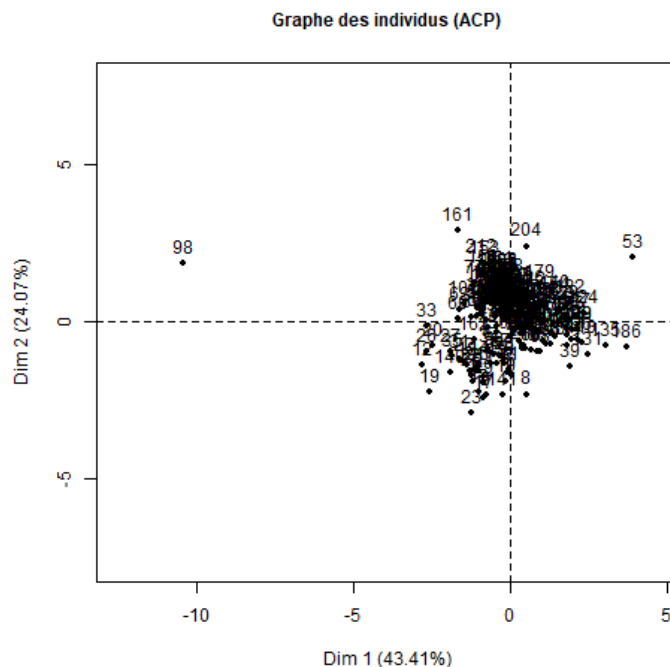


Figure 39: Carte des individus sur les deux premiers axes. Chaque individu est représenté par son numéro d'identifiant. Les variables les mieux représentés sont celles qui sont proches du cercle des corrélations. C'est le cas de la Masse et l'Ailem. Sur l'axe 1 les variables sont plutôt bien corrélées entre elles. Selon l'axe 2, ces deux

ensembles de variables s'opposent ce sont Masse et Ailem qui s'opposent à Tarsem et Becm. L'angle droit formé par l'ensemble Ailem et Becm indique qu'ils ne sont pas autocorrélés.

Condition corporelle

Dans une dynamique de complétion de nos analyses, la condition corporelle pour les moqueurs gorge-blanche a été estimée par le calcul de l'indice de masse mise à l'échelle. Cet indice a été présenté comme un indicateur fiable de la quantité relative de réserves énergétiques (Peig and Green, 2009, 2010). La condition corporelle peut-être définie comme le capital énergétique accumulé dans le corps résultant de la nutrition. Ainsi, il est supposé comme étant un indicateur de la santé et de la qualité d'un individu (Peig and Green, 2009). Cet indice est supposé comme étant un bon prédicteur du fitness et les comparaisons entre habitats peuvent apporter d'importantes informations pour la gestion.

Il se calcule de la façon suivante : indice de masse : $\widehat{M}_i = M_i \left[\frac{L_0}{L_i} \right]^{b_{SMA}}$ (Peig et Green, 2009).

Dans cette relation M_i et L_i sont la masse corporelle et la longueur mesurée d'un caractère squelettique pour un individu i , b_{SMA} est la mise à l'échelle exponentielle estimée par la régression d'axe majeur standard (SMA) entre la masse M et la longueur L , L_0 est la valeur moyenne du caractère squelettique considéré de la population étudiée (il s'agit d'une valeur arbitraire). \widehat{M}_i est prédite pour un individu i quand la mesure corporelle est L_0 (Peig et Green, 2009). Cet indice permet la comparaison entre les différents groupes d'individus définis par leur site de capture.

Annexe 7: Données biométriques historiques de spécimens de Moqueur gorge-blanche.

Tableau 24: Tailles d'échantillons, étendue et moyennes de mesures (mm) pour le Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) présentés par Vieillot en 1818 (Ridgway, 1907).

	Mâles			Femelles		
	n	Min-max	\bar{x}	n	Min-max	\bar{x}
Longueur de l'aile	6	92– 100	96,5	5	95 - 106	98,4
Longueur de la queue	6	72 – 85	77,3	5	70 – 84,5	77,2
Longueur du tarse	6	29 – 31,5	30,2	5	29 - 31	29,9

Tableau 25: Tailles d'échantillons, étendues, moyennes et écart-types de mesures (mm) pour le Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) présentés par Storer en 1989.

	Mâles				Femelles			
	n	Min-max	\bar{x}	SD	n	Min-max	\bar{x}	SD
Longueur de l'aile	16	91,3 – 102,3	96,11	3,77	9	89,4 – 105,0	95,67	4,33
Longueur de la queue	13	69,2 – 83,6	76,11	4,86	9	69,0 – 82,7	75,60	5,05
Longueur du tarse	16	29,1 – 32,3	30,81	1,01	10	29,6 – 31,7	30,52	0,67
Taille du Culmen	9	27,3 – 30,7	29,22	0,99	5	26,0 – 28,6	27,58	1,6
Pointe du bec à la narine	17	16,0 – 19,4	17,99	0,87	10	16,2 – 20,6	17,83	1,22

Annexe 8 : Prises de mesures morphologiques



Figure 40: Mesure de l'aile pliée. Dessin extrait de Baldwin *et al.* (1931).

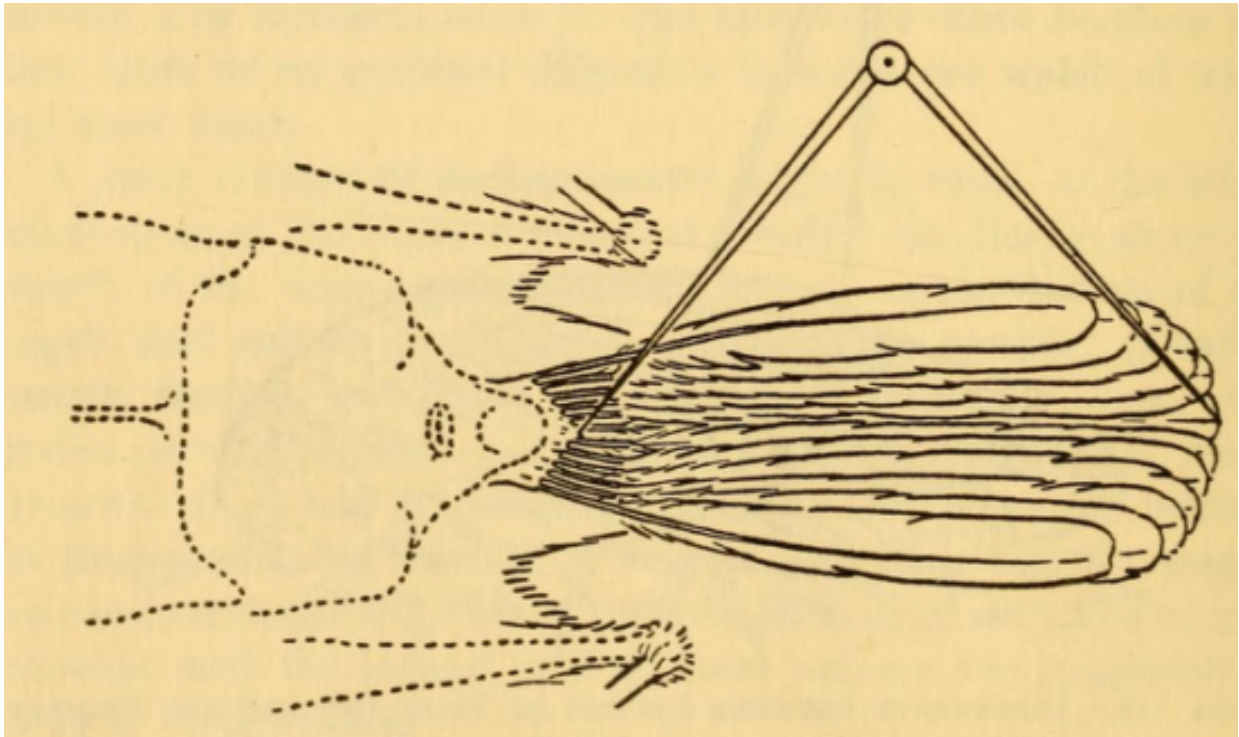


Figure 41: Mesure de la longueur de la queue. Dessin extrait de Baldwin *et al.* (1931).

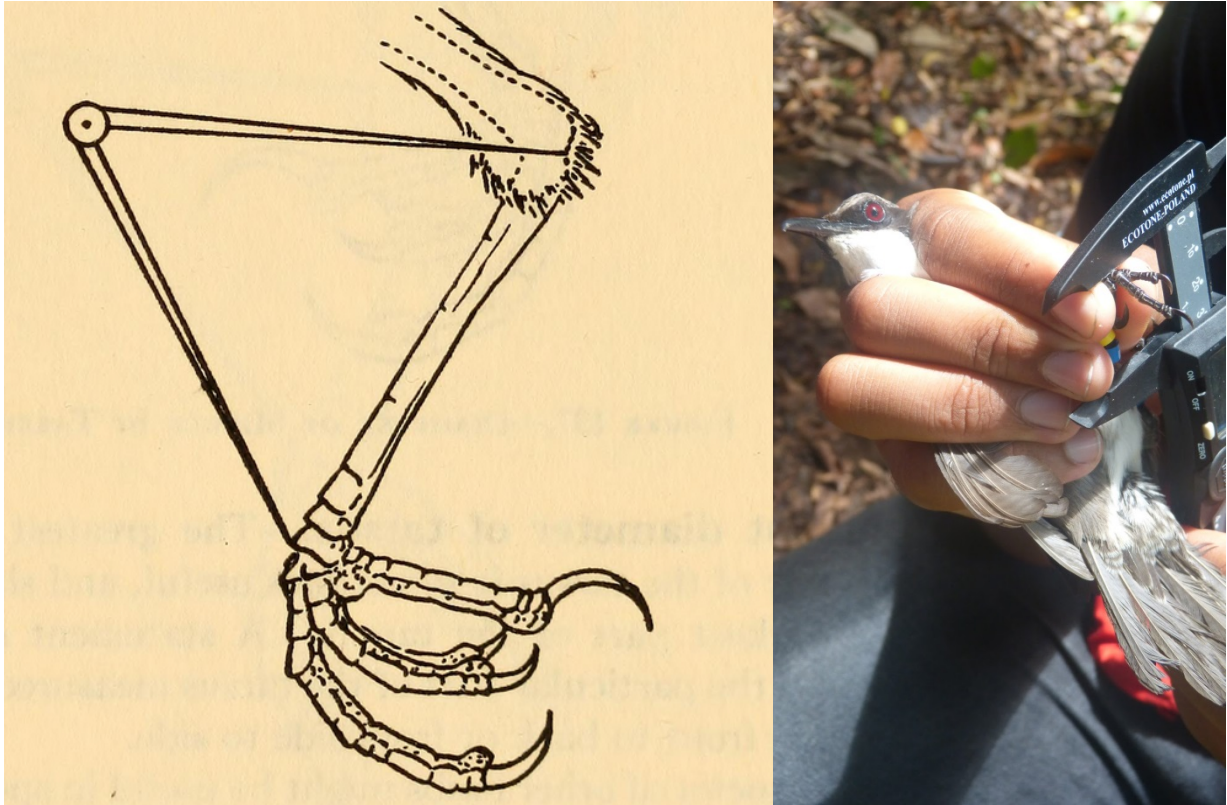


Figure 42: Mesure de la longueur du tarse. Dessin extrait de Baldwin *et al.* (1931).

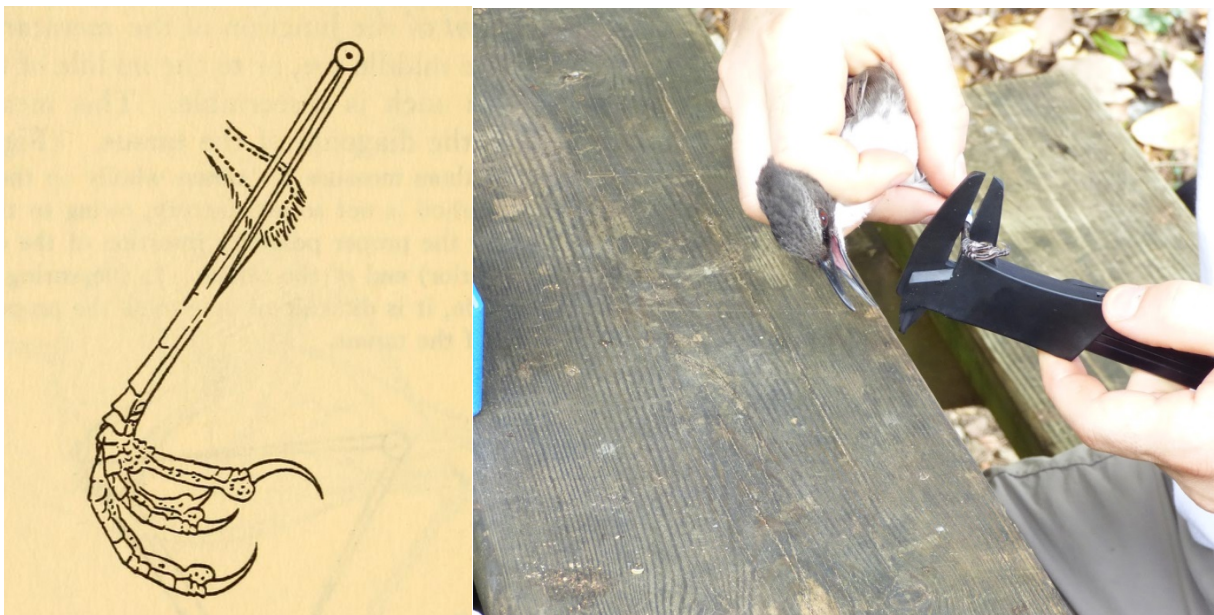


Figure 43: Mesure de l'épaisseur du tarse. Dessin extrait de Baldwin *et al.* (1931).

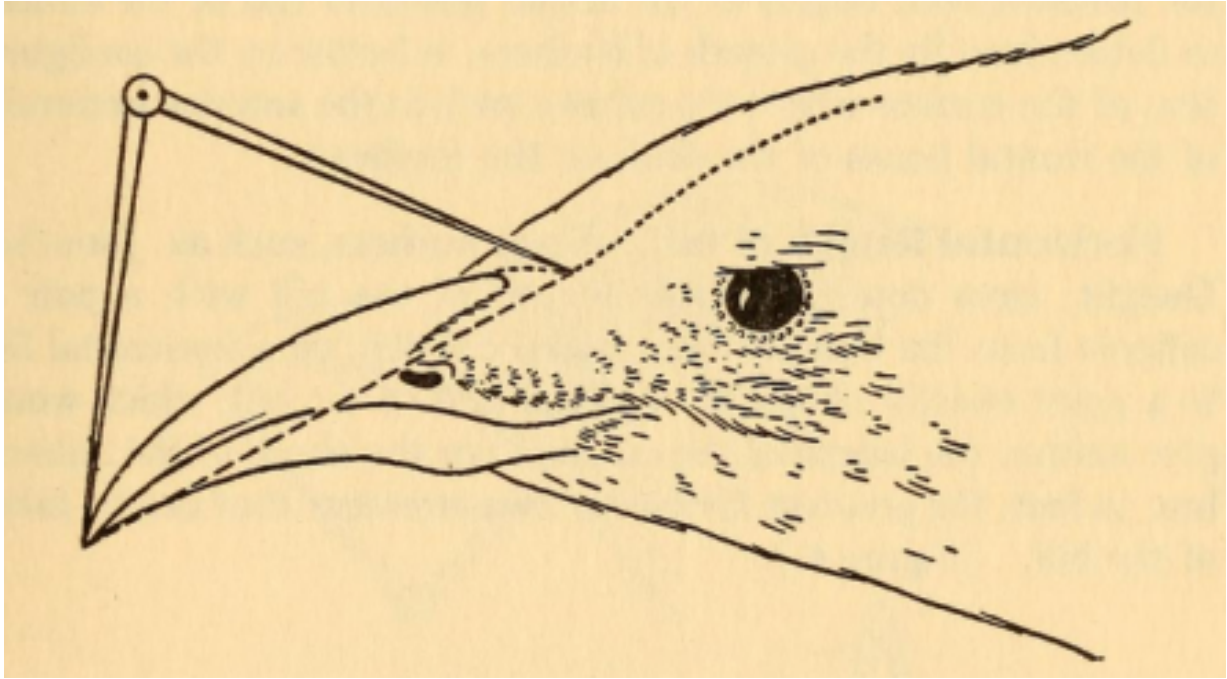


Figure 44 : Mesure de la longueur du bec ('Culmen'). Dessin extrait de Baldwin *et al.* (1931).

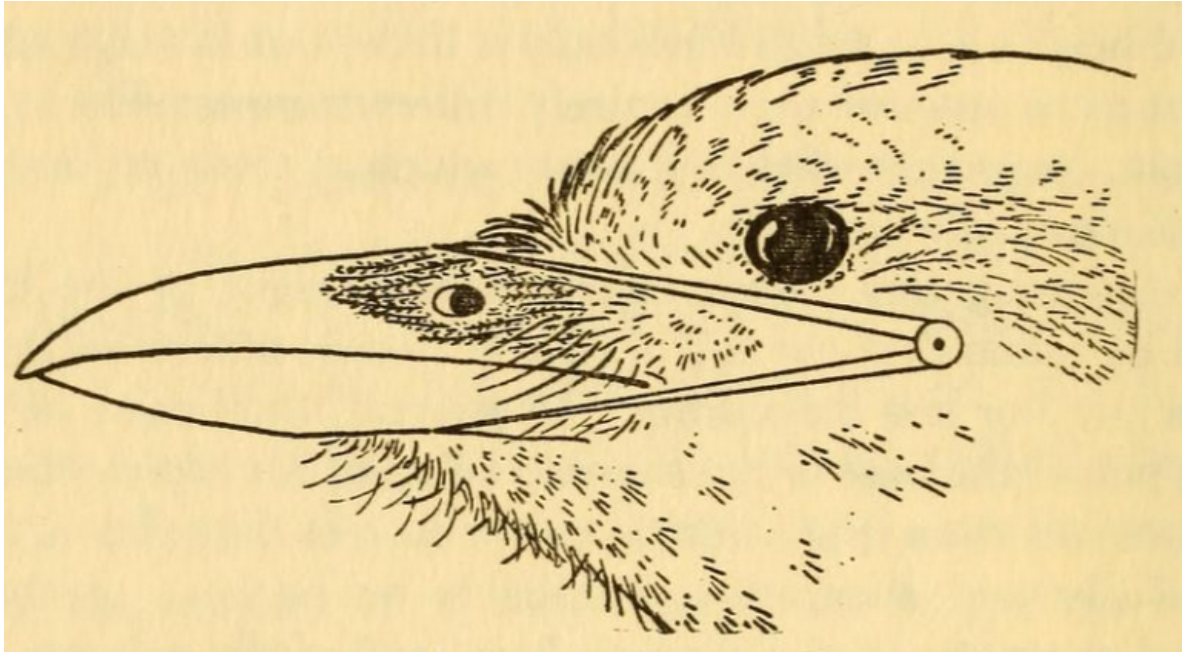


Figure 45: Mesure de la hauteur du bec au niveau de la narine. Dessin extrait de Baldwin *et al.* 1931.

Annexe 9 : Données de captures pour le Moqueur gorge-blanche par Son *et al.* (2016-2018).

Individus	Experimentateur	Lieu	GPS	Date	Heure	TarseD1	TarseD2	EpaisseurTD1	EpaisseurTD2	Bec long1	Bec long2	Bec haut1	Bec haut2	Tete1	Tete2
MG001	S.M/S.M/S.S/T.A	Château Dubuc	14°46'06,826"N - 60°53'23.664"W	10.02.2016	15H03	28,06	29,22	2,97	2,57	18,72	18,71	6,11	6,19	52,76	52,34
MG002	S.M/S.M/S.S/T.A	Château Dubuc	14°46'05,92"N - 60°53'20,14"W	11.02.2016	09H26	30,4	30,35	2,95	3	20,03	20,47	6,02	5,8	52,98	52,87
MG003	S.M/S.M/S.S/T.A	Château Dubuc	14°46'05,92"N - 60°53'20,14"W	11.02.2016	09H58	32,16	32,4	3,43	3,5	22,44	22,5	6,93	6,94	54,77	54,8
MG004	S.M/S.M/S.S/T.A	Château Dubuc	14°46'05,92"N - 60°53'20,14"W	11.02.2016	11H35	30,48	30,7	2,51	2,57	20,36	20,76	6,31	6,13	55,56	55,86
MG005	S.M/S.M/S.S/T.A	Château Dubuc	14°46'05,92"N - 60°53'20,14"W	12.02.2016	08H13	30,95	30,63	3,28	3,25	19,23	19,18	6	5,87	50,65	51,3
MG006	S.M/S.M/S.S/T.A	Château Dubuc	14°46'05,92"N - 60°53'20,14"W	12.02.2016	08H55	31,96	30,83	3,44	3,62	19,6	19,72	5,7	5,49	53,5	52,9
MG007	S.M/S.M/S.S/T.A	Château Dubuc	14°46'05,92"N - 60°53'20,14"W	12.02.2016	10H09	31,2	31,55	2,99	2,85	19,83	20,09	5,87	5,76	53,21	53,15
MG008	S.M/S.M/S.S/T.A	Château Dubuc	14°46'05,92"N - 60°53'20,14"W	13.02.2016	10H15	29,93	29,82	3,64	3,4	20,62	20,75	6,28	6,35	55,86	54,81
MG009	S.M/S.M/S.S/T.A	Château Dubuc	14°46'05,92"N - 60°53'20,14"W	14.02.2016	07H40	28,26	28,72	3,16	3,18	18,26	19	6,34	6,24	51,81	52,33
MG010	S.M/S.M/S.S/T.A	Château Dubuc	14°46'05,92"N - 60°53'20,14"W	16.02.2016	08H20	31,5	30,86	3,4	3,75	18,63	18,07	5,95	5,9	52,66	52,9
MG011	S.M/S.M/S.S/T.A	Château Dubuc	14°46'05,92"N - 60°53'20,14"W	16.02.2016	13H49	31,31	31,34	2,77	2,77	19,1	19,39	6,3	6,17	53,02	53,11
MG012	S.M/S.M/S.S	Anse Spoutourne	14°44'37,99"N - 60°54'33,50"W	18.02.2016	07H55	28,16	28	2,66	2,74	17,11	17,35	5,72	5,78	48,6	48,86
MG013	S.M/S.M/S.S	Anse Spoutourne	14°44'37,99"N - 60°54'33,50"W	18.02.2016	15H27	28,48	28,33	2,9	2,98	20,28	19,97	6,12	6,09	54,5	54,71
MG014	S.M/S.M/S.S	Anse Spoutourne	14°44'37,99"N - 60°54'33,50"W	18.02.2016	16H00	29,6	29,28	2,91	2,81	18,95	18,69	5,99	6,02	51,55	51,41
MG015	S.M/S.M/S.S	Anse Spoutourne	14°44'37,99"N - 60°54'33,50"W	18.02.2016	16H09	31,13	31,12	2,72	2,72	18,93	18,9	6,13	6,18	51,69	52
MG016	S.S/S.R	Morne Pavillon	14°45'14,82"N - 60°55'03,06"W	07.03.2016	07H10	29,89	29,49	3,21	2,99	18,54	18,97	6,04	6	52,5	52,49
MG017	S.S/S.R	Morne Pavillon	14°45'14,79"N - 60°55'04,54"W	08.04.2016	10H10	29,07	29,21	3,55	3,37	18,47	18,03	5,44	5,26	51,04	51,29
MG018	S.S/S.R	Morne Pavillon	14°45'15,38"N - 60°55'04,03"W	11.04.2016	08H50	30,42	30,23	3,08	3,06	17,19	17,4	5,46	5,32	50,06	50,09
MG019	S.S/S.R	Morne Pavillon	14°45'15,38"N - 60°55'04,93"W	11.04.2016	11H40	27,27	27,25	2,75	2,84	17,74	17,28	6	5,94	48,76	48,51
MG020	S.S/S.R	Morne Pavillon	14°45'14,22"N - 60°55'02,76"W	15.04.2016	09H00	28,85	28,63	2,93	2,7	18,23	18,59	5,68	5,79	50,59	50,6
MG021	S.S/S.R	Morne Pavillon	14°45'14,22"N - 60°55'02,76"W	15.04.2016	09H00	29,4	29,67	3	2,72	19,57	19,23	6,01	5,92	52,52	52,23
MG022	S.S/S.R	Morne Pavillon	14°45'14,11"N - 60°55'03,48"W	15.04.2016	10H30	28,21	28,4	3,13	3,29	19,92	19,85	6,59	6,56	53,43	53,98
MG023	S.S/S.R	Morne Pavillon	14°45'14,22"N - 60°55'02,16"W	18.04.2016	11H40	27,72	27,79	2,99	2,99	18,59	18,25	5,96	5,92	50,72	50,31
MG024	S.S/S.R	Morne Pavillon	14°44'31,25"N - 60°54'41,01"W	21.04.2016	09H30	30,31	30,05	2,78	2,58	18,31	18,68	5,77	5,84	51,12	51,5
MG025	S.S/S.R	Morne Pavillon	14°45'11,97"N - 60°55'03,96"W	25.04.2016	08H20	29,29	29,58	2,83	2,4	18,7	19,06	5,83	5,84	53,7	53,75
MG026	S.S/S.R	Anse Spoutourne	14°44'39,38"N - 60°54'41,54"W	28.04.2016	10H30	28,82	28,58	2,92	2,73	18,41	18,54	5,75	5,69	52,78	52,2
MG027	S.S/S.R	Anse Spoutourne	14°44'39,20"N - 60°54'41,46"W	28.04.2016	12H20	29,67	29,25	2,82	2,78	19,23	19,15	5,33	5,88	50,6	50,68
MG028	S.E./S.S	Morne Pavillon	14°45'14,09"N - 60°55'03,62"W	02.05.2016	09H15	31,3	31,14	3,71	3,79	20,76	19,65	6,07	5,92	53,34	53,7
MG029	S.M./M.M./S.S./A.T.	Château Dubuc	14°46'06,978"N - 60°53'19,346"W	09.05.2016	07H52	30,59	30,16	3,11	3,08	18,3	18,49	6,21	6,02	52,23	52,42
MG030	S.M./M.M./S.S./A.T.	Château Dubuc	14°46'11,933"N - 60°53'13,179"W	10.05.2016	11H27	31,28	31	2,46	2,3	23,45	23,5	5,98	5,92	54,88	55,19
MG031	S.M./M.M./S.S./A.T./B.A.H.	Château Dubuc	14°46'11,933"N - 60°53'13,179"W	10.05.2016	12H15	28,96	28,88	2,94	2,82	19,44	19,56	6,95	6,77	52,88	52,99
MG032	S.M./M.M./S.S./A.T.	Anse Spoutourne	14°44'41,333"N - 60°54'41,112"W	11.05.2016	08H35	29,45	29,04	2,99	3,02	19,5	19,4	6,16	5,88	52,49	52,42
MG033	S.M./M.M./S.S./A.T.	Anse Spoutourne	14°46'11,223"N - 60°55'14,388"W	11.05.2016	13H00	29,19	29,05	2,55	2,54	18,77	18,65	6,09	6,06	51,79	51,76
MG034	S.M./M.M./S.S.	Anse Spoutourne	14°44'41,132"N - 60°54'41,63"W	12.05.2016	10H05	29,59	29,58	3,09	3,03	21,09	21,36	6,39	6,38	54,69	54,5
MG035	S.M./M.M./S.S./M.R.	Anse Spoutourne	14°46'03,303"N - 60°53'16,429"W	12.05.2016	13H40	29,3	29,66	2,67	2,59	18,6	18,66	6,25	6,17	51,83	52
MG036	S.M./M.M./S.S./M.R./A.T./M.T./T.L.	Château Dubuc	14°46'10,029"N - 61°53'22,671"W	13.05.2016	08H05	29,9	30,1	3,1	2,99	27,4	27,52	6,13	6,25	52,35	52,74
MG037	M.M./S.M./T.L.	Château Dubuc	14°46'09,368"N - 60°53'23,746"W	14.05.2016	07H35	29,98	29,57	3,06	3	25,85	26,1	6,37	6,17	35,41	35,47
MG038	M.M./S.M./T.L.	Château Dubuc	14°46'12,612"N - 60°53'12,661"W	15.05.2016	07H40	30,07	30,08	2,84	2,75	23,52	23,85	5,67	5,74	52,21	52,21

Individus	Experimenta	AileD1	AileD2	Queue1	Queue2	Masse	Tubes	Age
MG001	S.M/S.M/S.S	9,8	9,8	8,7	8,6	46,3	MG001A-MG	2
MG002	S.M/S.M/S.S	9,8	9,8	8,9	8,9	45,2	MG002A-MG	-2
MG003	S.M/S.M/S.S	9,9	9,9	9,8	9,8	45,2	MG003A-MG	2
MG004	S.M/S.M/S.S	9,6	9,5	8,8	8,8	45,6	MG004A-MG	-2
MG005	S.M/S.M/S.S	9,9	9,8	9,7	9,7	48	MG005A-MG	2
MG006	S.M/S.M/S.S	10,1	10,1	9,8	9,8	45,6	MG006A-MG	2
MG007	S.M/S.M/S.S	9,2	9,1	8,2	8,1	48,9	MG007A-MG	-2
MG008	S.M/S.M/S.S	10,2	10,3	11,8	11,7	50,2	MG008A-MG	2
MG009	S.M/S.M/S.S	9,9	10	11,6	11,7	48,4	MG009A-MG	-2
MG010	S.M/S.M/S.S	10	10,1	7,8	7,8	NA	MG010A-MG	2
MG011	S.M/S.M/S.S	10	9,8	9,5	9,5	46,8	MG011A-MG	-2
MG012	S.M/S.M/S.S	9,5	9,4	7,5	7,9	40,5	MG012A-MG	-2
MG013	S.M/S.M/S.S	10,1	10,2	11	11,2	44,8	MG013A-MG	2
MG014	S.M/S.M/S.S	9,5	9,5	10,5	10,3	47,8	MG014A-MG	2
MG015	S.M/S.M/S.S	9,8	9,7	8,9	8,8	45,9	MG015A-MG	-2
MG016	S.S/S.R	9,7	9,7	10,5	10,6	46	MG016A-MG	2
MG017	S.S/S.R	10,1	10,2	10,2	10,3	45,1	MG017A-MG	2
MG018	S.S/S.R	9,6	9,6	10,5	10,6	43,5	MG018A-MG	2
MG019	S.S/S.R	9,8	10	9,7	9,6	40,6	MG019A-MG	2
MG020	S.S/S.R	9,2	9,2	9,4	9,2	42,1	MG020A-MG	-2
MG021	S.S/S.R	9,8	9,8	9,1	9,2	44,1	MG021A-MG	2
MG022	S.S/S.R	9,4	9,5	9,2	9,2	46,9	MG022A-MG	2
MG023	S.S/S.R	10,4	10,3	9,4	9,5	44,3	MG023A-MG	2
MG024	S.S/S.R	9,9	9,9	9	8,8	44,5	MG024A-MG	2
MG025	S.S/S.R	9,8	9,9	9,3	9,5	43,7	MG025A-MG	-2
MG026	S.S/S.R	9,3	9,5	8,6	8,5	39,4	MG026A-MG	-2
MG027	S.S/S.R	9,4	9,6	8,5	8,7	41,5	MG027A-MG	-2
MG028	S.E./S.S	9,8	9,8	9,5	9,7	46,1	MG028A-MG	-2
MG029	S.M./M.M./S	10,2	10	9,9	9,8	42,6	MG029A-MG	2
MG030	S.M./M.M./S	9,9	9,8	9,7	9,6	43,1	MG030A-MG	2
MG031	S.M./M.M./S	9,5	9,5	9,7	9,5	44,4	MG031A-MG	-2
MG032	S.M./M.M./S	9,8	9,8	9,3	9,4	43,9	MG032A-MG	2
MG033	S.M./M.M./S	8,9	8,9	7,9	7,8	41,9	MG033A-MG	-2
MG034	S.M./M.M./S	9,6	9,4	8,7	8,9	48	MG034A-MG	2
MG035	S.M./M.M./S	9,5	9,5	8,5	8,6	42,1	MG035A-MG	-2
MG036	S.M./M.M./S	9,6	9,6	9,6	9,5	46,4	MG036A-MG	2
MG037	M.M./S.M./T	9,5	9,6	9,4	9,3	40,3	MG037A-MG	2
MG038	M.M./S.M./T	10,1	10,2	9,7	9,6	44	MG038A-MG	2

Annexe 10 : Distribution des tailles de becs.

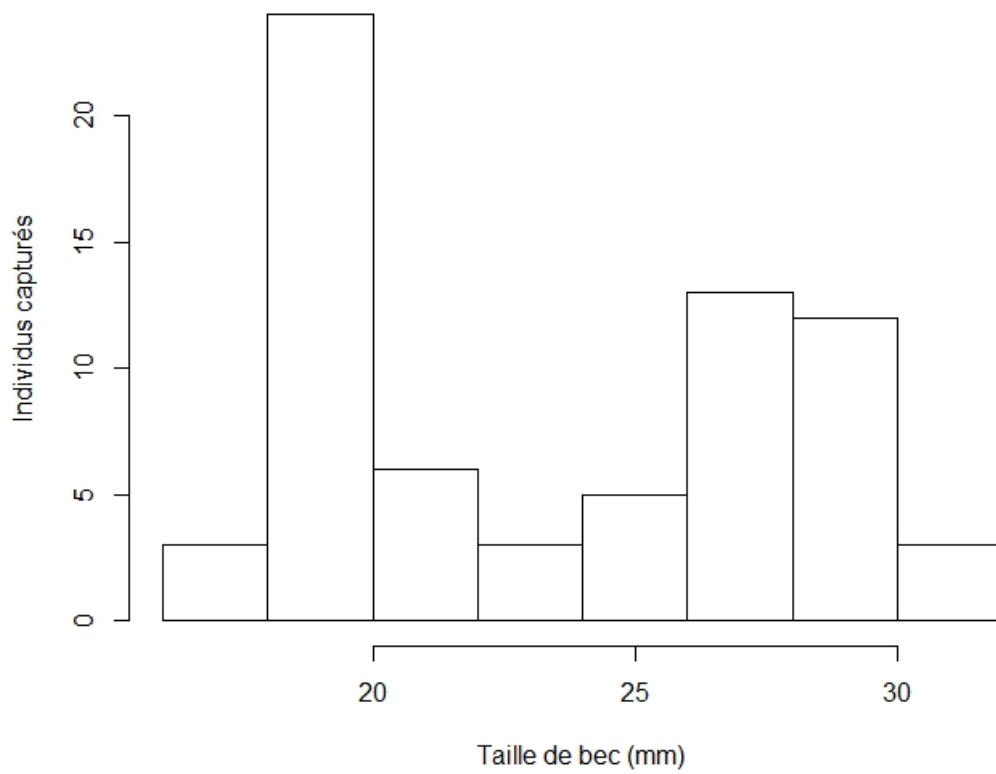


Figure 46: Distribution des tailles de bec (mm) en fonction des individus capturés.

Annexe 11 : Données de captures de Tayalay *et al.* (1994-2005) et de Belfan et Condé (2006-2015).

Tableau 26: Jeu de données de Tayalay *et al.* (1994-2005).

Identifiant	Experiment	Lieu	Date	Heure	codeG	codeD	Masse	Tarsem	Becm	Ailem
448844	TaG	Chateau_Du	09.09.1995	NA	blanc/orange	0	46	31	28	98
448844	TaG	Anse_Spout	13.04.1996	NA		0	47	31	29	103
SA946251	TaG	Anse_Spout	26.02.2000	8H25	museum	vert/jaune	47.8		31 28.8	92
SA946901	TaG	Anse_Spout	28.11.2002	NA		0	47	30	30	91
0	TaG	Anse_Spout	28.11.2002	NA	bleu/orange	rouge/rouge	46	29	30	93
SA946201	TaG	Anse_Spout	28.11.2002	NA	bleu/orange	vert/metal	45.5	30	31	97
JA501396	TaG	Anse_Spout	08.05.2004	8H00	vert.pomme	metal	45	31	30.4	97
JA501397	TaG	Anse_Spout	08.05.2004	8H00	bleu.clair	violet/metal	42	30	28.5	91
JA501386	TaG	Anse_Spout	06.02.1999	8H00		vert/rouge	47	29	29	98
SA940711	TaG	Anse_Spout	06.02.1999	9H05		vert/museum	48	28.5	27.6	95
JA501384	TaG	Anse_Spout	06.02.1999	9H30		rouge	NA	30	29.4	95
SA836896	TaG	Anse_Spout	16.01.1999	7H30	orange		0	46	30 28.3	96
SA836897	TaG	Anse_Spout	16.01.1999	NA	vert		0	NA	30 27.4	90
JA501383	TaG	Anse_Spout	21.01.1999	7H59	blanc		0 43.5	29	28	95
JA501384	TaG	Anse_Spout	21.01.1999	7H59		0 rouge	45.5	30	29.4	94
JA501386	TaG	Anse_Spout	21.01.1999	8H50		0 vert/rouge	46.2	30	29.8	99
SA946276	TaG	Anse_Spout	02.05.2004	8H15	bleu.clair	metal/bleu.f	44	30	28.8	93
SA946270	TaG	Anse_Spout	01.05.2004	9H30	bleu	metal/bleu	50	29	27.8	93
SA946271	TaG	Anse_Spout	01.05.2004	9H30	bleu	metal/rouge	44	30	27.5	93
SA946201	TaG	Anse_Spout	02.12.2003	8H30	bleu/orange	vert/metal	46	30	30.3	95
SA946260	TaG	Anse_Spout	02.12.2003	8H40	violet	metal/violet	45	29.5	30.4	100
SA946262	TaG	Anse_Spout	02.12.2003	9H00	vert.pomme	metal/vert.p	48	30	28.6	98
JA501386	TaG	Anse_Spout	03.11.2001	7H45	vert/rouge	metal	45.5	30	30.3	98
SA946201	TaG	Anse_Spout	03.11.2001	8H40	bleu/orange	metal	43	30	29.3	98
SA946202	TaG	Anse_Spout	03.11.2001	8H45	blanc/bleu	metal	49	30	28.2	93
SA940711	TaG	Anse_Spout	31.03.1999	7H30		vert.fonce.alu	46	28	28.7	95
SA940715	TaG	Anse_Spout	31.03.1999	8H10		blanc.alu	46	30	30.4	92
SA940708	TaG	Anse_Spout	31.03.1999	8H10		orange/rouge	46.5	31	30	100
3284101	TaG	Anse_Spout	31.03.1999	9H10		NA	19	20	21.3	76
SA946252	TaG	Anse_Spout	26.02.2000	9H05	museum	rouge/jaune	46	30	29.6	97
SA946240	TaG	Anse_Spout	05.02.2000	7H45	museum	jaune	48	30	29.9	100
SA946231	TaG	Anse_Spout	29.01.2000	6H45	rouge/muse	vert/rouge	47.5	30	28.5	95
SA946242	TaG	Anse_Spout	05.02.2000	9H35	museum	rouge/jaune	47	30	29.9	91
SA946244	TaG	Anse_Spout	06.02.2000	10H50	museum	orange/jaun	51	30	27.4	96
SA946245	TaG	Anse_Spout	07.02.2000	11H30	museum	blanc/jaune	46	30	30	93
SA940707	TaG	Anse_Spout	28.01.1999	NA	blanc/rouge		0 47.2	30	29.5	92
SA940708	TaG	Anse_Spout	28.01.1999	NA	orange/roug		0	51	32	30 99
SA946285	TaG	Anse_Spout	04.01.2005	8H00	vert.clair/mu	vert.fonce	42.5	28	29	93
SA94686	TaG	Anse_Spout	04.01.2005	8H00	vert.clair/bl	orange/musi	45	31	29.5	91
JA264957	TaG	Chateau_Du	18.05.1995	NA	mauve	rose.clair	50	31	33	103
JA264937	TaG	Chateau_Du	14.04.1995	NA	bleu.pale		0	50	32	30 104
JA264937	TaG	Chateau_Du	21.07.1995	NA	bleu.pale		0	50	31	31 103
JA264938	TaG	Chateau_Du	14.04.1995	NA	rose.fonce		0	45	31	32 97
JA264938	TaG	Chateau_Du	13.05.1995	NA	rose.fonce		0	40	30	32 97
JA264939	TaG	Chateau_Du	14.04.1995	NA			0	45	30	29 95
JA264954	TaG	Chateau_Du	17.05.1995	NA	noir	rouge	50	31	32	102
JA264955	TaG	Chateau_Du	17.05.1995	NA	mauve	vert.clair	50	30	31	101
JA264956	TaG	Chateau_Du	17.05.1995	NA	mauve	rouge	45	31	31	99
JA264957	TaG	Chateau_Du	18.05.1995	NA	mauve	rose.clair	50	31	33	103
JA264959	TaG	Chateau_Du	19.05.1995	NA	rose.clair	rouge	NA	NA	NA	NA
JA264984	TaG	Chateau_Du	11.06.1995	NA	blanc	vert.fonce	48	31	25	93
JA264984	TaG	Chateau_Du	21.07.1995	NA	blanc	vert.fonce	50	31	30	95
JA264988	TaG	Chateau_Du	21.07.1995	NA	mauve	orange	50	33	30	97
JA264989	TaG	Chateau_Du	21.07.1995	NA	jaune	noir	50	32	30	97
JA264991	TaG	Chateau_Du	21.07.1995	NA	bleu.fonce	rose.fonce	50	33	31	100
JA264994	TaG	Chateau_Du	21.07.1995	NA	bleu.clair	mauve	48	30	32	103
JA448835	TaG	Chateau_Du	22.05.1994	NA		0 rouge	47	31	31	95
JA448836	TaG	Chateau_Du	22.05.1994	NA	mauve		0	55	31	31 97
JA448836	TaG	Chateau_Du	21.07.1995	NA	mauve		0	45	31	32 99
JA448837	TaG	Chateau_Du	22.05.1994	NA		0 bleu	50	31	33	99
JA448838	TaG	Chateau_Du	22.05.1994	NA		0 orange	47	31	33	104
JA448838	TaG	Chateau_Du	30.07.1995	NA		0 orange	50	31	32	107
JA448839	TaG	Chateau_Du	22.05.1994	NA		0 blanc	45	29	31	92
JA448840	TaG	Chateau_Du	22.05.1994	NA		0 rose	50	30	33	103
JA448840	TaG	Chateau_Du	09.06.1995	NA	rose		0	50	30	32 104
JA448841	TaG	Chateau_Du	22.05.1994	NA	rouge	bleu	60	30	32	101
JA448841	TaG	Chateau_Du	13.05.1995	NA	rouge	bleu	50	30	34	105
JA448842	TaG	Chateau_Du	22.05.1994	NA	blanc	bleu	45	30	30	98
JA448843	TaG	Chateau_Du	22.05.1994	NA	rose	bleu	45	31	33	100
JA448844	TaG	Chateau_Du	04.06.1994	NA	orange	blanc	45	29	30	100
SA845909	TaG	Chateau_Du	16.07.1994	NA		0	0	47	25	24 97
SA845910	TaG	Chateau_Du	09.06.1995	NA	jaune		0	55	26	23 99
SA887503	TaG	Chateau_Du	27.08.1994	NA		0 rouge	47	31	30	102
SA887504	TaG	Chateau_Du	27.08.1994	NA		0 jaune	50	32	30	99
448844	TaG	Chateau_Du	09.09.1995	NA		0	0	46	31	28 98
448844	TaG	Chateau_Du	13.04.1996	NA	blanc/orange		0	47	31	29 103
JA264949	TaG	Chateau_Du	09.09.1995	NA		0	0	47	32	30 101
JA264956	TaG	Chateau_Du	09.09.1995	NA		0	0	44	29	30 101
JA448836	TaG	Chateau_Du	17.08.1996	NA	violet		0	49	30	30 97

Tableau 27: Jeux de données de capture Belfan et Condé (2006-2015)

Identifiant	Experiment	Lieu	Date	Heure	Masse	Tarsem	Becm	Ailem
SC23562	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	07.02.2009	08H21	42	31	28	93
JA508660	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	19.02.2009	16H53	45	30	30.3	95
SA848723	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	14.03.2009	07H13	44	30	32	92
JA508668	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	14.03.2009	07H41	42.5	30	29.2	92
JA508677	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	22.05.2009	09H54	41.5	31	30.2	90
JA569650	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	18.09.2009	09H00	49.5	32	30.4	96
JA508649	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	08.11.2009	07H30	45.5	30	30	90
JA508648	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	08.11.2009	08H20	42.5	28	30	101
JA508646	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	08.11.2009	08H31	46	30	32	97
JA508645	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	08.11.2009	09H00	39.9	31	30	92
JA508661	ELFAN_DAVI	Anse_Spoutourne	29.02.2009	09H41	48	30	27.7	94
JA508664	ELFAN_DAVI	Anse_Spoutourne	29.02.2009	12H06		28	30.4	96
JA508668	ELFAN_DAVI	Anse_Spoutourne	21.05.2009	08H05	46	30	29.2	80
JA508668	ELFAN_DAVI	Anse_Spoutourne	21.05.2009	08H05	46	30	20.4	93
JA508668	ELFAN_DAVI	Anse_Spoutourne	21.05.2009	10H35	43	31	29.2	93
SA946201	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	27.01.2007	09H36	42.5	30	30.6	99
SA863668	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	27.01.2007	09H45	45	30	29.7	98
SA863669	AVID_BELFA	Anse_Spoutourne	27.01.2007	09H56	47	29	28.9	94
JA569603	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	10.02.2007	08H26	43.5	31	29	98
JA569613	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	08.07.2007	12H15	47.5	30	30.3	103
SA848701	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	25.11.2007	09H10	45	30	29.2	97
JA532387	ONDE_BEATR	Anse_Spoutourne	24.02.2008	08H20	45.5	30	30	97
SA848710	ONDE_BEATR	Anse_Spoutourne	24.02.2008	08H31	43	30	29	95.5
SA848711	ONDE_BEATR	Anse_Spoutourne	24.02.2008	08H35	41.5	30	30	94
JA569646	ONDE_BEATR	Anse_Spoutourne	06.07.2008	07H59	40.5	30	29	95
SA848723	ONDE_BEATR	Anse_Spoutourne	26.10.2008	08H04	44	30	30	95
JA501396	ONDE_BEATR	Anse_Spoutourne	26.10.2008	09H50	47	32	30.8	100
JA569650	ONDE_BEATR	Anse_Spoutourne	26.10.2008	09H58	47.5	30	28.4	98
JA532373	NISSAU_VALE	Anse_Spoutourne	25.03.2006	10H13	43.5	30	29	95
JA532373	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	01.04.2006	07H48	43	32	29	93
JA532382	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	09.04.2006	09H14	44.5	33	30	96
JA532373	ELFAN_DAVI	Anse_Spoutourne	09.04.2006	11H00	45	30	29	94
JA532373	ELFAN_DAVI	Anse_Spoutourne	09.04.2006	12H15	45	30	29	94
JA532387	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	22.05.2006	09H35	45.5	30	31	99
JA532388	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	22.05.2006	10H22	45.5	30	29	95
JA532391	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	23.09.2006	08H29	47	30	28	93
JA532394	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	11.11.2006	08H35	45	30	30	96
SA936892	DNDE_BEATR	Anse_Spoutourne	11.11.2006	09H51	70.5	30	29	95?
JA532397	ELFAN_DAVI	Anse_Spoutourne	16.12.2006	08H32	48	29	30	99
JA532387	ELFAN_DAVI	Anse_Spoutourne	16.12.2006	08H57	47	29	29	100
JA532387	ONDE_BEATR	Anse_Spoutourne	28.08.2011	08H12	44	30	30	100
JA569613	ONDE_BEATR	Anse_Spoutourne	28.08.2011	08H31	48	30	30	100
AGUE COULEU	ONDE_BEATR	Anse_Spoutourne	17.09.2015	10H50	42	30.9	29.5	93

Annexe 12: Tests de normalité sur les valeurs de becs. Des tentatives de transformation ont été réalisées.

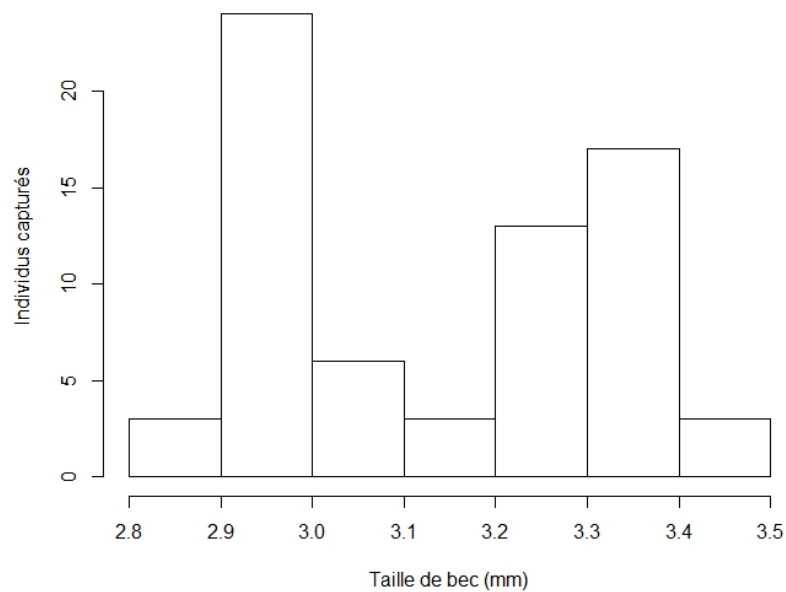


Figure 47: Distribution des tailles de bec (mm) en fonction des individus capturés. Une transformation logarithmique a été appliquée. Test normalité Shapiro-Wilk $W = 0,867$ $p = 2,553e - 6$.

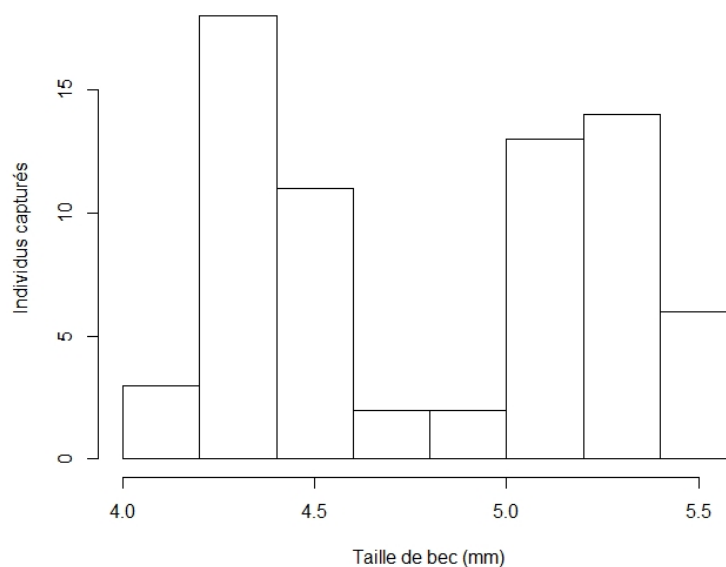


Figure 48: Distribution des tailles de bec (mm) en fonction des individus capturés. Une transformation par racine carrée a été appliquée. Test normalité Shapiro-Wilk $W=0,866$ $p=2,657e-6$.

Annexe 13 : Géotypages microsatellite de 69 moqueurs gorge-blanche capturés.

Tableau 28: Géotypes des 69 moqueurs gorge-blanchr (*R. b. brachyurus*) capturés entre 2016 et 2019. Les individus sont représentés en ligne. Chaque locus est représenté en colonne.

Individus	TH3	TH6	TH12	TH15	WB2	WB5
01	154/166	163/163	165/165	184/184	185/193	240/254
02	154/166	163/163	165/165	184/184	193/193	244/244
03	166/166	163/163	167/167	186/188	177/191	244/254
04	166/166	163/163	165/165	184/184	185/193	244/254
05	154/174	163/163	165/167	184/186	177/193	244/244
06	166/174	163/163	165/165	184/186	179/193	244/254
07	154/154	163/163	165/165	184/184	187/187	244/244
08	154/170	163/163	165/165	184/184	185/191	254/254
09	166/174	163/163	165/165	186/188	191/193	242/254
10	166/174	163/163	165/165	184/184	185/193	240/244
11	154/166	163/163	165/165	184/184	193/193	242/244
12	170/174	163/163	165/165	184/184	185/191	240/244
13	154/170	163/163	165/167	184/184	193/193	240/242
14	154/166	163/163	167/167	184/184	193/193	240/240
15	166/174	163/163	165/165	186/186	177/183	240/244
16	166/174	163/163	165/167	184/184	183/193	242/244
17	174/174	163/163	165/165	184/184	183/191	244/244
18	166/174	163/163	165/165	184/184	193/193	240/240
19	166/174	163/163	165/165	184/184	193/193	244/244
20	154/166	163/163	165/165	186/186	191/193	242/254
21	174/174	163/163	165/167	184/184	183/193	244/254
22	170/174	163/167	165/167	184/184	177/177	244/244
23	166/174	163/163	165/165	186/186	183/185	240/244
24	174/174	163/163	165/165	186/186	193/193	244/254
25	166/166	163/163	165/165	186/188	177/191	244/254
26	154/174	163/163	165/167	186/186	193/193	242/244
27	166/166	163/163	165/165	184/186	193/193	240/254
28	166/174	163/163	165/165	184/184	177/193	244/244
29	154/166	163/163	165/165	188/188	177/177	244/244
30	154/166	163/163	165/165	184/184	193/193	242/244
31	166/174	163/163	165/165	184/186	177/179	240/244
32	166/166	163/163	165/165	184/184	177/193	240/244
33	166/174	163/167	165/165	186/186	177/183	240/244
34	166/174	163/163	165/165	184/188	183/191	244/244
35	166/170	163/163	165/165	184/184	183/183	242/244
36	166/174	163/163	165/165	188/192	191/193	242/244
37	166/174	163/163	165/165	184/184	177/193	244/254
38	166/174	163/167	165/165	186/186	177/191	244/254

39	154/166	163/163	165/165	184/184	185/193	244/254
40	154/174	163/163	165/165	184/184	193/193	240/254
41	166/174	163/167	165/165	186/186	177/191	244/254
42	166/174	163/163	165/165	186/188	191/193	244/254
43	154/174	163/163	165/167	186/186	177/183	244/254
44	174/174	163/163	165/167	192/192	177/193	240/242
45	166/174	163/163	165/165	184/184	177/193	244/254
46	154/166	163/163	165/165	184/186	185/187	244/254
47	154/174	163/163	167/167	184/184	179/183	240/244
48	154/174	163/163	165/167	184/186	177/193	244/244
49	174/174	163/163	165/167	184/184	179/185	244/254
50	166/174	184/184	165/165	184/184	185/193	240/244
51	166/174	184/184	165/165	184/184	183/191	244/254
52	166/174	184/186	165/165	184/186	193/193	244/254
53	154/166	186/186	165/165	186/186	177/179	244/244
54	154/154	186/188	165/165	186/188	177/185	244/244
55	166/174	184/186	165/165	184/186	193/193	244/254
56	154/166	184/186	165/165	184/186	183/185	244/254
57	154/166	184/184	165/165	184/184	193/193	244/254
58	154/166	184/184	165/165	184/184	187/193	244/254
59	166/170	186/186	165/165	186/186	193/193	244/254
60	174/174	184/184	165/165	184/184	183/191	240/244
61	166/170	184/186	165/165	184/186	177/185	244/254
62	154/170	184/186	165/167	184/186	183/185	254/254
63	154/166	186/186	165/165	186/186	177/179	244/244
64	154/174	184/184	165/165	184/184	183/187	244/254
65	174/174	184/184	165/167	184/184	193/193	242/244
66	166/174	184/188	165/165	184/188	177/191	244/244
67	154/166	186/186	165/165	186/186	177/185	244/254
68	154/174	184/186	165/165	184/186	177/185	244/244
69	178/182	186/188	165/165	186/188	187/187	244/254

Structure et biologie du
Moqueur gorge-blanche de Martinique
(*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*)
Recherches approfondies sur données génétiques



Analyses statistiques et rédaction: **Patrick BERREBI**
Génome-Recherche & Diagnostic, 697 avenue de Lunel, 34400 Saint-Just, France
Boîte vocale: 04 67 52 47 82,
Mél: patrick.berrebi@laposte.net
Site web: <https://webself-genome-rd-64.webself.net>
Base de données "truite": <https://data.oreme.org/trout/home>

1. Introduction

L'étude des espèces à faible effectif ou à faible répartition (généralement considérées comme "vulnérables" par l'UICN, même quand aucune menace particulière n'existe en dehors de l'anthropisation générale) nécessite de gros efforts et investissements par la recherche pour des résultats souvent limités. C'est la difficulté de capture et/ou d'observation qui explique cette limitation.

Les études basées sur l'observation dans la nature, augmentée des méthodes de capture-marquage-recapture apportent des informations sur la biologie, sur l'état des populations et sa densité. Un complément judicieux est le prélèvement de tissus, quand cela ne nuit pas à l'espèce. Ces tissus, simplement conservés à sec ou dans l'alcool, sont une source d'ADN permettant toute sorte d'analyses moléculaires puis statistiques, apportant des informations supplémentaires précieuses.

C'est ce qui a été fait lors de l'étude du Moqueur gorge-blanche de Martinique (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*) entre 2016 et 2018, sujet de thèse de Steven Son, doctorant en Écologie à l'Université des Antilles (UA). Le projet global est l'étude de la conservation de cette espèce endémique à la Martinique à partir de recherches sur sa biologie. A cette occasion les expériences de capture-marquage-recapture ont été l'occasion de prélèvements sanguins.

Ces prélèvements sanguins ont permis l'analyse de 6 microsatellites sur 69 individus de moqueurs par le laboratoire Labofarm à Loudéac, dans les Côtes-d'Armor, France (responsable David Schikorski).

A partir de cette matrice de 69 moqueurs et 6 microsatellites, le présent rapport, développé par le bureau d'étude Genome - Recherche & Diagnostic (GRD) à Saint-Just dans l'Hérault, France (responsable Patrick Berrebi) a pour but (i) d'évaluer les paramètres de polymorphisme et de panmixie de deux populations (voir Tableau 1); (ii) de rechercher une éventuelle structure interne aux échantillons (présence de plusieurs lignées); (iii) d'estimer la taille efficace des populations (c'est le nombre estimé de géniteurs: la taille réelle des populations ne peut se mesurer que par capture-marquage-recapture) et (iv) de retracer les liens de parenté entre individus analysés.

Ces analyses ont été faites en collaboration avec Steven Son, correspondant de l'UA auprès de GRD.

2. Echantillonnage

Lors de ce projet, il a été possible de capturer 69 moqueurs gorge-blanche pour des prélèvements sanguins. Ils sont présentés au Tableau 1, accompagnés de leur sexe déterminé à partir de leur ADN (protocole d'amplification de Fridolfsson et Ellegren, 1999, sur la région CHD1 à la Martinique puis par Labofarm qui utilise la méthode de Griffiths *et al.*, 1998, grâce au gène CHD-W spécifique de la femelle: 1 fragment chez les mâles et 2 chez les femelles), des lieux et dates de capture ainsi que des génotypes à 6 microsatellites.

Individus	Sexage_ADN	TH3	TH6	TH12	TH15	WB2	WB5	Site	Capturé
MG01	MALE	154166	163163	165165	184184	185193	240254	Chateau Dubuc	10/02/2016
MG02	MALE	154166	163163	165165	184184	193193	244244	Chateau Dubuc	11/02/2016
MG03	MALE	166166	163163	167167	186188	177191	244254	Chateau Dubuc	11/02/2016
MG04	MALE	166166	163163	165165	184184	185193	244254	Chateau Dubuc	11/02/2016
MG05	FEMELLE	154174	163163	165167	184186	177193	244244	Chateau Dubuc	12/02/2016
MG06	FEMELLE	166174	163163	165165	184186	179193	244254	Chateau Dubuc	12/02/2016
MG07	FEMELLE	154154	163163	165165	184184	187187	244244	Chateau Dubuc	12/02/2016
MG08	FEMELLE	154170	163163	165165	184184	185191	254254	Chateau Dubuc	13/02/2016
MG09	FEMELLE	166174	163163	165165	186188	191193	242254	Chateau Dubuc	14/02/2016
MG10	MALE	166174	163163	165165	184184	185193	240244	Chateau Dubuc	16/02/2016
MG11	MALE	154166	163163	165165	184184	193193	242244	Chateau Dubuc	16/02/2016
MG12	MALE	170174	163163	165165	184184	185191	240244	Anse Spoutourne	18/02/2016
MG13	FEMELLE	154170	163163	165167	184184	193193	240242	Anse Spoutourne	18/02/2016
MG14	MALE	154166	163163	167167	184184	193193	240240	Anse Spoutourne	18/02/2016
MG15	FEMELLE	166174	163163	165165	186186	177183	240244	Anse Spoutourne	18/02/2016
MG16	MALE	166174	163163	165167	184184	183193	242244	Morne Pavillon	07/03/2016
MG17	MALE	174174	163163	165165	184184	183191	244244	Morne Pavillon	08/04/2016
MG18	FEMELLE	166174	163163	165165	184184	193193	240240	Morne Pavillon	11/04/2016
MG19	MALE	166174	163163	165165	184184	193193	244244	Morne Pavillon	11/04/2016
MG20	FEMELLE	154166	163163	165165	186186	191193	242254	Morne Pavillon	15/04/2016
MG21	MALE	174174	163163	165167	184184	183193	244254	Morne Pavillon	15/04/2016
MG22	FEMELLE	170174	163167	165167	184184	177177	244244	Morne Pavillon	15/04/2016
MG23	MALE	166174	163163	165165	186186	183185	240244	Morne Pavillon	18/04/2016
MG24	MALE	174174	163163	165165	186186	193193	244254	Morne Pavillon	21/04/2016
MG25	MALE	166166	163163	165165	186188	177191	244254	Morne Pavillon	25/04/2016
MG26	MALE	154174	163163	165167	186186	193193	242244	Anse Spoutourne	28/04/2016
MG27	FEMELLE	166166	163163	165165	184186	193193	240254	Anse Spoutourne	28/04/2016
MG28	MALE	166174	163163	165165	184184	177193	244244	Morne Pavillon	02/05/2016
MG29	MALE	154166	163163	165165	188188	177177	244244	Chateau Dubuc	02/05/2016
MG30	MALE	154166	163163	165165	184184	193193	242244	Chateau Dubuc	10/05/2016
MG31	FEMELLE	166174	163163	165165	184186	177179	240244	Chateau Dubuc	10/05/2016
MG32	MALE	166166	163163	165165	184184	177193	240244	Anse Spoutourne	11/05/2016
MG33	MALE	166174	163167	165165	186186	177183	240244	Anse Spoutourne	11/05/2016
MG34	FEMELLE	166174	163163	165165	184188	183191	244244	Anse Spoutourne	12/05/2016
MG35	MALE	166170	163163	165165	184184	183183	242244	Anse Spoutourne	12/05/2016
MG36	FEMELLE	166174	163163	165165	188192	191193	242244	Chateau Dubuc	13/05/2016
MG37	MALE	166174	163163	165165	184184	177193	244254	Chateau Dubuc	14/05/2016
MG38	MALE	166174	163167	165165	186186	177191	244254	Chateau Dubuc	14/05/2016
MG39	MALE	154166	163163	165165	184184	185193	244254	Chateau Dubuc	15/05/2016
MG40	MALE	154174	163163	165165	184184	193193	240254	Chateau Dubuc	30/06/2017
MG41	MALE	166174	163167	165165	186186	177191	244254	Chateau Dubuc	30/06/2017
MG42	MALE	166174	163163	165165	186188	191193	244254	Chateau Dubuc	01/07/2017
MG43	FEMELLE	154174	163163	165167	186186	177183	244254	Chateau Dubuc	01/07/2017
MG44	MALE	174174	163163	165167	192192	177193	240242	Chateau Dubuc	01/07/2017
MG45	MALE	166174	163163	165165	184184	177193	244254	Chateau Dubuc	02/07/2017
MG46	MALE	154166	163163	165165	184186	185187	244254	Chateau Dubuc	03/07/2017
MG47	FEMELLE	154174	163163	167167	184184	179183	240244	Chateau Dubuc	04/07/2017
MG48	FEMELLE	154174	163163	165167	184186	177193	244244	Chateau Dubuc	05/07/2017
MG49	FEMELLE	174174	163163	165167	184184	179185	244254	Chateau Dubuc	05/07/2017
MG50	MALE	166174	163163	165165	184184	185193	240244	Chateau Dubuc	07/07/2017
MG51	MALE	166174	163163	165165	184184	183191	244254	Chateau Dubuc	07/07/2017
MG52	FEMELLE	166174	163163	165165	184186	193193	244254	Chateau Dubuc	14/08/2017
MG53	MALE	154166	163163	165165	186186	177179	244244	Chateau Dubuc	14/08/2017
MG54	FEMELLE	154154	163163	165165	186188	177185	244244	Chateau Dubuc	16/08/2017
MG55	MALE	166174	163163	165165	184186	193193	244254	Chateau Dubuc	17/08/2017
MG56	FEMELLE	154166	163163	165165	184186	183185	244254	Chateau Dubuc	17/08/2017
MG57	MALE	154166	163167	165165	184184	193193	244254	Chateau Dubuc	12/10/2017
MG58	MALE	154166	163167	165165	184184	187193	244254	Balata	13/10/2017
MG59	FEMELLE	166170	163163	165165	186186	193193	244254	Balata	10/07/2018
MG60	FEMELLE	174174	163163	165165	184184	183191	240244	Chateau Dubuc	18/07/2018
MG61	MALE	166170	163163	165165	184186	177185	244254	Balata	16/07/2018
MG62	MALE	154170	163163	165167	184186	183185	254254	Balata	17/07/2018
MG63	MALE	154166	163163	165165	186186	177179	244244	Balata	17/07/2018
MG64	FEMELLE	154174	163163	165165	184184	183187	244254	Balata	17/07/2018
MG65	MALE	174174	163163	165167	184184	193193	242244	Balata	18/07/2018
MG66	MALE	166174	163163	165165	184188	177191	244244	Balata	18/07/2018
MG67	MALE	154166	163163	165165	186186	177185	244254	Balata	18/07/2018
MG68	FEMELLE	154174	163163	165165	184186	177185	244244	Balata	18/07/2018
MG69	MALE	178182	163163	165165	186188	187187	244254	Balata	20/07/2018

Tableau 1: Caractéristiques génétiques et écologiques des 69 moqueurs analysés (rangés par date de capture).

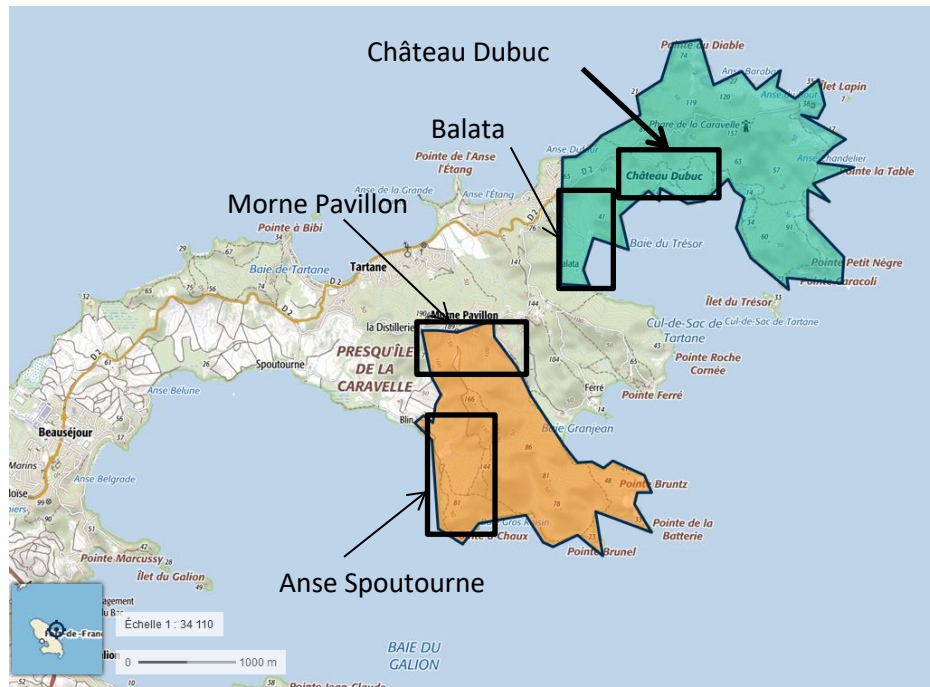


Figure 1: Localisation des deux zones de piégeage (deux stations chacune) dans la presqu'île de la Caravelle: en vert, la Réserve naturelle nationale de la Caravelle. En orange, forêt couvrant Morne Pavillon et Anse Spoutourne.

3. Analyses moléculaires

Les 69 échantillons de sang ont permis au laboratoire Labofarm de déterminer le sexe de chaque individu ainsi que leur génotype au niveau de 6 locus microsatellites (Tableau 1). Cette matrice de $69 \times 6 = 414$ génotypes (828 allèles) est la base de tous les calculs qui suivent.

4. Les méthodes statistiques

Il existe une multitude de méthodes statistiques permettant de faire parler la matrice de génotypes. Les méthodes choisies ici sont d'une part efficaces et très utilisées en génétique des populations, et d'autre part visuelles.

- L'analyse multidimensionnelle permet de positionner sur un graphique chaque truite en fonction de l'ensemble de ses caractéristiques génétiques (génotypes). La méthode choisie est l'Analyse Factorielle des Correspondances (AFC) traitée avec le logiciel GENETIX. Les regroupements ou "nuages" de points sur le graphique, correspondent aux différentes lignées présentes dans l'échantillonnage global. Cette méthode est considérée comme un débroussaillage des données moléculaires permettant de comprendre rapidement quelles sont les lignées en présence.

- L'analyse d'assignation permet de découper l'échantillonnage global en sous-groupes ou lignées. Cette méthode, plus délicate d'emploi, a l'avantage de chiffrer (%) la composition de chaque échantillon, voire de chaque individu, en différentes lignées. L'analyse d'assignation est effectuée avec le logiciel STRUCTURE. Le nombre objectif de lignées contenues dans l'échantillonnage est déterminé par le logiciel STRUCTURE HARVESTER (= aide à la décision);

- Diversité génétique et panmixie sont deux mesures utiles. La bonne santé et donc la survie future d'une population, surtout dans un contexte de perturbation ou de réchauffement, nécessitent une diversité génétique importante afin de s'adapter aux nouvelles conditions écologiques. D'autre part, la mesure de

la panmixie décrit l'équilibre démographique de la population. Une population est en équilibre quand tous les membres se reproduisent au hasard. Cela permet de détecter des regroupements, des immigrations ou des conditions écologiques extrêmes.

Les études de cette espèce (du moins la sous-espèce de Sainte Lucie) publiées par Helen Temple dans les années 2006-2008 ont démontré une dispersion biaisée par le sexe, les femelles se dispersant sur de plus grandes distances tandis que les mâles restent relativement sédentaires ("philopatriques"). Une structure génétique à grande échelle hautement significative a été montrée chez les mâles, mais pas chez les femelles (Temple *et al.* 2006). Par conséquent, l'étude de polymorphisme (mais aussi de structuration développée ci-dessous) va s'attacher à distinguer les sexes en plus de la géographie.

- L'estimation de N_e est un calcul délicat. Il consiste à retrouver, de multiples façons statistiques, combien de géniteurs peuvent expliquer le polymorphisme, les déséquilibres ou l'évolution génétique observés. Avec l'aide de deux logiciels (NEESTIMATOR et COLONY, cinq méthodes sont testées. Les résultats sont très spéculatifs (entre autres parce que l'échantillon utilisé peut être trop petit ou non représentatif) et seul l'ordre de grandeur peut être retenu.

- Les parentés entre individus capturés et analysés peuvent être estimées en fonction de la partie commune (héritée en commun) de leurs génotypes. Le logiciel COLONY (Jones & Wang 2010) peut ranger les moqueurs analysés en familles de frères/sœurs, en demi frères/sœurs (un seul parent en commun) en supposant la polygamie possibles sur plusieurs années et en parents.

5. Recherche de structure

5.1. Recherche de structure par analyse multidimensionnelle

5.1.1. Classement par sexe

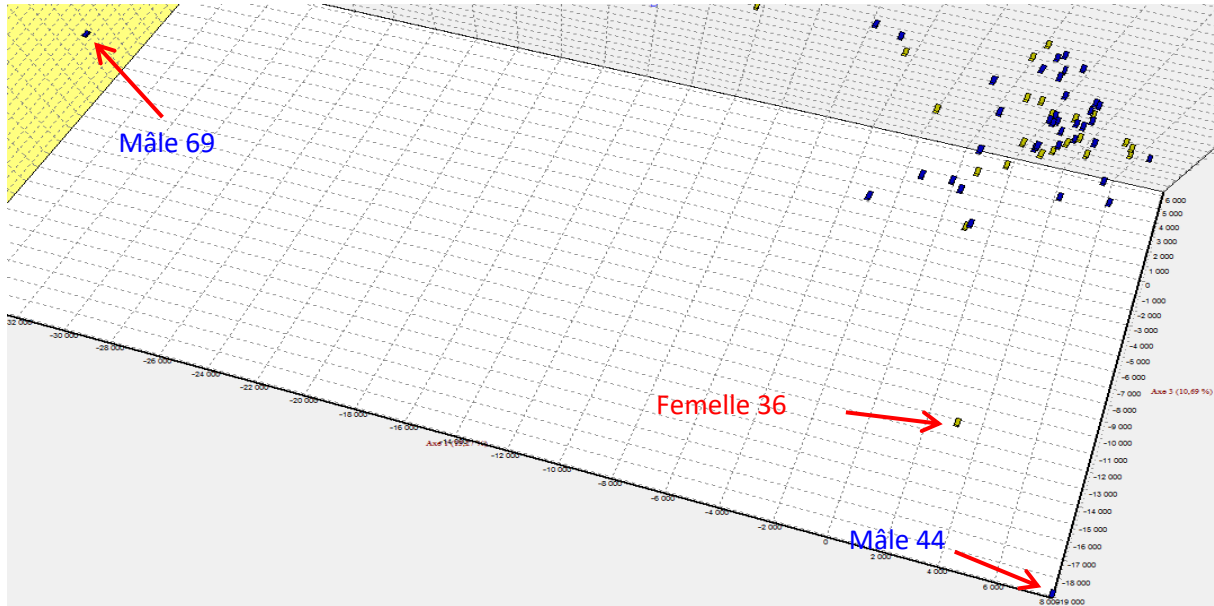


Figure 2: AFC des 69 moqueurs présentant les mâles en bleu et les femelles en jaune. Trois individus sont excentrés à cause de génotypes rares (Inertie des axes: 1 = 15,24%; 2 = 10,67%; 3 = 10,19%).

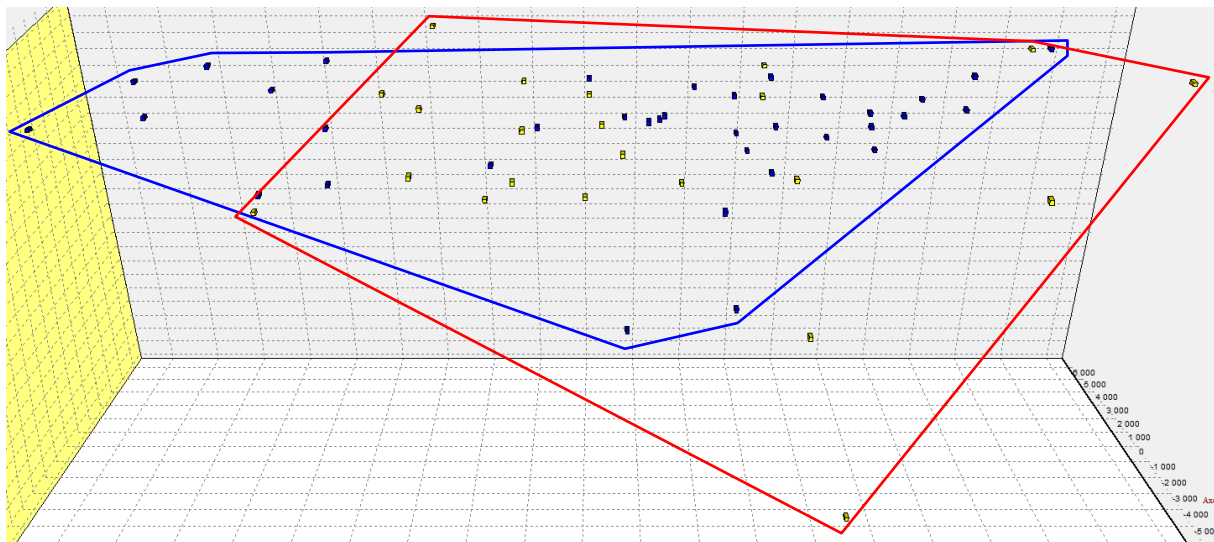


Figure 3: Même analyse sans les 3 individus excentrés par leur génotype rare. Le décalage génétique entre mâles et femelles paraît très faible ici.

L'Analyse Factorielle des Correspondances (AFC) est similaire à l'ACP plus fréquemment utilisée dans la littérature, mais présente l'avantage de nécessiter une matrice disruptive (en 0, 1 et 2 selon que l'allèle de la colonne est absent, homozygote ou hétérozygote). Les données génétiques nucléaires, par leur structure naturellement binaire, semble prédestinée à ce type d'analyse, ce qui permet de connaître indépendamment le rôle de chaque allèle dans la structure.

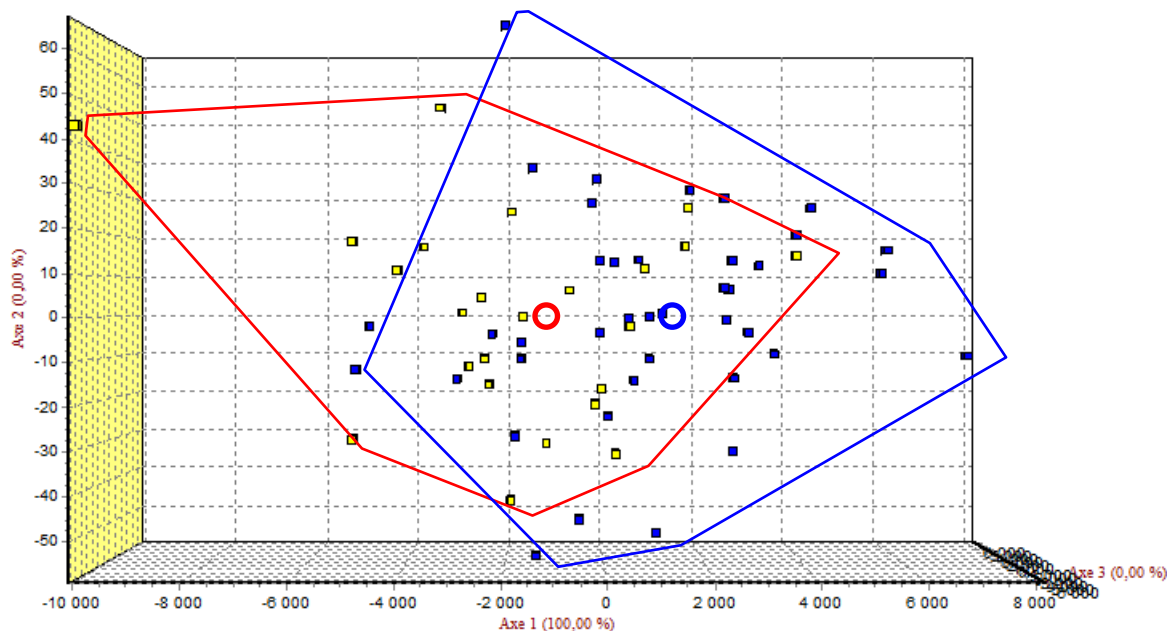


Figure 4: AFC sur centres de gravité (barycentres) des sexes. Cette analyse a seulement deux objets entourés d'une ellipse rouge (femelles) ou bleue (mâles). Les individus sont "supplémentaires", c'est-à-dire qu'ils sont passifs dans l'analyse. Cela permet de maximiser graphiquement les différences génétiques entre sexes.

Les trois individus excentrés (Figure 2) ont des génotypes rares: ce sont les seuls moqueurs sur les 69 analysés à posséder l'allèle 192 au locus TH15 (hétérozygote pour la femelle 36 et homozygote pour le mâle 44); le moqueur mâle 69 possède le génotype 178-182 au locus TH3 alors que ces deux allèles ne se trouvent jamais dans les autres individus. Distordant le graphique (l'AFC établit les distances entre les individus en fonction du Chi2, par conséquent les allèles rares sont fortement mis en relief), ces trois individus seront retirés des AFC suivantes (mais pas des autres calculs).

L'analyse par centres de gravité (Figure 4) met en évidence une légère différenciation entre sexes. La significativité de cette différence pourra être statistiquement testée plus loin par les Fst.

5.1.1. Classement par localité

L'analyse des mêmes données en fonction des localités de capture (Figure 5) montre une grande similitude de l'ensemble le long de l'axe 1 (horizontal), le plus informatif (ici 14,42% de l'inertie totale), mais une différence perceptible sur l'axe 2 (vertical, 11,16%) et partiellement 3 (dans la profondeur du graphique 3D, 9,4%), étirant nettement les points des stations Château Dubuc vers le bas. La significativité de cette différence pourra être statistiquement testée plus loin par les Fst.

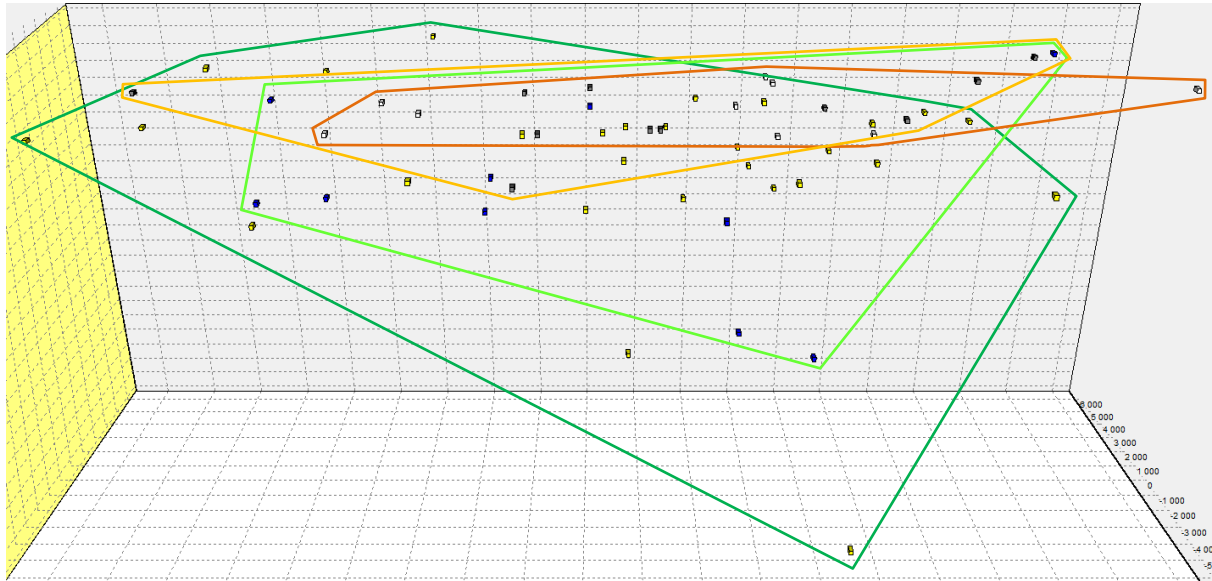


Figure 5: AFC distinguant les deux localités de capture de Château Dubuc (Château Dubuc = vert foncé, Balata = vert clair) et les deux localités de l'Anse Spoutourne (orange foncé = Anse Spoutourne, orange clair = Morne Pavillon).

5.1. Recherche de structure par analyse d'assignation

Cette analyse, délicate à employer, permet de détecter des structures internes contenues dans la matrice de génotypes. Les moqueurs ont été ordonnés en fonction de leur localité de capture. Elle a été menée pour un découpage en 1 à 5 sous-groupes (= K). Il s'agit d'un algorithme d'intelligence artificielle capable d'apprentissage. Le découpage est fait au début au hasard et seuls les découpages améliorant l'équilibre panmictique et réduisant le déséquilibre de liaison sont conservés (c'est l'apprentissage). A la fin, le découpage en K sous unités va ressembler au mieux à des populations en équilibre panmictique et de liaison.

Pour cela, les essais comportent une période "de chauffe" non enregistrée (le burn'in) de 50000 itérations suivi d'une période enregistrée de 100000 itérations. Basé sur le hasard, le test a été lancé 5 fois par valeur de K.

L'analyse d'assignation (ici les individus sont ordonnés en fonction des 4 localités) ne montre aucune structure. Cela veut dire qu'avec cette méthode, un génotype à 6 locus ne permet pas d'affirmer d'où vient l'échantillon.



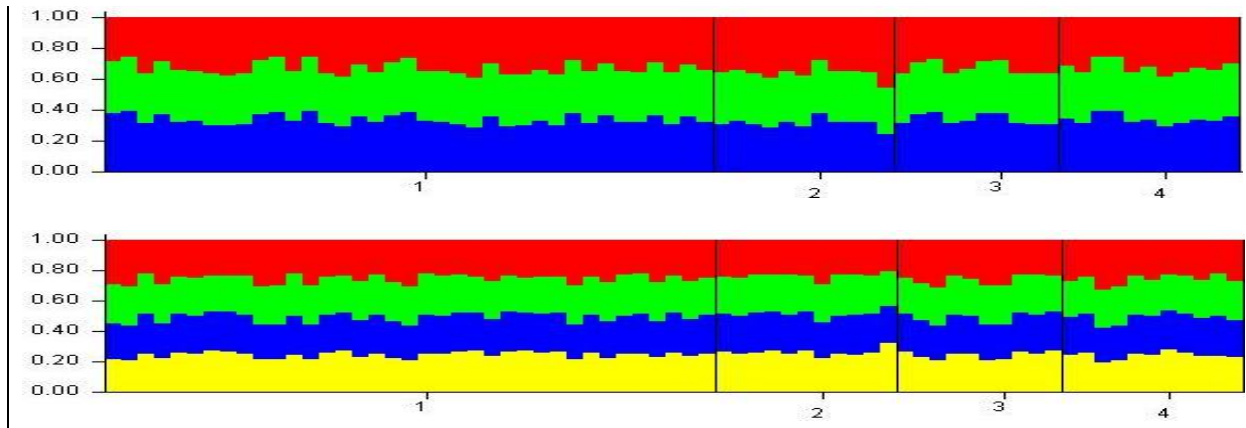


Figure 6: Image typique d'une absence de structure. Le logiciel, "forcé" à découper l'échantillonnage en 2, 3 ou 4 sous-groupes, coupe *DANS* les individus au lieu qu'*ENTRE* les individus (1 = Château Dubuc; 2 = Balata; 3 = Anse Spoutourne; 4 = Morne Pavillon).

Compte tenu des résultats (Figure 6), le logiciel d'aide à la décision STRUCTURE HARVESTER n'a pas été utilisé.

5.3. Recherche de structure par paramètres populationnels

5.3.1. La diversité génétique, panmixie et différenciation

Les structures recherchées au travers de ces paramètres peuvent être géographiques (comparaison des paramètres populationnels entre localités) ou sexuelles si les deux sexes présentent des différences éthologiques (selon Temple *et al.* 2006, les femelles de la sous-espèce de Sainte Lucie se disperse sur de plus grandes distances que les mâles, ce qui a un impact sur les structures génétiques).

Trois étapes vont être développées: (i) la diversité génétique, calculée pour les 4 paramètres les plus courants (**Ho** = hétérozygotie observée sur les génotypes, **He** = hétérozygotie espérée, c'est-à-dire calculée en supposant la population en équilibre Hardy-Weinberg, **Hnb** = hétérozygotie non biaisée de Nei 1978 qui est l'hétérozygotie espérée ou calculée pondérée par la taille de l'échantillon et **A** = nombre moyen d'allèle par marqueur) va être comparée entre localités et entre sexes; (ii) la panmixie est un équilibre pour une population bisexuée dont les mâles et les femelles se croisent au hasard, le paramètre ne sera donc calculé que pour comparer des localités (la panmixie pour un seul sexe n'a pas de sens) mais un déséquilibre dans une seule population aura un sens biologique à discuter; (iii) enfin l'indice de fixation (Fst), ou indice de différenciation, permet de mesurer la différenciation des populations à partir du polymorphisme génétique (quand Fst est assimilable à zéro, c'est-à-dire non significatif, les deux échantillons comparés peuvent être considérés comme des échantillons de la même population)..

(i) la diversité génétique: testée dans plusieurs configuration, il apparait les femelles sont nettement plus polymorphes que les mâles (Tableau 2), que la diversité génétique aux deux stations du Château Dubuc soit légèrement supérieure à celle de l'Anse Spoutourne (Tableau 3)

(ii) La panmixie est testée ici par le paramètre Fis, appelé indice de fixation, qui mesure l'écart à la panmixie (déficit d'hétérozygote) dû à divers phénomènes comme la consanguinité ou l'immigration d'individus différenciés... Il y a panmixie dans l'échantillon du Château Dubuc (considéré comme 1 ou 2 échantillons) mais un écart significatif à l'Anse Spoutourne (Tableau 3).

Le Fis a aussi été calculé sur l'échantillonnage total comme si une seule population peuplait la Martinique. Il n'y a pas panmixie au niveau de l'île (Tableau 3).

	N	He	Hnb	Ho	A
femelles	25	0,506	0,516	0,487	3,8
males	44	0,485	0,491	0,451	4,2

Tableau 2: Calcul de différents paramètres de diversité génétique en fonction du sexe, toutes localités confondues.

	N	He	Hnb	Ho	A	Fis	signif.
Totalité	69	0,495	0,499	0,464	4,2	0,710	*
	N	He	Hnb	Ho	A	Fis	signif.
Château Dubuc	48	0,492	0,498	0,490	4,2	0,016	ns
Anse Spoutourne	21	0,481	0,492	0,405	3,33	0,181	**
Château Dubuc	37	0,486	0,493	0,487	3,8	0,014	ns
Balata	11	0,490	0,514	0,500	3,8	0,028	ns
Anse Spoutourne	10	0,496	0,522	0,433	3,3	0,178	*
Morne Pavillon	11	0,446	0,468	0,379	3,3	0,197	*

Tableau 3: Valeur des différents paramètres de diversité génétique et de panmixie en fonction des localités de capture.

(iii) Les Fst ont été testés en fractionnant l'échantillonnage total (69 individus) alternativement en 2 puis 4 localités en 2 sexes.

- en deux: le Fst Château-Anse est de 0,012 non significatif

- en quatre: les Fst entre les 4 stations élémentaires ne sont pas significatifs (Tableau 4)

- le Fst mâles-Femelles est de -0.004 non significatif.

	Château Dubuc	Balata	Anse Spoutourne	Morne Pavillon
Château Dubuc	0	-0,001	0,015	-0,005
Balata		0	0,035	0,018
Anse Spoutourne			0	-0,013
Morne Pavillon				0

Tableau 4: Valeurs de Fst entre les quatre localités. Aucun Fst n'est significatif. Quand on réduit l'échantillonnage à deux échantillons.

6. Estimation de la taille efficace

Le logiciel classique pour cette estimation est NEESTIMATOR (Do *et al.* 2014). Une estimation avec le logiciel COLONY est aussi donnée plus bas comme "backproduct" de l'étude de parentage. NEESTIMATOR V2 est un outil d'estimation de la taille effective de la population actuelle (= Ne dans la ou les périodes englobées par les échantillons). Quatre méthodes sont disponibles pour calculer Ne: trois méthodes à échantillon unique et une méthode à deux échantillons diachroniques.

Méthodes à échantillon unique

1. Version corrigée du biais de la méthode basée sur le **déséquilibre de liaison** ou LD (Hill 1981; Waples 2006; Waples & Do 2010),
2. La méthode utilisant un **excès d'hétérozygotes** (Pudovkin *et al.* 1996; Zhdanova & Pudovkin 2008),
3. La méthode utilisant la **co-ascendance moléculaire** (Nomura 2008).

Méthode à deux échantillons (temporelle) (Waples 1989)

4. la méthode utilise les **Fstatistics** avec trois estimateurs différents de F: Nei & Tajima (1981), Pollak (1983) et Jorde & Ryman (2007).

Le logiciel fournit des estimations d'intervalles de confiance (IC) pour toutes les méthodes. Les estimations de la taille efficace sont corrigées des éventuels biais dus aux données manquantes. Les tests ont été menés sur deux localités (Château Dubuc et Anse Spoutourne) et sur l'ensemble des échantillons considérés comme une seule population.

		Tout l'échantillon (69 ind.)		Château Dubuc (48 ind.)		Anse Spoutourne (21 ind.)	
		Estimation	Intervalle	Estimation	Intervalle	Estimation	Intervalle
Linkage disequilibrium method	test paramétrique	43,9	22,3-117,3	26,3	13,2-65	52,1	8-infini
	Jackknife des locus		19,96-154,8		13-66,8		8,3-infini
Heterozygote excess method	test paramétrique	Infini	9,9-infini	Infini	6-infini	Infini	8,6-infini
	Jackknife des locus		-		-		-
Molecular coancestry method	test paramétrique	Infini	-	14,6	-	Infini	-
	Jackknife des locus		infini		1,8-40,7		infini

Tableau 5: Estimation de la taille efficace sur échantillon simple: pour tout l'échantillon ou par localité. NEESTIMATOR propose trois méthodes (colonne 1), et deux tests d'intervalle de confiance (colonne 2). Les résultats interprétables sont mis en couleur.

		2016-2017		2016-2018		2017-2018	
		Estimation	Intervalle	Estimation	Intervalle	Estimation	Intervalle
Estimateur de Nei & Tajima 1981	test paramétrique	142,8	8,8-infini	64,8	10,1-infini	-65	7,7-infini
	Jackknife des locus		8,8-infini		35-196,7		9,9-infini
Estimateur de Pollak 1983	test paramétrique	-708,3	10,6-infini	71,5	10,4-infini	-49,7	8,4-infini
	Jackknife des locus		13,2-infini		37,4-254,6		15,1-infini
Estimateur de Jorde & Ryman 2007	test paramétrique	-104,3	-46,4-infini	34,3	16,1-59,3	-20	-9,4-infini
	Jackknife des locus		33,9-infini		19-188,7		-67-infini

Tableau 6: Estimation de la taille efficace sur deux échantillons temporels selon 3 comparaisons annuelles (moment-based F-statistics). NEESTIMATOR propose trois estimateurs de F (colonne 1), et deux tests d'intervalle de confiance (colonne 2). Les résultats interprétables sont mis en couleur.

Les résultats sont contrastés. La plupart des estimations incluent l'infini, ce qui empêche toute valeur fiable. C'est une conséquence du manque de données (une matrice de 69 individus et 6 marqueurs est considérée comme faible). Cependant quelques méthodes donnent des résultats interprétables sur une

seule population (les 69 moqueurs sont considérés comme constituant une seule population). Tout considéré, Ne est compris entre 16 et 254 géniteurs (intervalles de confiance pour 95%) et le nombre moyen est de 50 ou 55 géniteurs.

Méthode proposée par COLONY

5. Colony full likelihood method

Les estimations par COLONY sont légèrement inférieures (de l'ordre de 30 géniteurs) mais restent dans le même ordre de grandeur... qu'on peut considérer comme critiquement bas.

	Estimation	Intervalle
En panmixie supposés	33	21-56
Sans panmixie	24	14-45

Tableau 7: Estimation de la taille efficace des moqueurs échantillonnés, considérés comme formant une seule population par COLONY. La méthode de vraisemblance a été employée.

COLONY propose aussi la méthode d'excès d'hétérozygotes, mais comme avec NEESTIMATOR, les résultats sont compris entre zéro et presque l'infini.

7. Recherche des liens de parenté entre individus

Le logiciel COLONY est un bon candidat pour rechercher les liens de parenté, et en particulier les frères et sœurs potentiels.

Les génotypes fournis au logiciel sont considérés par lui comme sans biais (un test est fait pour ça). Les déterminations de sexe, tels que déterminés avant le présent travail, ont été communiqués au logiciel pour faciliter l'analyse.

Les résultats de l'analyse par COLONY a été de déterminer les frères et sœurs (*full sibs*) et les apparentés (*half sibs*). Ces résultats peuvent être graphiquement donnés (Figure 7)

Une autre présentation dans un tableau (Figure 8) permet de dessiner les contours de deux grandes familles (sont considérés dans une famille les frères/sœurs, demi frères/sœurs et leurs parents) et de détecter trois individus (n° 22, 35 et 69) qui n'ont aucun lien de parenté avec les autres.

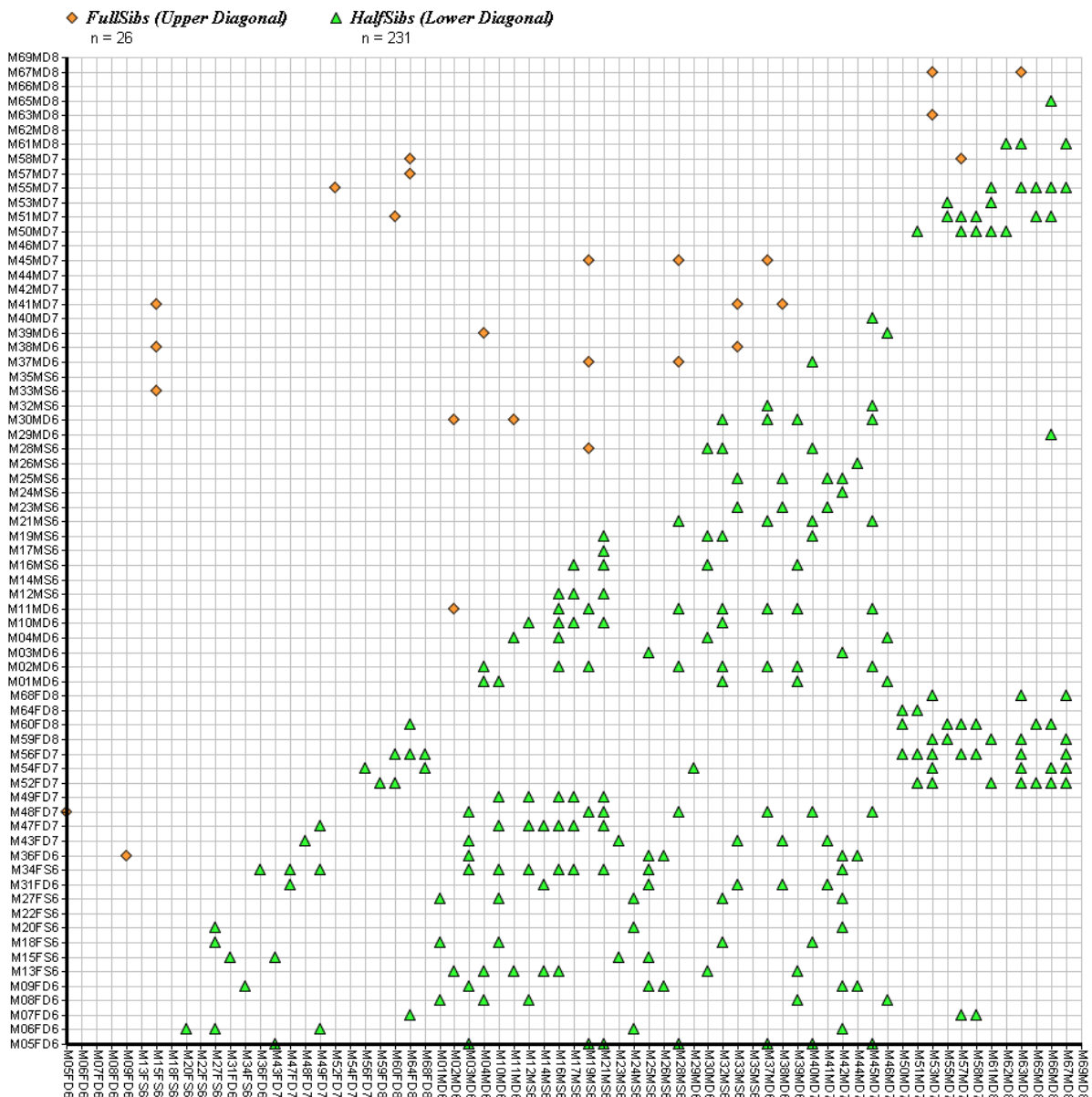


Figure 7: Représentation graphique des résultats de l'analyse de parentage par COLONY. Les moqueurs sont séparés par sexe et désignés par leur numéro (par exemple M69) puis par leur sexe (par exemple M69M est un mâle) puis par la localité de capture (D = Château Dubuc et S = Anse Spoutourne, par exemple M69MD a été capturé à Château Dubuc), enfin par son année de capture (M69MD8 a été capturé en 2018). Ce diagramme est la base des autres représentations de parenté qui suivent.

	M.01	M.02	M.03	M.04	M.05	M.06	M.07	M.08	M.09	M.10	M.11	M.12	M.13	M.14	M.15	M.16	M.17	M.18	M.19	M.20	M.21	M.22	M.23
P.01	M05+ M48			M03		M43																	
P.02		M06		M42			M27	M20			M24												
P.03			M08		M04+ M39		M01							M46									
P.04				M09+ M36								M26	M44										
P.05					M13					M14													
P.06				M25		M15+ M33+ M38+ M41				M31													
P.07	M40						M18																
P.08	M21	M49	M12	M34	M16		M10		M47	M17													
P.09	M19+ M28+ M37+ M45				M02+ M11+ M30		M32																
P.10						M23																	
P.11															M07								
P.12																M52+ M55	M53+ M63+ M67	M59			M61		
P.13																M66	M54		M29				
P.14															M64+ M57+ M58	M60+ M51	M56				M50		
P.15		cluster 1															M68						
P.16		cluster 2																			M62		
P.17		cluster 3														M65							
P.18		cluster 4																			M22		
P.19		cluster 5																				M35	
P.20																							M69

Figure 8: Autre représentation des mêmes résultats: il y a 4 familles (clusters) représentés par 4 couleurs. M. = 23 mères hypothétiques non contenues dans l'échantillonnage, P. = 20 pères hypothétiques. Deux individus de même couleur et de même cellule sont des frères/sœurs (full sibs dont les individus à génotypes identiques, en rouge, qui peuvent être des recaptures); deux individus de même couleur mais dans des cellules différentes sont des demi frères/sœurs (half sibs); deux individus de couleur différente ne sont pas apparentés. Trois individus sont isolés sans parenté dans les moqueurs capturés (M22, M35 et M69)

8. Discussion

8.1. Origine de l'étude

Il faut prendre des précautions pour extrapoler les données de la littérature à la présente étude: Hélène Temple dans son article de 2006 n'a travaillé que sur le Moqueur de Sainte-Lucie (*Ramphocinclus brachyurus sanctaeluciaie*) or récemment des études ont montré des divergences génétiques entre le Moqueur de Martinique et celui de Sainte-Lucie (DaCosta *et al.*, 2019). Les deux sous espèces vivant dans des conditions différentes, les dynamiques intra et inter populationnelles peuvent-être différentes. Une des raisons qui motive cette étude.

8.2. Questions d'échantillonnage

En 2016, le marquage se faisait avec des bagues plastiques, mais les moqueurs arrivaient à les retirer. Dès 2017 le marquage a été effectué avec des marques métalliques. De ce fait, certains génotypes identiques (MG011 de 2016 = MG030 à bague métallique; 53 = 63; 5 = 48; 37 = 45; 38 = 41; 52 = 55)

pourraient être des recaptures des mêmes individus... cependant rien ne permet de l'affirmer: avec 6 marqueurs dont certains peu polymorphes et des populations de petite taille, des individus apparentés ne doivent pas être rares.

8.3. Diversité génétique et panmixie

Il est difficile de dire si la diversité est correcte ou faible: il faudrait pour cela avoir plusieurs comparaisons avec des populations de la même espèce ou d'espèce très voisine, et surtout avec les mêmes marqueurs. Tout au plus peut-on suggérer qu'avec seulement 3 à 5 allèles par locus microsatellites, cela semble assez faible. Mais ce paramètre est très sensible à la taille des échantillons.

Par contre, les tests de panmixie (avec le Fis) montre un déséquilibre (modéré) dans les échantillons de l'Anse Spoutourne et pas du Château Dubuc, bien que la taille supérieure de ces derniers (48 contre 21) automatiquement favorise la détection du déséquilibre au Château Dubuc. Cette différence est donc certaine et suggère une discontinuité entre les deux localités, et c'est ce genre de structure qui était recherché. Pour l'expliquer on peut suggérer diverses hypothèses comme une simple limitation des échanges à cause d'une interzone défavorable, ou une différence écologique entre les deux zones provoquant, par le différentiel de densité, un phénomène source-puit.

Une structuration populationnelle est donc démontrée, mais sans différence génétique forte.

8.4. Taille efficace

La multitude (5) de tests tentés avec deux logiciels a l'avantage de pouvoir consolider l'estimation: en effet tout résultat concordant obtenu avec des méthodes statistiques très différentes (et souvent sans rapport entre eux) est une confirmation. Ici, bien que les estimations soient systématiquement différentes, elles se cantonnent autour de 50 avec NEESTIMATOR et autour de 30 avec COLONY. En fait c'est l'ordre de grandeur qu'il faut considérer: moins de 50 reproducteurs sont à l'origine des 69 individus analysés.

8.5. Liens de parenté

Le logiciel a facilement détecté les frères/sœurs et demi frères/sœurs. Le petit nombre de marqueurs et la probable exactitude de ces génotypes en est l'explication.

Ainsi, en ordonnant les résultats, il a été possible de déterminer deux grandes familles de 45 et de 21 individus, et trois individus isolés (sans aucune parenté avec les 66 autres individus capturés).

Dans ces chiffres, la possible recapture deux fois du même individu peut biaiser légèrement les résultats, mais ne peut pas nous tromper sur cette structure généalogique globale.

Si on recherche le lieu de capture des membres des deux familles, on remarque que leur répartition n'est pas homogène: en dehors de quelques exceptions (les trois individus isolés 22, 35 et 69, et les individus 7 et 29), la grande famille (en jaune) se trouve à Château Dubuc et aux deux stations d'Anse Spoutourne, tandis que la petite famille (en rose) se trouve à Balata et à Château Dubuc dans les captures comprises entre le 7 juillet 2017 et le 18 juillet 2018. Difficile d'expliquer cette répartition différentielle des deux familles en dehors d'un phénomène de reproduction en syntopie. Cependant le passage à Château Dubuc de la grande famille à la petite entre le 5 et le 7 juillet 2017 nous pousse à rechercher une autre explication, peut-être du côté des artefacts de calcul?

D'autre part, aucun parent n'a été détecté par le logiciel parmi ces 69 individus, ce qui est surprenant étant donné la durée de vie (jusqu'à 8 ans) de cette espèce.

9. Conclusion

Bien que la matrice de données puisse être considérée comme trop petite pour apporter des informations utiles sur cette espèce menacée, il a été possible de déterminer avec une certaine sécurité:

- qu'il y a bien une discontinuité entre les deux zones échantillonnées;
- que la taille efficace de cette population est en dessous de 50, ce qui est très faible si l'espèce n'est présente que dans la presqu'île de la Caravelle;

Individus	Sexage_ADN	Site	Capturé
MG01	MALE	Chateau Dubuc	10/02/2016
MG02	MALE	Chateau Dubuc	11/02/2016
MG03	MALE	Chateau Dubuc	11/02/2016
MG04	MALE	Chateau Dubuc	11/02/2016
MG05	FEMELLE	Chateau Dubuc	12/02/2016
MG06	FEMELLE	Chateau Dubuc	12/02/2016
MG07	FEMELLE	Chateau Dubuc	12/02/2016
MG08	FEMELLE	Chateau Dubuc	13/02/2016
MG09	FEMELLE	Chateau Dubuc	14/02/2016
MG10	MALE	Chateau Dubuc	16/02/2016
MG11	MALE	Chateau Dubuc	16/02/2016
MG29	MALE	Chateau Dubuc	02/05/2016
MG30	MALE	Chateau Dubuc	10/05/2016
MG31	FEMELLE	Chateau Dubuc	10/05/2016
MG36	FEMELLE	Chateau Dubuc	13/05/2016
MG37	MALE	Chateau Dubuc	14/05/2016
MG38	MALE	Chateau Dubuc	14/05/2016
MG39	MALE	Chateau Dubuc	15/05/2016
MG40	MALE	Chateau Dubuc	30/06/2017
MG41	MALE	Chateau Dubuc	30/06/2017
MG42	MALE	Chateau Dubuc	01/07/2017
MG43	FEMELLE	Chateau Dubuc	01/07/2017
MG44	MALE	Chateau Dubuc	01/07/2017
MG45	MALE	Chateau Dubuc	02/07/2017
MG46	MALE	Chateau Dubuc	03/07/2017
MG47	FEMELLE	Chateau Dubuc	04/07/2017
MG48	FEMELLE	Chateau Dubuc	05/07/2017
MG49	FEMELLE	Chateau Dubuc	05/07/2017
MG50	MALE	Chateau Dubuc	07/07/2017
MG51	MALE	Chateau Dubuc	07/07/2017
MG52	FEMELLE	Chateau Dubuc	14/08/2017
MG53	MALE	Chateau Dubuc	14/08/2017
MG54	FEMELLE	Chateau Dubuc	16/08/2017
MG55	MALE	Chateau Dubuc	17/08/2017
MG56	FEMELLE	Chateau Dubuc	17/08/2017
MG57	MALE	Chateau Dubuc	12/10/2017
MG60	FEMELLE	Chateau Dubuc	18/07/2018
MG58	MALE	Balata	13/10/2017
MG59	FEMELLE	Balata	10/07/2018
MG61	MALE	Balata	16/07/2018
MG62	MALE	Balata	17/07/2018
MG63	MALE	Balata	17/07/2018
MG64	FEMELLE	Balata	17/07/2018
MG65	MALE	Balata	18/07/2018
MG66	MALE	Balata	18/07/2018
MG67	MALE	Balata	18/07/2018
MG68	FEMELLE	Balata	18/07/2018
MG69	MALE	Balata	20/07/2018
MG12	MALE	Anse Spoutourne	18/02/2016
MG13	FEMELLE	Anse Spoutourne	18/02/2016
MG14	MALE	Anse Spoutourne	18/02/2016
MG15	FEMELLE	Anse Spoutourne	18/02/2016
MG26	MALE	Anse Spoutourne	28/04/2016
MG27	FEMELLE	Anse Spoutourne	28/04/2016
MG32	MALE	Anse Spoutourne	11/05/2016
MG33	MALE	Anse Spoutourne	11/05/2016
MG34	FEMELLE	Anse Spoutourne	12/05/2016
MG35	MALE	Anse Spoutourne	12/05/2016
MG16	MALE	Morne Pavillon	07/03/2016
MG17	MALE	Morne Pavillon	08/04/2016
MG18	FEMELLE	Morne Pavillon	11/04/2016
MG19	MALE	Morne Pavillon	11/04/2016
MG20	FEMELLE	Morne Pavillon	15/04/2016
MG21	MALE	Morne Pavillon	15/04/2016
MG22	FEMELLE	Morne Pavillon	15/04/2016
MG23	MALE	Morne Pavillon	18/04/2016
MG24	MALE	Morne Pavillon	21/04/2016
MG25	MALE	Morne Pavillon	25/04/2016
MG28	MALE	Morne Pavillon	02/05/2016

Tableau 8: En dehors de quelques exceptions (les trois individus isolés 22, 35 et 69, et les individus 7 et 29), la grande famille (en jaune) se trouve à Château Dubuc et aux deux stations d'Anse Spoutourne, tandis que la petite famille (en rose) se trouve à Balata et à Château Dubuc dans les captures comprises entre le 7 juillet 2017 et le 18 juillet 2018.

- que la population analysée comporte deux familles de généalogie différente mais de génétique très proche.

Bien que d'autres vérifications soient nécessaire (mais difficile compte tenu de la faible taille de l'échantillon, faible taille liée aux difficultés d'échantillonner une espèce à faible densité et à capture difficile), nous pouvons considérer que les informations biologiques apportées par ces 69 moqueurs au niveau de 6 marqueurs microsatellites sont nouvelles et très utiles à la gestion.

9. Références citées

DaCosta JM, Miller MJ, Mortensen JL, Reede M. 2019. Phylogenomics clarifies biogeographic and evolutionary history, and conservation status of West Indian tremblers and thrashers (Aves: Mimidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 136 (2019) 196–205.

Robert L. Curryc, Michael D. Sorensona DaCosta *et al.*, 2019. Phylogenomics clarifies biogeographic and evolutionary history, and conservation status of West Indian tremblers and thrashers (Aves: Mimidae)

Do, C., Waples, R. S., Peel, D., Macbeth, G. M., Tillett, B. J. & Ovenden, J. R. (2014) NeEstimator V2: re-implementation of software for the estimation of contemporary effective population size (N_e) from genetic data. *Molecular Ecology Resources*, 14(1), 209-214.

Fridolfsson et Ellegren, 1999

Griffiths *et al.*, 1998

Hill WG (1981) Estimation of effective population size from data on linkage disequilibrium. *Genetical Research Cambridge* 38:209-216

Jones, O. and Wang, J. (2010) COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular Ecology Resources* 10: 551–555.

Jorde PE, Ryman N (2007) Unbiased estimator for genetic drift and effective population size. *Genetics* 177(2):927-935 doi:10.1534/genetics.107.075481

Nei 1978

Nei M, Tajima F (1981) Genetic drift and estimation of effective population size. *Genetics* 1981(3):625-640

Nomura 2008

Pollak E (1983) A new method for estimating the effective population size from allele frequency changes. *Genetics* 104(3):531-548

Pudovkin AI, Zaykin DV, Hedgecock D (1996) On the potential for estimating the effective number of breeders from heterozygote excess in progeny. *Genetics* 144(1):383-387

Temple HJ, Hoffman JI, Amos W 2006. Dispersal, philopatry and intergroup relatedness: fine-scale genetic structure in the white-breasted thrasher, *Ramphocinclus brachyurus*. *Molecular Ecology*, 15(11):3449-3458

Temple *et al.* 2006

Temple *et al.* 2008

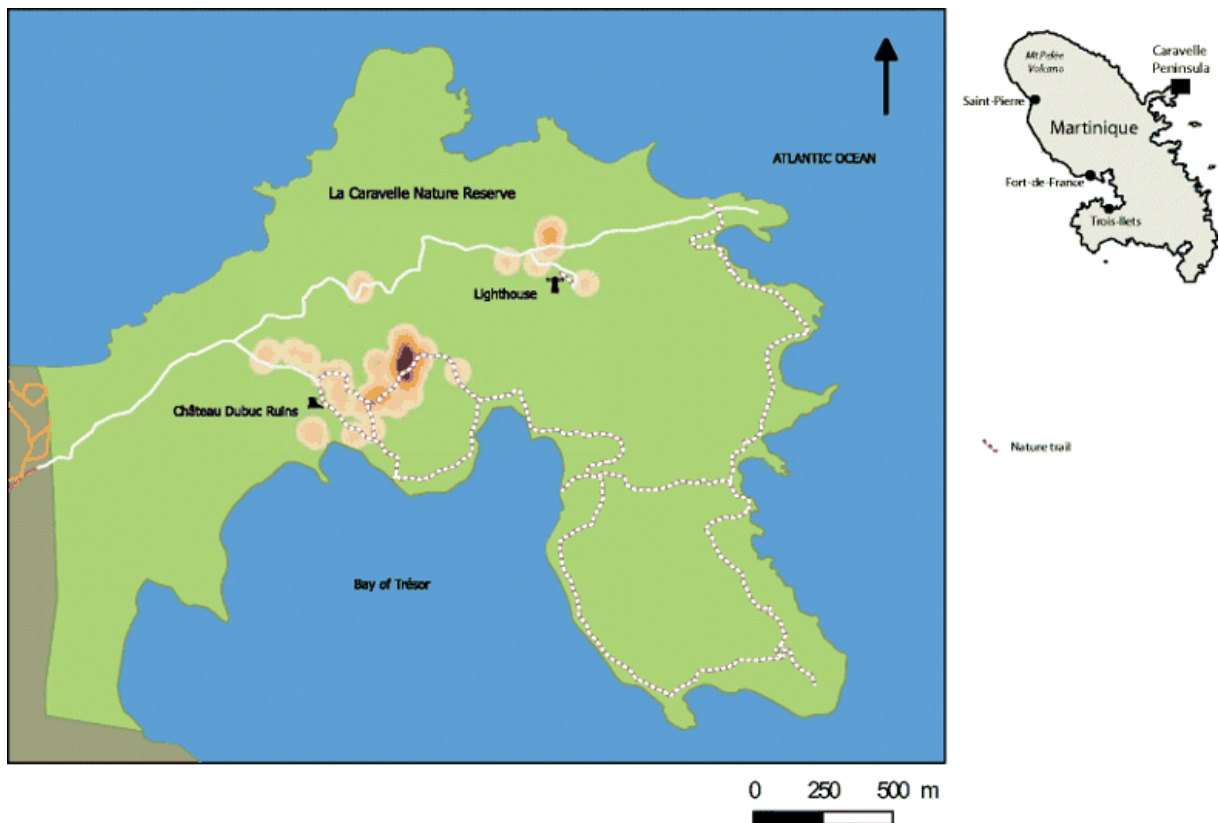
Waples RS (1989) A generalized approach for estimating effective population size from temporal changes in allele frequency. *Genetics* 121(2):379-391

Waples RS (2006) A bias correction for estimates of effective population size based on linkage disequilibrium at unlinked gene loci. *Conservation Genetics* 7(2):167-184 doi:10.1007/s10592-005-9100-y

Waples RS, Do C (2010) Linkage disequilibrium estimates of contemporary N_e using highly variable genetic markers: a largely untapped resource for applied conservation and evolution. *Evol Appl* 3(3):244-262 doi:10.1111/j.1752-4571.2009.00104.x

Zhdanova O, Pudovkin AI (2008) Nb_HetEx: A Program to Estimate the Effective Number of Breeders. *Journal of Heredity* 99(6):694-695 doi:10.1093/jhered/esn061

Fait à Saint-Just le 11 août 2019



D'après Gros-Desormeaux, Lesales & Tayalay (2015)

Annexe 15 : Scripts R produits au cours de la recherche.

```
# *****Script sur les données Historiques - comparaison avec les données de Storer.
```

```
# Auteur : Steven SON
```

```
#####  
#####
```

```
setwd("~/Universités Antilles/Doctorat/Rédactions/Thèse/Partie1_Cadre_conceptuel/Chapitre3_Définition du  
modèle biologique")
```

```
gen<-read.table(file = 'gdata2019_2.txt',header = TRUE) # Tableau des données de 2019
```

```
gen
```

```
genGg<-matrix(nrow = 69,ncol = 6)
```

```
tab<-matrix(nrow = 6900,ncol=6)
```

```
tab<-data.frame(tab)
```

```
colnames(tab)<-c('AilemM','QmM','TarsemM','AilemF','QmF','TarsemF')
```

```
colnames(genGg)<-c('AilemM','QmM','TarsemM','AilemF','QmF','TarsemF')
```

```
genStore<-matrix(nrow = 69,ncol = 6)
```

```
colnames(genStore)<-c('AilemM','QmM','TarsemM','AilemF','QmF','TarsemF')
```

```
AilemM<-rnorm(n = 16,mean = 96.11,sd = 3.77)
```

```
genStore[,1]<-sample(x = AilemM,size = 69,replace = T)
```

```
QmM<-rnorm(n = 13,mean = 76.11,sd = 4.86)
```

```
genStore[,2]<-sample(x = QmM,size = 69,replace = T)
```

```
TarsemM<-rnorm(n = 16,mean = 30.81,sd = 1.01)
```

```
genStore[,3]<-sample(x = TarsemM,size = 69,replace = T)
```

```
AilemF<-rnorm(n = 9,mean = 95.67,sd = 4.33)
```

```
genStore[,4]<-sample(x = AilemF,size = 69,replace = T)
```

```
QmF<-rnorm(n = 9,mean = 75.60,sd = 5.05)
```

```
genStore[,5]<-sample(x = QmF,size = 69,replace = T)
```

```
TarsemF<-rnorm(n = 10,mean = 30.52,sd = 0.67)
```

```
genStore[,6]<-sample(x = TarsemF,size = 69,replace = T)
```

```
genStore
```

```

genStore<-data.frame(genStore)

colnames(genStore)<-c('AilemM','QmM','TarsemM','AilemF','QmF','TarsemF')

genGg<-data.frame(genGg)

for(j in 1:6){

tab$AilemM<-sample(genStore[,1],size = 100,replace=T)
tab$QmM<-sample(genStore[,2],size = 100,replace=T)
tab$TarsemM<-sample(genStore[,3],size = 100,replace=T)
tab$AilemF<-sample(genStore[,4],size = 100,replace=T)
tab$QmF<-sample(genStore[,5],size = 100,replace=T)
tab$TarsemF<-sample(genStore[,6],size = 100,replace=T)

for (i in 1:69){

tab$Site<-c(1:69)

genGg$AilemM[i]<-mean(tab$AilemM[tab$Site==i])
genGg$QmM[i]<-mean(tab$QmM[tab$Site==i])
genGg$TarsemM[i]<-mean(tab$TarsemM[tab$Site==i])
genGg$AilemF[i]<-mean(tab$AilemF[tab$Site==i])
genGg$QmF[i]<-mean(tab$QmF[tab$Site==i])
genGg$TarsemF[i]<-mean(tab$TarsemF[tab$Site==i])

}

}

tab

genGg

#----

summary(genGg)

# t.test entre données Actuelles et données historiques----

tAM<-t.test(gen$Ailem[gen$Sexe=='MALE'],genStore$AilemM)

```

```

tAF<-t.test(gen$Ailem[gen$Sexe=='FEMELLE'],genStore$AilemF)
tQM<-t.test(gen$Qm[gen$Sexe=='MALE'],genStore$QmM)
tQF<-t.test(gen$Qm[gen$Sexe=='FEMELLE'],genStore$QmF)
tTM<-t.test(gen$Tarsem[gen$Sexe=='MALE'],genStore$TarsemM)
tTF<-t.test(gen$Tarsem[gen$Sexe=='FEMELLE'],genStore$TarsemF)

# Cohen's d function ----

# Calcul des d de cohen

# _____
_____

# 1.1.Tailles d'ailes Males ----

#Input----

x1<-c(gen$Ailem[gen$Sexe=='MALE'])
x2<-c(genStore$AilemM)

#Input _ end----

# Now the Cohen's d function :-----
cohend<-function(x1,x2){ #|
  mu1<-mean(x1,na.rm=T) #|
  sd1<-sd(x1,na.rm=T)
  n1<- length(x1) #|
  mu2<-mean(x2,na.rm=T)
  sd2<-sd(x2,na.rm=T) #|
  # mu3<-mean(x3)
  # sd3<-sd(x3)
  # n3<-length(x3)
  n2<- length(x2)
  spool<- sqrt(((n1-1)*sd1^2+(n2-1)*sd2^2)/(n1+n2)) #| Pooled sd
  return((mu1-mu2)/spool) #|
}

cohend(x1,x2) #|Call the function.

# Bootstrap estimation of the 95% Confidence interval
cohend_95CI<- function(x1,x2,nbboot=10000) {

```

```

output<-numeric(nbboot)

for (i in 1:nbboot) {

x1bis<-sample(x1,replace=T)

x2bis<-sample(x2,replace=T)

output[i]<- cohend(x1bis,x2bis)

}

return(c(cohend(x1,x2),quantile(output,c(0.025,0.975))))

}

#----

CohTAM<-cohend_95CI(x1,x2)

#-----
-----

# 1.2.Tailles d'ailes Femelles ----

#Input----

x1<-c(gen$Ailem[gen$Sexe=='FEMELLE'])

x2<-c(genStore$AilemF)

#Input _ end----

# Now the Cohen's d function :-----

cohend<-function(x1,x2){ #|

mu1<-mean(x1,na.rm=T) #|

sd1<-sd(x1,na.rm=T)

n1<- length(x1) #|

mu2<-mean(x2,na.rm=T)

sd2<-sd(x2,na.rm=T) #|

# mu3<-mean(x3)

# sd3<-sd(x3)

# n3<-length(x3)

n2<- length(x2)

spool<- sqrt(((n1-1)*sd1^2+(n2-1)*sd2^2)/(n1+n2)) #| Pooled sd

return((mu1-mu2)/spool) #|

}

```



```

cohend(x1,x2) #|Call the function.

# Bootstrap estimation of the 95% Confidence interval

cohend_95CI<- function(x1,x2,nbboot=10000) {

  output<-numeric(nbboot)

  for (i in 1:nbboot) {

    x1bis<-sample(x1,replace=T)

    x2bis<-sample(x2,replace=T)

    output[i]<- cohend(x1bis,x2bis)

  }

  return(c(cohend(x1,x2),quantile(output,c(0.025,0.975))))

}

#----

CohTAF<-cohend_95CI(x1,x2)

#-----

# 2.1. Tailles de queues Males ----

#Input----

x1<-c(gen$Qm[gen$Sexe=='MALE'])

x2<-c(genStore$QmM)

#Input _ end----

# Now the Cohen's d function :*****

cohend<-function(x1,x2){ #|

  mu1<-mean(x1,na.rm=T) #|

  sd1<-sd(x1,na.rm=T)

  n1<- length(x1) #|

  mu2<-mean(x2,na.rm=T)

  sd2<-sd(x2,na.rm=T) #|

  # mu3<-mean(x3)

  # sd3<-sd(x3)

  # n3<-length(x3)

  n2<- length(x2)

```

```

spool<- sqrt(((n1-1)*sd1^2+(n2-1)*sd2^2)/(n1+n2)) #| Pooled sd
return((mu1-mu2)/spool) #|
}
cohend(x1,x2) #|Call the function.
# Bootstrap estimation of the 95% Confidence interval
cohend_95CI<- function(x1,x2,nbboot=10000) {
  output<-numeric(nbboot)
  for (i in 1:nbboot) {
    x1bis<-sample(x1,replace=T)
    x2bis<-sample(x2,replace=T)
    output[i]<- cohend(x1bis,x2bis)
  }
  return(c(cohend(x1,x2),quantile(output,c(0.025,0.975))))
}
#----
CohQM<-cohend_95CI(x1,x2)
#*****

# 2.2.Tailles de queues Femelles ----
#Input----
x1<-c(gen$Qm[gen$Sexe=='FEMELLE'])
x2<-c(genStore$QmF)
#Input _end----
# Now the Cohen's d function :*****
cohend<-function(x1,x2){ #|
  mu1<-mean(x1,na.rm=T) #|
  sd1<-sd(x1,na.rm=T)
  n1<- length(x1) #|
  mu2<-mean(x2,na.rm=T)
  sd2<-sd(x2,na.rm=T) #|
  # mu3<-mean(x3)

```

```

# sd3<-sd(x3)

# n3<-length(x3)

n2<- length(x2)

spool<- sqrt(((n1-1)*sd1^2+(n2-1)*sd2^2)/(n1+n2)) #| Pooled sd

return((mu1-mu2)/spool) #|

}

cohend(x1,x2) #|Call the function.

# Bootstrap estimation of the 95% Confidence interval

cohend_95CI<- function(x1,x2,nbboot=10000) {

output<-numeric(nbboot)

for (i in 1:nbboot) {

x1bis<-sample(x1,replace=T)

x2bis<-sample(x2,replace=T)

output[i]<- cohend(x1bis,x2bis)

}

return(c(cohend(x1,x2),quantile(output,c(0.025,0.975))))

}

#----

CohQF<-cohend_95CI(x1,x2)

#*****

# 3.1. Tailles de Tarses Males ----

#Input----

x1<-c(gen$Tarsem[gen$Sexe=='MALE'])

x2<-c(genStore$TarsemM)

#Input _ end----

# Now the Cohen's d function :*****

cohend<-function(x1,x2){ #|

mu1<-mean(x1,na.rm=T) #|

sd1<-sd(x1,na.rm=T)

n1<- length(x1) #|

```

```

mu2<-mean(x2,na.rm=T)
sd2<-sd(x2,na.rm=T) #|
n2<- length(x2)
spool<- sqrt(((n1-1)*sd1^2+(n2-1)*sd2^2)/(n1+n2)) #| Pooled sd
return((mu1-mu2)/spool) #|
}
cohend(x1,x2) #|Call the function.
# Bootstrap estimation of the 95% Confidence interval----
cohend_95CI<- function(x1,x2,nbboot=10000) {
  output<-numeric(nbboot)
  for (i in 1:nbboot) {
    x1bis<-sample(x1,replace=T)
    x2bis<-sample(x2,replace=T)
    output[i]<- cohend(x1bis,x2bis)
  }
  return(c(cohend(x1,x2),quantile(output,c(0.025,0.975))))
}
#----
CohTM<-cohend_95CI(x1,x2)
# _____

# 3.2.Tailles de Tarses Femelles ----
#Input----
x1<-c(gen$Tarsem[gen$Sexe=='FEMELLE'])
x2<-c(genStore$TarsemF)
#Input _end----
# Now the Cohen's d function :*****
cohend<-function(x1,x2){ #|
  mu1<-mean(x1,na.rm=T) #|
  sd1<-sd(x1,na.rm=T)

```

```

n1<- length(x1) #|
mu2<-mean(x2,na.rm=T)
sd2<-sd(x2,na.rm=T) #|
n2<- length(x2)
spool<- sqrt(((n1-1)*sd1^2+(n2-1)*sd2^2)/(n1+n2)) #| Pooled sd
return((mu1-mu2)/spool) #|
}
cohend(x1,x2) #|Call the function.
# Bootstrap estimation of the 95% Confidence interval
cohend_95CI<- function(x1,x2,nbboot=10000) {
output<-numeric(nbboot)
for (i in 1:nbboot) {
x1bis<-sample(x1,replace=T)
x2bis<-sample(x2,replace=T)
output[i]<- cohend(x1bis,x2bis)
}
return(c(cohend(x1,x2),quantile(output,c(0.025,0.975))))
}
#----
CohTF<-cohend_95CI(x1,x2)
# Résultats des tests t pa rapport aux sexes ----
tAM
tAF
tQM
tQF
tTM
tTF
# Resultats des d de Cohen par rapport aux Sexes----
CohTAM
CohTAF

```

CohQM

CohQF

CohTM

CohTF

Creation du graphique des d de Cohen----

```
boxplot(CohTAM,CohTAF,CohQM,CohQF,CohTM,CohTF,names=c('AM','AF','QM','QF','TM','TF'),  
ylab="Mesure de taille d'effet")
```

```
abline(h = 0)
```

```
gen
```

```
# ****Script Variabilités morphologiques chez le Moqueur gorge blanche****
```

```
# Auteur : Steven SON
```

```
*****  
*****
```

```
setwd("~/Universités Antilles/Doctorat/Rédactions/Thèse/Partie1_Cadre_conceptuel/Chapitre3_Définition du  
modèle biologique")
```

```
# Début----
```

```
data<-read.table(file = 'gdata2019_2.txt',header = T)
```

```
data
```

```
length(data$Individus)
```

```
data1<-data[1:69,]
```

```
#-----
```

```
data1<-data1[-63,]
```

```
data1<-data1[-55,]
```

```
data1<-data1[-48,]
```

```
data1<-data1[-45,]
```

```
data1<-data1[-41,]
```

```
data1<-data1[-30,]
```

```
data1
```

```
data2<-data[69:191,]
```

```
summary(data1)
```

```
summary(data2)
```

```
t.test(data1$Tarsem,data2$Tarsem)
```

```
x1<-na.omit(data1$Becm)
```

```
x2<-na.omit(data2$Becm)
```

```
cohend<-function(x1,x2){ #|
```

```
mu1<-mean(x1) #|
```

```
sd1<-sd(x1)
```

```

n1<-length(x1) #|
mu2<-mean(x2)
sd2<-sd(x2) #|
n2<-length(x2)
spool<- sqrt(((n1-1)*sd1^2+(n2-1)*sd2^2)/(n1+n2)) #| Pooled sd
return((mu1-mu2)/spool) #|
}
cohend(x2,x1) #|Call the function.
# Bootstrap estimation of the 95% Confidence interval
cohend_95CI<- function(x1,x2,nbboot=10000) {
output<-numeric(nbboot)
for (i in 1:nbboot) {
x1bis<-sample(x1,replace=T)
x2bis<-sample(x2,replace=T)
output[i]<- cohend(x1bis,x2bis)
}
return(c(cohend(x1,x2),quantile(output,c(0.025,0.975))))
}
cohend_95CI(x2,x1)
install.packages('lubridate')
library(lubridate)
data$Date<-dmy(data$Date)
data$Year<-year(data$Date)
data$Year<-as.factor(data$Year)

library(Rcmdr)
a<-na.omit(data$Epm)
sd(a)
install.packages('Factoshiny')
library(Factoshiny)

```



```

PCAshiny(data)

hist(data$Masse)

MFAshiny(data)

a<-log(data$Becm[data$Year=='2016'])

hist(a)

shapiro.test(a)

mod1<-lm(data$Ailem~data$Lieu*data$Year)

summary(mod1)

aov(mod1)

summary.aov(mod1)

# Simulation des données de Storer----

dataStor<-matrix(nrow = 63,ncol = 6)

colnames(dataStor)<-c('AilemM','QmM','TarsemM','AilemF','QmF','TarsemF')

a<-sample(x = rnorm(mean = 96.11,sd = 3.77,n = 16),replace = T,size = 63)

dataStor[,1]<-a

a<-sample(x = rnorm(mean = 76.11,sd = 4.86,n = 13),replace = T,size = 63)

dataStor[,2]<-a

a<-sample(x = rnorm(mean = 30.81,sd = 1.01,n = 16),replace = T,size = 63)

dataStor[,3]<-a

a<-sample(x = rnorm(mean = 95.67,sd = 4.33,n = 9),replace=T,size = 63)

dataStor[,4]<-a

a<-sample(x = rnorm(mean = 75.60,sd = 5.05,n = 10),replace = T,size= 63)

dataStor[,5]<-a

a<-sample(x = rnorm(mean = 30.52,sd = 0.67,n = 9),replace = T,size=63)

dataStor[,6]<-a

summary(dataStor)

for (k in 1:100){

  dataStor[i]<-mean(dataStor[k ])

}

```

```

mod<-lm(data$Masse~data$Sexe)

summary(mod)

mod0<-lm(data$Masse~0)

anova(mod,mod0)

dataStor<-data.frame(dataStor)

B<-rnorm(mean = 96.11,sd = 3.77,n = 44)

C<-rnorm(mean = 95.67,sd = 4.33,n = 25)

Storer<-0

Storer$Aile<-c(B,C)

Storer$sexe[1:44]<-'M'

Storer$sexe[44:69]<-'F'

Storer

mod<-lm(Storer$Aile~Storer$sexe)

mod0<-lm(Storer$Aile~1)

anova(mod,mod0)

summary.aov(mod)

Storer

# Now the Cohen's d function *****

cohend<-function(x1,x2){ #|

  mu1<-mean(x1) #|

  sd1<-sd(x1)

  n1<- length(x1) #|

  mu2<-mean(x2) #|

  sd2<-sd(x2)

  n2<- length(x2)

  spool<- sqrt(((n1-1)*sd1^2+(n2-1)*sd2^2)/(n1+n2)) #| Pooled sd

  return((mu1-mu2)/spool) #|

}

cohend(x1,x2) #|Call the function.

```

```

# Bootstrap estimation of the 95% Confidence interval
cohend_95CI<- function(x1,x2,nbboot=10000) {
  output<-numeric(nbboot)
  for (i in 1:nbboot) {
    x1bis<-sample(x1)
    x2bis<-sample(x2)
    output[i]<- cohend(x1bis,x2bis)
  }
  return(c(cohend(x1,x2),quantile(output,c(0.025,0.975))))
}

x1<-sample(x = Storer$Aile,replace = T,size = 100)
x2<-sample(x = data$Ailem,replace = T,size = 100)
cohend_95CI(x1,x2)
t.test(x1,x2)
mean(x1)
quantile(x1)
mean(x2)
quantile(x2)
boxplot(c(95.67,87.83,101.91),c(mean(97.14,89,104.5)))

B<-rnorm(mean = 30.81,sd = 1.01,n = 69)
C<-rnorm(mean = 30.52,sd = 0.67,n = 69)
Storer$Aile<-c(B,C)
Storer$sexe[1:44]<-'M'
Storer$sexe[44:69]<-'F'
Storer
x1<-sample(x = Storer$Aile,replace = T,size = 100)
x2<-sample(x = data$Tarsem,replace = T,size = 100)
cohend_95CI(x1,x2)

```

```

t.test(x1,x2)

mean(x1)

quantile(x1)

mean(x2)

quantile(x2)

boxplot(c(30.64,28.35,32.78),c(30.14,27.26,39.93))

B<-rnorm(mean = 76.11,sd = 4.86,n = 69)
C<-rnorm(mean = 75.60,sd = 5.05,n = 69)
Storer$Aile<-c(B,C)
Storer$sexe[1:44]<-'M'
Storer$sexe[44:69]<-'F'
Storer
x1<-sample(x = Storer$Aile,replace = T,size = 100)
x2<-sample(x = data$Qm,replace = T,size = 100)
cohend_95CI(x1,x2)
t.test(x1,x2)
mean(x1)
quantile(x1)
mean(x2)
quantile(x2)

boxplot(c(95.67,87.83,101.91),c(97.14,89,104.5),names = c('Storer','Current'),)
boxplot(c(76.95,65.27,88.9),c(92.62,77,117))
boxplot(c(30.64,28.35,32.78),c(30.14,27.26,39.93))
a<-data$Sexe[data$Lieu=='Reserve']
a
summary(a)
mortM<-rnorm(n = 239,mean = 60.56,sd = 3.34)
mortW<-rnorm(n = 233,mean = 104.53,sd = 3.62)

```

```

t.test(data1$Masse,mortM)

t.test(data1$Ailem,mortW)

cohend_95CI(na.omit(data1$Masse),na.omit(mort))

cohend_95CI(na.omit(data1$Ailem),na.omit(mortW))

binom.test(c(57,41),p=0.5)

dataStor<-data.frame(dataStor)

t.test(dataStorAile,data1$Ailem)

t.test(dataStor$AilemM,dataStor$AilemF)

dataStor<-data.frame(dataStor)

datA<-c(sample(dataStor$AilemM,replace = F,size=40),sample(dataStor$AilemF,replace = F,size = 22))

t.test(datA,data1$Ailem)

cohend_95CI(datA,data1$Ailem)

datQ<-c(sample(dataStor$QmM,replace = F,size=40),sample(dataStor$QmF,replace = F,size = 22))

t.test(datQ,data1$Qm)

cohend_95CI(datQ,data1$Qm)

datT<-c(sample(dataStor$TarsemM,replace = F,size=40),sample(dataStor$TarsemF,replace = F,size = 22))

t.test(datT,data1$Tarsem)

cohend_95CI(datT,data1$Tarsem)

dataStorTars<-c(dataStor$TarsemM,dataStor$TarsemF)

t.test(dataStorTars,data1$Tarsem)

cohend_95CI(dataStorTars,data1$Tarsem)

boxdata<-data.frame(dataStorQ[1:63],data1$Qm)

boxplot(boxdata,names=c('1989','2016-2018'),ylab=('Mean tail length'))

boxdata<-data.frame(dataStorTars[1:63],data1$Tarsem)

boxplot(boxdata,names=c('1989','2016-2018'),ylab=('Mean Tarsus length'))

datA<-data.frame(datA)

datQ<-data.frame(datQ)

datT<-data.frame(datT)

manova(dataStor)

```

```

#-----

data1

datS<-data.frame(datA,datT,datQ)

datS

#*****Script Methode de courbe de rarefaction (Kohn et al 1999)*****

# Auteur : Steven SON

# Génotypages --- Tentative d'estimation de taille de population----

# Date de creation : 12 /04 /2019

#*****
*****

setwd("~/Universite des Antilles/Doctorat/Redactions/These/Partie1_Cadre_conceptuel/Chapitre3_Definition du
modele biologique")

genotyp<-read.table(file = 'Génotypage.txt',header = TRUE)

genotyp

Acc<-matrix(nrow=69,ncol=2)

Acc[,1]<-1:69

Acc

Acc[1:29,2]<-1:29

Acc[30,2]<-29

Acc[31:40,2]<-30:39

Acc[41,2]<-39

Acc[42:44,2]<-40:42

Acc[45,2]<-42

Acc[46:47,2]<-43:44

Acc[48,2]<-44

Acc[49:54,2]<-45:50

Acc[55,2]<-50

Acc[56:62,2]<-51:57

Acc[63,2]<-57

```

```

Acc[64:69,2]<-58:63

Acc

plot(x = Acc[,1],y = Acc[,2])

reg<-lm(Acc[,2]~Acc[,1])

Acc<-data.frame(Acc)

# package mosaic

install.packages('mosaic')

library(mosaic)

f<-fitModel(formula = X2~a*X1+b,data = Acc)

f

coef(f)

plotPoints(X2~X1,data = Acc)

plotFun(f(X1)~X1,X1.lim=range(0,69),add=TRUE)

f2<-fitModel(formula = X2~(a*X1)/(b+X1),data = Acc)

plotFun(f2(X1)~X1,X1.lim=range(0,69),add=TRUE,col='red')

coef(f2)

optimize(446.9290*Acc[,1]/(428.1262+Acc[,1]),lower = 63,upper = 2000,maximum = F)

optimize(f = f2,lower = 63,maximum = T,c(63,700))

446

# Programme pour courbes de rarefactions----

# _____New script propre----

# Programme pour courbes de rarefactions----

# Creation de la fonction creerar----

creerar<-function(data){

rar<-matrix(nrow = 69,ncol=70)

```

```

colnames(rar)<-c(genotyp[,1],'ind')

rownames(rar)<-genotyp[,1]

for(i in 1:69){
  for(j in 1:69){

if(data[i,2]==data[j,2]&genotyp[i,3]==data[j,3]&data[i,4]==data[j,4]&data[i,5]==data[j,5]&data[i,6]==data[j,6]
&data[i,7]==data[j,7]){

  rar[i,j]<-1

}

else{

  rar[i,j]<-0

}

}

}

rar[,70]<-genotyp[,1]

for (i in 1:69){
  for(j in 1:69){
    if(rar[i,j]==1)
      rar[i,j]<-rar[i,70]
  }
}

for (i in 1:69){
  for(j in 1:69){
    if(rar[i,j]==30|rar[i,j]==63|rar[i,j]==48|rar[i,j]==45|rar[i,j]==41|rar[i,j]==55){rar[i,j]<-0}
  }
}

for (i in 1:69){
  for(j in 1:69){
    if(rar[i,j]!=0){
      rar[i,j]<-1
    }
  }
}

```



```

}
}

rar<-data.frame(rar)

return(rar)
}

crearar(genotyp)

b

#Création de la fonction rarecurv----
rarecurv<-function(data){
  outpu<-0
  rarind<-matrix(nrow = 69,ncol=5)
  rarind[,1]<-data[,1]
  rarind[,2]<-1
  rar<-rar[,-70]
  for(i in 1:69){rarind[i,3]<-sum(rar[i,])}
  for(i in 1:69){
    if(rarind[i,3]==2){rarind[i,4]<-1}
    if(rarind[i,3]==0){rarind[i,4]<-0}
    if(rarind[i,3]==1){rarind[i,4]<-1}

    rarind[i,5]<-sum(rarind[1:i,4])
  }
  outpu<-rarind[,3]
  return(rarind[,5])
}

crearar(genotyp)
rarecurv(genotyp)

outpu
sum(rar[1,])

```

```

sum(rar[30,])

# Création de stock----

# Modification de rar----

modifrar<-function(data){

  rar<<-rar[sample(1:nrow(rar), 69, replace=FALSE), ]

  return(rar)

}

rar

modifrar(genotyp)

outpu

# Fonction joignant modifrar et rarecurv----

alearar<-function(data){

  crearar(data)

  modifrar(data)

  result<-rarecurv(data)

  return(result)

}

alearar(genotyp)

stock[,2]

stock<-matrix(nrow = 69,ncol=1001)

stock[,1]<-1:69

i <- 1

repeat{

  stock[,i+1]<-alearar(genotyp)

  i <- i + 1

  if( i == 51 ) { break } # Tout le if est executé sur une ligne

}

}

```

```

# Détermination des a----
res<-matrix(nrow = 50,ncol=3)

Acc$X1<-stock[,1]

for(i in 1:50){
  Acc$X2<-stock[,i]
  f2<-fitModel(formula = X2~(a*X1)/(b+X1),data = Acc)
  a<-coef(f2)
  res[i,2]<-a[1]
}
a[1]
res
# Autre tentative----
tab<-matrix(nrow = 1000,ncol=3)
colnames(tab)<-c('iter','a','b')
tab

estim<-function(data){
  Acc$X1<-stock[,1]
  i<-1:50
  i<-sample(i,size = 1,replace = F)
  Acc$X2<-stock[,i]
  f<-fitModel(formula = X2~(a*X1)+b,data = Acc)
  coef(f)
  plotPoints(X2~X1,data = Acc)
  plotFun(f(X1)~X1,X1.lim=range(0,69),add=TRUE)
  f2<-fitModel(formula = X2~(a*X1)/(b+X1),data=Acc)
  plotFun(f2(X1)~X1,X1.lim=range(0,69),add=TRUE,col='red')

  param<<-(coef(f2))
}

```

```

return(param[1])
}
?nls
n<-matrix(nrow = 1000,ncol=2)
n[,1]<-1:1000
i <- 1
repeat{
n[,i+1]<-estim(stock)
i <- i + 1
if( i == 1001 ) { break } # Tout le if est execute sur une ligne
}
}
n<-matrix(nrow = 69,ncol=1)
i <- 1
repeat{
n[i+1]<-estim(stock)
i <- i + 1
if( i == 70 ) { break } # Tout le if est execute sur une ligne
}
}
n
param[1]
attributes(param)
plot(stock[,1]~stock[,1])
par(new=TRUE)
plot(stock[,2]~stock[,1])
par(new=TRUE)
plot(stock[,3]~stock[,1])
par(new=TRUE)
plot(stock[,4]~stock[,1])

```

```

par(new=TRUE)

plot(stock[,5]~stock[,1])

par(new=TRUE)

plot(stock[,6]~stock[,1])

par(new=TRUE)

plot(stock[,7]~stock[,1])

par(new=TRUE)

plot(stock[,4]~stock[,1])

library(xlsx)

write.xlsx(mydata, "c:/mydata.xlsx")

write.table(x = stock,file = 'stock2.txt')

stock<-data.frame(stock)

stock

# Script R : "Analyses comportementales sur les annees 2016,2017,2018"----

# Auteur : Steven SON

#Date de creation : 25/02/2019 – Modifie avec succes le 24/05/2019

#-----

setwd("~/Universites
Antilles/Doctorat/Redactions/These/Partie2_Enjeux_contraintes_de_conservation/Chapitre1_Les perturbations
comportementales")

d<- read.table(file = "Resultat.txt",header = TRUE)

d

cha<-
data.frame(d$id[d$lieu=='chateau'],d$annee[d$lieu=='chateau'],d$dure[d$lieu=='chateau'],d$distance[d$lieu=='c
hateau'],d$comportement[d$lieu=='chateau'],d$nb_occ[d$lieu=='chateau'],d$sinter_event_intervals_mean[d$lieu
=='chateau'],d$Duration_mean_s[d$lieu=='chateau'],d$Latitude[d$lieu=='chateau'],d$Longitude[d$lieu=='chatea
u'])

cha

colnames(cha)<-c('id','annee','dure','distance','comp','nb_comp','moyinter',
'durmoy','Lat','Long')

cha

```

```

hot<-matrix(ncol = 10,nrow=5)

hot

colnames(hot)<-c('id','annee','dure','distance','comp','nb_comp','moyinter',
'durmoy','Lat','Long')

hot<-data.frame(hot)

summary(hot)

for(i in 1:5){
hot$id<-"Hot"

hot$annee<-2018

hot$distance<-13.82

hot$comp<-c('p','g','s','v','o')

hot$dure[1]<-mean(cha$dure[cha$comp=='p' & cha$distance=='13.82366'],
na.rm = T)

hot$dure[2]<-mean(cha$dure[cha$comp=='g' & cha$distance=='13.82366'],
na.rm = T)

hot$dure[3]<-mean(cha$dure[cha$comp=='s' & cha$distance=='13.82366'],
na.rm = T)

hot$dure[4]<-mean(cha$dure[cha$comp=='v' & cha$distance=='13.82366'],
na.rm = T)

hot$dure[5]<-mean(cha$dure[cha$comp=='o' & cha$distance=='13.82366'],
na.rm = T)

hot$nb_comp[1]<-mean(cha$nb_comp[cha$comp=='p' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)
hot$nb_comp[2]<-mean(cha$nb_comp[cha$comp=='g' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)
hot$nb_comp[3]<-mean(cha$nb_comp[cha$comp=='s' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)
hot$nb_comp[4]<-mean(cha$nb_comp[cha$comp=='v' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)
hot$nb_comp[5]<-mean(cha$nb_comp[cha$comp=='o' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)

hot$moyinter[1]<-mean(cha$moyinter[cha$comp=='p' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)
hot$moyinter[2]<-mean(cha$moyinter[cha$comp=='g' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)
hot$moyinter[3]<-mean(cha$moyinter[cha$comp=='s' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)

```

```

hot$moyinter[4]<-mean(cha$moyinter[cha$comp=='v' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)
hot$moyinter[5]<-mean(cha$moyinter[cha$comp=='o' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)

hot$durmoy[3]<-mean(cha$durmoy[cha$comp=='s' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)
hot$durmoy[4]<-mean(cha$durmoy[cha$comp=='v' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)
hot$Lat<-cha$Lat[31]
hot$Long<-cha$Long[31]

}
hot
cha<-cha[-c(31:140),]
cha
cha<-rbind.data.frame(cha,hot)
cha
cha$annee<-as.factor(cha$annee)
summary(cha)
##### Analyse de la
distribution des donnees
hist(cha$distance[cha$annee==2018],xlab = 'Distance au sentier',ylab = 'Fréquence des observations',main =
NULL)# Histogramme pour distribution réelle des distances.
shapiro.test(cha$distance)
qqnorm(cha$distance)
qqline(cha$distance,col='red')
cha
# Nombre d'actes en fonction de l'annee consideree ----
moy16<-mean(x=cha$nb_comp[cha$annee=='2016'])
moy17<-mean(x=cha$nb_comp[cha$annee=='2017'])
moy18<-mean(x=cha$nb_comp[cha$annee=='2018'])
boxplot(cha$nb_comp[cha$comp=='v']~cha$annee[cha$comp=='v'],xlab='Annee,
ylab='Moyenne des actes de vigilance')
boxplot(cha$nb_comp[cha$comp=='g']~cha$annee[cha$comp=='g'],xlab='Annee,

```

```

ylab='Moyenne des actes de grattage')
boxplot(cha$nb_comp[cha$comp=='p']~cha$annee[cha$comp=='p'],xlab='Annee,
ylab='Moyenne des actes de predation')
boxplot(cha$nb_comp[cha$comp=='s']~cha$annee[cha$comp=='s'],xlab='Annee,
ylab='Moyenne des actes de scruttage')
boxplot(cha$nb_comp[cha$comp=='o']~cha$annee[cha$comp=='o'],xlab='Annee,
ylab="Moyenne des actes d'autres comportements")

#-----
# TESTS DE MANTEL SUR LES RANGS / vigilance*****
#-----

#Matrices des distances et corrélations spatiales ----
d
#length(d$id)
a<-data.frame(cha$id[cha$comp=='v'],cha$annee[cha$comp=='v'],
cha$Lat[cha$comp=='v'],cha$Long[cha$comp=='v'])
colnames (a)<-c('id','annee','lat','long')
a
d1<-matrix(nrow = length(a$id), ncol= length(a$id))

d1
colnames(d1)<- a$id
rownames(d1)<- a$id
d1
# Fontion RADIANS----
rad2deg <- function(rad) {(rad * 180) / (pi)}
deg2rad <- function(deg) {(deg * pi) / (180)}

#test:
rad2deg(pi) #180

```



```

rad2deg(2*pi) #360

deg2rad(180) #pi

#Calcul matrice des distances_localisation----
for(j in 1:length(a$id)){
  for (i in 1:length(a$id)){
    d1[i,i]<-acos(sin(deg2rad(a$lat[i]))*sin(deg2rad(a$lat[i]))+cos(deg2rad(a$lat[i]))
*cos(deg2rad(a$lat[i]))*cos(deg2rad(a$long[i]-a$long[i])))*6371*1000
    d1[i,j]<-acos(sin(deg2rad(a$lat[i]))*sin(deg2rad(a$lat[j]))
+cos(deg2rad(a$lat[i]))*cos(deg2rad(a$lat[j]))
*cos(deg2rad(a$long[i]-a$long[j])))*6371*1000
  }
}
d1

b<-data.frame(cha$id[cha$comp=='v'],cha$annee[cha$comp=='v'],
cha$nb_comp[cha$comp=='v'])
colnames (b)<-c('id','annee','vigi')

b

# Test de Mantel ----

# 1. Test de Mantel en fonction des rangs.

# 2016 data

#vigilance

# Creation de la matrice de calcul

d2016<-matrix(nrow =length(b$id[d$annee==2016])/5,
ncol= length(b$id[d$annee==2016])/5)

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand
a<-b[b$annee=='2016',]
ord2016_vigi<-a[order(a[,3]),]
ord2016_vigi$rang<-1:length(a$id)

```

```

for(j in 1:length(d$id[d$annee=='2016' & d$comportement=='v'])){
  for (i in 1:length(d$id[d$annee=='2016' & d$comportement=='v'])){
    d2016[i,j]<-abs(ord2016_vigi$rang[i]- ord2016_vigi$rang[j])
  }
}

# On donne les noms de la matrice d'arrivee
colnames(d2016)<- ord2016_vigi$id
rownames(d2016)<- ord2016_vigi$id

d2016

#Test de Mantel

d1.dist<-dist(d1[36:53,36:53])
d2.dist<-dist(d2016)

mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)

# 2017 data

#vigilance

# Creation de la matrice de calcul

d2017<-matrix(nrow =length(b$id[d$annee==2017])/5,
ncol= length(b$id[d$annee==2017])/5)

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand
a<-b[b$annee=='2017',]
ord2017_vigi<-a[order(a[,3]),]
ord2017_vigi$rang<-1:length(a$id)
for(j in 1:length(d$id[d$annee=='2017' & d$comportement=='v'])){
  for (i in 1:length(d$id[d$annee=='2017' & d$comportement=='v'])){
    d2017[i,j]<-abs((ord2017_vigi$rang[i] - (ord2017_vigi$rang[j]))
  }
}

```

```

# On donne les noms de la matrice d'arrivee
colnames(d2017)<- ord2017_vigi$Sid
rownames(d2017)<- ord2017_vigi$Sid
d2017

#Test de Mantel
d1.dist<-dist(d1[17:35,17:35])
d2.dist<-dist(d2017)

mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)

# 2018 data
#vigilance
# Creation de la matrice de calcul
d2018<-matrix(nrow =17, ncol=17)

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand
a<-b[b$annee=='2018',]
ord2018_vigi<-a[order(a[,3]),]
ord2018_vigi$rang<-1:length(a$Sid)
for(j in 1:17){
  for (i in 1:17){
    d2018[i,j]<-abs((ord2018_vigi$rang[i] - (ord2018_vigi$rang[j]))
  }
}

# On donne les noms de la matrice d'arrivee
colnames(d2018)<- ord2018_vigi$Sid
rownames(d2018)<- ord2018_vigi$Sid
d2018

#Test de Mantel

```

```
d1.dist<-dist(d1[c(1:16,54),c(1:16,54)])
```

```
d2.dist<-dist(d2018)
```

```
mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)
```

```
#-----# TESTS DE MANTEL SUR LES  
Comportements *****
```

```
#-----
```

```
# Test de Mantel ----
```

```
# 1. Test de Mantel en fonction des rangs.
```

```
# 2016 data
```

```
#vigilance
```

```
# Creation de la matrice de calcul
```

```
d2016<-matrix(nrow =length(b$id[d$annee==2016])/5,
```

```
ncol= length(b$id[d$annee==2016])/5)
```

```
# On ordonne les comp du plus petit au plus grand
```

```
a<-b[b$annee=='2016',]
```

```
for(j in 1:length(cha$id[cha$annee=='2016'& cha$comp=='v'])){
```

```
for (i in 1:length(cha$id[cha$annee=='2016'& cha$comp=='v'])){
```

```
d2016[i,j]<-abs(a$vigi[i]-a$vigi[j])
```

```
}
```

```
}
```

```
# On donne les noms de la matrice d'arrivee
```

```
colnames(d2016)<- a$id
```

```
rownames(d2016)<- a$id
```

```
d2016
```

```
#Test de Mantel
```

```
d1.dist<-dist(d1[36:53,36:53])
```

```
d2.dist<-dist(d2016)
```

```
mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)
```

```
# 2017 data -----
```

```

#vigilance

# Creation de la matrice de calcul
d2017<-matrix(nrow =length(b$Id[d$annee==2017])/5,
ncol= length(b$Id[d$annee==2017])/5)

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand
a<-b[b$annee=='2017',]
for(j in 1:length(cha$Id[cha$annee=='2017'& cha$comp=='v'])){
  for (i in 1:length(cha$Id[cha$annee=='2017'& cha$comp=='v'])){
    d2017[i,j]<-abs((a$vigi[i]) - (a$vigi[j]))
  }
}

# On donne les noms de la matrice d'arrivee
colnames(d2017)<- a$Id
rownames(d2017)<-a$Id
d2017

#Test de Mantel
d1.dist<-dist(d1[17:35,17:35])
d2.dist<-dist(d2017)

mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)

# 2018 data
#vigilance
# Creation de la matrice de calcul
d2018<-matrix(nrow =17, ncol= 17)

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand
a<-b[b$annee=='2018',]

```

```

for(j in 1:length(cha$Sid[cha$annee=='2018'& cha$comp=='v'])){
  for (i in 1:length(cha$Sid[cha$annee=='2018'& cha$comp=='v'])){
    d2018[i,j]<-abs((a$vigi[i]) - (a$vigi[j]))
  }
}

# On donne les noms de la matrice d'arrivee
colnames(d2018)<- a$Sid
rownames(d2018)<- a$Sid

d2018

#Test de Mantel

d1.dist<-dist(d1[c(1:16,54),c(1:16,54)])
d2.dist<-dist(d2018)

mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)

#-----
# TESTS DE MANTEL SUR LES RANGS / grattage*****
#-----

b<-data.frame(cha$Sid[cha$comp=='g'],cha$annee[cha$comp=='g'],
cha$nb_comp[cha$comp=='g'])
colnames (b)<-c('id','annee','vigi')

b

# Test de Mantel ----

# 1. Test de Mantel en fonction des rangs.

# 2016 data

#vigilance

# Creation de la matrice de calcul

d2016<-matrix(nrow =length(b$Sid[d$annee==2016])/5,
ncol= length(b$Sid[d$annee==2016])/5)

```

```

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand
a<-b[b$annee=='2016',]
ord2016_vigi<-a[order(a[,3]),]
ord2016_vigi$rang<-1:length(a$Sid)
for(j in 1:length(cha$Sid[cha$annee=='2016'& cha$comp=='g'])){
  for (i in 1:length(cha$Sid[cha$annee=='2016'& cha$comp=='g'])){
    d2016[i,j]<-abs(ord2016_vigi$rang[i]-ord2016_vigi$rang[j])
  }
}

# On donne les noms de la matrice d'arrivee
colnames(d2016)<- ord2016_vigi$Sid
rownames(d2016)<- ord2016_vigi$Sid
d2016

#Test de Mantel

d1.dist<-dist(d1[36:53,36:53])
d2.dist<-dist(d2016)

mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)

# 2017 data
#vigilance
# Creation de la matrice de calcul
d2017<-matrix(nrow =length(b$Sid[d$annee==2017])/5,
ncol= length(b$Sid[d$annee==2017])/5)

```



```

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand.
a<-b[b$annee=='2017',]
ord2017_vigi<-a[order(a[,3]),]
ord2017_vigi$rang<-1:length(a$Id)
for(j in 1:length(cha$Id[cha$annee=='2017'& cha$comp=='g'])){
  for (i in 1:length(cha$Id[cha$annee=='2017'& cha$comp=='g'])){
    d2017[i,j]<-abs((ord2017_vigi$rang[i] - (ord2017_vigi$rang[j]))
  }
}

# On donne les noms de la matrice d'arrivee
colnames(d2017)<- ord2017_vigi$Id
rownames(d2017)<- ord2017_vigi$Id
d2017

#Test de Mantel

d1.dist<-dist(d1[17:35,17:35])
d2.dist<-dist(d2017)

mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)

# 2018 data
#vigilance
# Creation de la matrice de calcul
d2018<-matrix(nrow =17, ncol= 17)

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand
a<-b[b$annee=='2018',]
ord2018_vigi<-a[order(a[,3]),]
ord2018_vigi$rang<-1:length(a$Id)
for(j in 1:length(cha$Id[cha$annee=='2018'& cha$comp=='g'])){
  for (i in 1:length(cha$Id[cha$annee=='2018'& cha$comp=='g'])){

```

```

d2018[i,j]<-abs((ord2018_vigi$rang[i] - (ord2018_vigi$rang[j]))
}
}
# On donne les noms de la matrice d'arrivee
colnames(d2018)<- ord2018_vigi$Sid
rownames(d2018)<- ord2018_vigi$Sid
d2018

#Test de Mantel
d1.dist<-dist(d1[c(1:16,54),c(1:16,54)])
d2.dist<-dist(d2018)

mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)

#-----
# TESTS DE MANTEL SUR LES Comportements
*****
#-----

# Test de Mantel ----
# 1. Test de Mantel en fonction des rangs.
# 2016 data
#Grattage
# Creation de la matrice de calcul
d2016<-matrix(nrow =length(b$Sid[d$annee==2016])/5,
ncol= length(b$Sid[d$annee==2016])/5)

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand
a<-b[b$annee=='2016',]
for(j in 1:length(cha$Sid[cha$annee=='2016'& cha$comp=='g']))){

```

```

for (i in 1:length(cha$Sid[cha$annee=='2016'& cha$comp=='g']))){
d2016[i,j]<-abs(a$vigi[i]-a$vigi[j])
}
}

# On donne les noms de la matrice d'arrivee
colnames(d2016)<- a$Sid
rownames(d2016)<- a$Sid
d2016

#Test de Mantel
d1.dist<-dist(d1[36:53,36:53])
d2.dist<-dist(d2016)

mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)

# 2017 data -----
#vigilance
# Creation de la matrice de calcul
d2017<-matrix(nrow =length(b$Sid[d$annee=='2017'])/5, ncol= length(b$Sid[d$annee=='2017'])/5)

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand
a<-b[b$annee=='2017',]
for(j in 1:length(cha$Sid[cha$annee=='2017'& cha$comp=='g']))){
for (i in 1:length(cha$Sid[cha$annee=='2017'& cha$comp=='g']))){
d2017[i,j]<-abs((a$vigi[i]) - (a$vigi[j]))
}
}

# On donne les noms de la matrice d'arrivee
colnames(d2017)<- a$Sid
rownames(d2017)<-a$Sid

```

```
d2017
```

```
#Test de Mantel
```

```
d1.dist<-dist(d1[17:35,17:35])
```

```
d2.dist<-dist(d2017)
```

```
mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)
```

```
# 2018 data
```

```
#Grattage
```

```
# Creation de la matrice de calcul
```

```
d2018<-matrix(nrow =17, ncol= 17)
```

```
# On ordonne les comp du plus petit au plus grand
```

```
a<-b[b$annee=='2018',]
```

```
for(j in 1:length(cha$Sid[cha$annee=='2018'& cha$comp=='g'])){
```

```
  for (i in 1:length(cha$Sid[cha$annee=='2018'& cha$comp=='g'])){
```

```
    d2018[i,j]<-abs((a$vigi[i]) - (a$vigi[j]))
```

```
  }
```

```
}
```

```
# On donne les noms de la matrice d'arrivee
```

```
colnames(d2018)<- a$Sid
```

```
rownames(d2018)<- a$Sid
```

```
d2018
```

```
#Test de Mantel
```

```
d1.dist<-dist(d1[c(1:16,54),c(1:16,54)])
```

```
d2.dist<-dist(d2018)
```

```
mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)
```

```

#-----
# TESTS DE MANTEL SUR LES RANGS / predation*****
#-----b<-
data.frame(cha$id[cha$comp=='p'],cha$annee[cha$comp=='p'],
cha$nb_comp[cha$comp=='p'])
colnames (b)<-c('id','annee','vigi')
b
# Test de Mantel ----
# 1. Test de Mantel en fonction des rangs.
# 2016 data
#Predation
# Creation de la matrice de calcul
d2016<-matrix(nrow =length(b$id[d$annee==2016])/5,
ncol= length(b$id[d$annee==2016])/5)

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand
a<-b[b$annee=='2016',]
ord2016_vigi<-a[order(a[,3]),]
ord2016_vigi$rang<-1:length(a$id)
for(j in 1:length(cha$id[cha$annee=='2016'& cha$comp=='p'])){
  for (i in 1:length(cha$id[cha$annee=='2016'& cha$comp=='p'])){
    d2016[i,j]<-abs(ord2016_vigi$rang[i]-ord2016_vigi$rang[j])
  }
}

# On donne les noms de la matrice d'arrivee
colnames(d2016)<- ord2016_vigi$id
rownames(d2016)<- ord2016_vigi$id
d2016

#Test de Mantel

```

```

d1.dist<-dist(d1[36:53,36:53])

d2.dist<-dist(d2016)

mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)

# 2017 data

#Predation

# Creation de la matrice de calcul

d2017<-matrix(nrow =length(b$id[d$annee==2017])/5,
ncol= length(b$id[d$annee==2017])/5)

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand
a<-b[b$annee=='2017',]
ord2017_vigi<-a[order(a[,3]),]
ord2017_vigi$rang<-1:length(a$id)
for(j in 1:length(cha$id[cha$annee=='2017'& cha$comp=='p'])){
  for (i in 1:length(cha$id[cha$annee=='2017'& cha$comp=='p'])){
    d2017[i,j]<-abs((ord2017_vigi$rang[i] - (ord2017_vigi$rang[j]))
  }
}

# On donne les noms de la matrice d'arrivee
colnames(d2017)<- ord2017_vigi$id
rownames(d2017)<- ord2017_vigi$id

d2017

#Test de Mantel

d1.dist<-dist(d1[17:35,17:35])

d2.dist<-dist(d2017)

mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)

# 2018 data

```

```

#Predation

# Crreaion de la matrice de calcul

d2018<-matrix(nrow =17, ncol= 17)

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand
a<-b[b$annee=='2018',]
ord2018_vigi<-a[order(a[,3]),]
ord2018_vigi$rang<-1:length(a$Id)
for(j in 1:length(cha$Id[cha$annee=='2018'& cha$comp=='p'])){
  for (i in 1:length(cha$Id[cha$annee=='2018'& cha$comp=='p'])){
    d2018[i,j]<-abs((ord2018_vigi$rang[i] - (ord2018_vigi$rang[j]))
  }
}

# On donne les noms de la matrice d'arrivee
colnames(d2018)<- ord2018_vigi$Id
rownames(d2018)<- ord2018_vigi$Id
d2018

#Test de Mantel

d1.dist<-dist(d1[c(1:16,54),c(1:16,54)])
d2.dist<-dist(d2018)

mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)

###5
#-----
# TESTS DE MANTEL SUR LES Comportements
*****
#-----

# Test de Mantel ----

```

```

# 1. Test de Mantel en fonction des rangs.

# 2016 data

#Predation

# Creation de la matrice de calcul

d2016<-matrix(nrow =length(b$id[d$annee==2016])/5,
ncol= length(b$id[d$annee==2016])/5)

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand
a<-b[b$annee=='2016',]
for(j in 1:length(cha$id[cha$annee=='2016'& cha$comp=='p'])){
  for (i in 1:length(cha$id[cha$annee=='2016'& cha$comp=='p'])){
    d2016[i,j]<-abs(a$vigi[i]-a$vigi[j])
  }
}

# On donne les noms de la matrice d'arrivee
colnames(d2016)<- a$id
rownames(d2016)<- a$id

d2016

#Test de Mantel

d1.dist<-dist(d1[36:53,36:53])
d2.dist<-dist(d2016)

mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)

# 2017 data -----

#Predation

# Creation de la matrice de calcul

d2017<-matrix(nrow =length(b$id[d$annee==2017])/5,

```



```

ncol= length(b$tid[d$annee==2017])/5)

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand
a<-b[b$annee=='2017',]
for(j in 1:length(cha$tid[cha$annee=='2017'& cha$comp=='p'])){
  for (i in 1:length(cha$tid[cha$annee=='2017'& cha$comp=='p'])){
    d2017[i,j]<-abs((a$vigi[i]) - (a$vigi[j]))
  }
}

# On donne les noms de la matrice d'arrivee
colnames(d2017)<- a$tid
rownames(d2017)<-a$tid
d2017

#Test de Mantel

d1.dist<-dist(d1[17:35,17:35])
d2.dist<-dist(d2017)

mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)

# 2018 data
#Predation
# Creation de la matrice de calcul
d2018<-matrix(nrow =17, ncol= 17)

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand
a<-b[b$annee=='2018',]

for(j in 1:length(cha$tid[cha$annee=='2018'& cha$comp=='p'])){
  for (i in 1:length(cha$tid[cha$annee=='2018'& cha$comp=='p'])){
    d2018[i,j]<-abs((a$vigi[i]) - (a$vigi[j]))
  }
}

```

```

}
}
# On donne les noms de la matrice d'arrivee
colnames(d2018)<- a$id
rownames(d2018)<- a$id
d2018

#Test de Mantel

d1.dist<-dist(d1[c(1:16,54),c(1:16,54)])
d2.dist<-dist(d2018)

mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)

#-----

# TESTS DE MANTEL SUR LES RANGS / autres*****

#-----

b<-data.frame(cha$id[cha$comp=='o'],cha$annee[cha$comp=='o'],
cha$nb_comp[cha$comp=='o'])
colnames (b)<-c('id','annee','vigi')
b

# Test de Mantel ----

# 1. Test de Mantel en fonction des rangs.

# 2016 data

#Autres comp

# Creation de la matrice de calcul

d2016<-matrix(nrow =length(b$id[d$annee==2016])/5, ncol= length(b$id[d$annee==2016])/5)

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand

```

```

a<-b[b$annee=='2016',]
ord2016_vigi<-a[order(a[,3]),]
ord2016_vigi$rang<-1:length(a$id)
for(j in 1:length(cha$id[cha$annee=='2016'& cha$comp=='o'])){
  for (i in 1:length(cha$id[cha$annee=='2016'& cha$comp=='o'])){
    d2016[i,j]<-abs(ord2016_vigi$rang[i]-ord2016_vigi$rang[j])
  }
}

# On donne les noms de la matrice d'arrivee
colnames(d2016)<- ord2016_vigi$id
rownames(d2016)<- ord2016_vigi$id
d2016

#Test de Mantel

d1.dist<-dist(d1[36:53,36:53])
d2.dist<-dist(d2016)

mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)

# 2017 data

#Autres comp

# Creation de la matrice de calcul
d2017<-matrix(nrow =length(b$id[d$annee==2017])/5,
ncol= length(b$id[d$annee==2017])/5)

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand
a<-b[b$annee=='2017',]
ord2017_vigi<-a[order(a[,3]),]
ord2017_vigi$rang<-1:length(a$id)
for(j in 1:length(cha$id[cha$annee=='2017'& cha$comp=='o'])){
  for (i in 1:length(cha$id[cha$annee=='2017'& cha$comp=='o'])){

```

```

d2017[i,j]<-abs((ord2017_vigi$rang[i] - (ord2017_vigi$rang[j]))
}
}
# On donne les noms de la matrice d'arrivee
colnames(d2017)<- ord2017_vigi$Sid
rownames(d2017)<- ord2017_vigi$Sid
d2017

#Test de Mantel
d1.dist<-dist(d1[17:35,17:35])
d2.dist<-dist(d2017)

mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)
# 2018 data
#Autres comp
# Creation de la matrice de calcul
d2018<-matrix(nrow =17, ncol= 17)

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand.
a<-b[b$annee=='2018',]
ord2018_vigi<-a[order(a[,3]),]
ord2018_vigi$rang<-1:length(a$Sid)
for(j in 1:length(cha$Sid[cha$annee=='2018'& cha$comp=='o'])){
  for (i in 1:length(cha$Sid[cha$annee=='2018'& cha$comp=='o'])){
    d2018[i,j]<-abs((ord2018_vigi$rang[i] - (ord2018_vigi$rang[j]))
  }
}
# On donne les noms de la matrice d'arrivee
colnames(d2018)<- ord2018_vigi$Sid
rownames(d2018)<- ord2018_vigi$Sid

```

d2018

```
#Test de Mantel
```

```
d1.dist<-dist(d1[c(1:16,54),c(1:16,54)])
```

```
d2.dist<-dist(d2018)
```

```
mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)
```

```
#-----
```

```
# TESTS DE MANTEL SUR LES Comportements *****
```

```
#-----
```

```
# Test de Mantel ----
```

```
# 1. Test de Mantel en fonction des rangs.
```

```
# 2016 data
```

```
#Autres comp
```

```
# Creation de la matrice de calcul
```

```
d2016<-matrix(nrow =length(b$Id[d$annee==2016])/5,
```

```
ncol= length(b$Id[d$annee==2016])/5)
```

```
# On ordonne les comp du plus petit au plus grand
```

```
a<-b[b$annee=='2016',]
```

```
for(j in 1:length(cha$Id[cha$annee=='2016'& cha$comp=='o'])){
```

```
for (i in 1:length(d$Id[cha$annee=='2016'& cha$comp=='o'])){
```

```
d2016[i,j]<-abs(a$vigi[i]-a$vigi[j])
```

```
}
```

```
}
```

```
# On donne les noms de la matrice d'arrivee
```

```
colnames(d2016)<- a$Id
```

```

rownames(d2016)<- a$Id
d2016

#Test de Mantel
d1.dist<-dist(d1[36:53,36:53])
d2.dist<-dist(d2016)

mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)

# 2017 data -----
#Autre comp
# Creation de la matrice de calcul
d2017<-matrix(nrow =length(b$Id[d$annee==2017])/5, ncol= length(b$Id[d$annee==2017])/5)

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand
a<-b[b$annee=='2017',]
for(j in 1:length(cha$Id[cha$annee=='2017'& cha$comp=='o'])){
  for (i in 1:length(cha$Id[cha$annee=='2017'& cha$comp=='o'])){
    d2017[i,j]<-abs((a$vigi[i]) - (a$vigi[j]))
  }
}

# On donne les noms de la matrice d'arrivee
colnames(d2017)<- a$Id
rownames(d2017)<-a$Id
d2017

#Test de Mantel
d1.dist<-dist(d1[17:35,17:35])
d2.dist<-dist(d2017)

```

```

mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)

# 2018 data

#Autre comp

# Creation de la matrice de calcul

d2018<-matrix(nrow =17, ncol= 17)

# On ordonne les comp du plus petit au plus grand

a<-b[b$annee=='2018',]

for(j in 1:length(cha$Sid[cha$annee=='2018'& cha$comp=='o'])){
  for (i in 1:length(cha$Sid[cha$annee=='2018'& cha$comp=='o'])){
    d2018[i,j]<-abs((a$vigi[i]) - (a$vigi[j]))
  }
}

# On donne les noms de la matrice d'arrivee

colnames(d2018)<- a$Sid
rownames(d2018)<- a$Sid

d2018

#Test de Mantel

d1.dist<-dist(d1[c(1:16,54),c(1:16,54)])
d2.dist<-dist(d2018)

mantel.rtest(d1.dist,d2.dist,nrepet = 10000)

#-----
# Moyenne et ecart-type pour les donnees 2016 et 2017
#-----

d

#Vigilance--

moy2016v<-mean((cha$nb_comp[cha$annee==2016& cha$comp=='v']/cha$dure[cha$annee==2016&
cha$comp=='v'])

```

moy2016v*60

```
sd2016v<-sd(cha$nb_comp[cha$annee==2016& cha$comp=='v']/cha$dure[cha$annee==2016&
cha$comp=='v'])
```

sd2016v*60

```
moy2018v<-mean((cha$nb_comp[cha$annee==2018& cha$comp=='v']/cha$dure[cha$annee==2018&
cha$comp=='v'])
```

moy2018v*60

```
sd2018v<-sd(cha$nb_comp[cha$annee==2018& cha$comp=='v']/cha$dure[cha$annee==2018&
cha$comp=='v'])
```

sd2016v*60

#Autres comp--

```
moy2018o<-mean((cha$nb_comp[cha$annee==2018& cha$comp=='o']/cha$dure[cha$annee==2018&
cha$comp=='o'])
```

moy2018o

```
sd2018o<-sd(cha$nb_comp[cha$annee==2018& cha$comp=='o']/cha$dure[cha$annee==2018&
cha$comp=='o'])
```

sd2018o

#Grattage--

```
moy2018g<-mean((cha$nb_comp[cha$annee==2018& cha$comp=='g']/cha$dure[cha$annee==2018&
cha$comp=='g'])
```

moy2018g

```
sd2018g<-sd(cha$nb_comp[cha$annee==2018& cha$comp=='g']/cha$dure[cha$annee==2018&
cha$comp=='g'])
```

sd2018g

#Predation--

```
moy2016p<-mean((cha$nb_comp[cha$annee==2018& cha$comp=='p']/cha$dure[cha$annee==2018&
cha$comp=='p'])
```

moy2016p

```
sd2016p<-sd(cha$nb_comp[cha$annee==2018& cha$comp=='p']/cha$dure[cha$annee==2018&
cha$comp=='p'])
```

sd2016p


```

cha
sd(cha$moyinter[cha$annee=='2018' & cha$comp=='v'],na.rm = T)
Eff<-cha$nb_comp[cha$comp=='g']/cha$nb_comp[cha$comp=='p']
Eff
for (i in 1:54){6
  Eff<-Eff[Eff<1000]}
Eff
mean(Eff)
sd(Eff)
#----
# Manova(donné en fonction de l'Année

cha
#Nom des colonnes dans le jeu de données
names(cha)
## Y1 <-cbind('id','annee','dure','distance','com','nb_comp','moyinter',
'durmoy','Lat','Lat')
comp.manova1<-manova(cbind(cha$dure,cha$distance,cha$nb_comp,cha$moyinter,cha$durmoy)
~as.factor(cha$annee))
summary(comp.manova1)
summary.aov(comp.manova1)

#----

cha
mod0<-lm(cha$nb_comp[cha$comp=='p']~1)
mod1<-lm(cha$nb_comp[cha$comp=='p']~cha$annee[cha$comp=='p'])
summary(mod1)
summary(mod0)
anova(mod0,mod1)
mod0<-lm(cha$nb_comp[cha$comp=='g']~1)

```

```

mod1<-lm(cha$nb_comp[cha$comp=='g']~cha$annee[cha$comp=='g'])
summary(mod1)
summary(mod0)
anova(mod0,mod1)
mod0<-lm(cha$nb_comp[cha$comp=='v']~1)
mod1<-lm(cha$nb_comp[cha$comp=='v']~cha$annee[cha$comp=='v'])
summary(mod1)
summary(mod0)
anova(mod0,mod1)
AovSum(mod1)
mod0<-lm(cha$nb_comp[cha$comp=='o']~1)
mod1<-lm(cha$nb_comp[cha$comp=='o']~cha$annee[cha$comp=='o'])
summary(mod1)
summary(mod0)
anova(mod0,mod1)
mod0<-lm((cha$durmoy[cha$comp=='v']/cha$dure[cha$comp=='v'])~1)
mod1<-lm((cha$durmoy[cha$comp=='v']/cha$dure[cha$comp=='v'])
~cha$annee[cha$comp=='v'])
summary(mod1)
summary(mod0)
anova(mod0,mod1)
cha
mod0<-lm(cha$moyinter[cha$comp=='v']~1)
mod1<-lm(cha$moyinter[cha$comp=='v']~cha$annee[cha$comp=='v'])
summary(mod1)
summary(mod0)
anova(mod0,mod1)
cha<-na.omit(cha)
mod0<-lm((cha$nb_comp[cha$comp=='g']/cha$nb_comp[cha$comp=='p'])~1)
mod1<-lm((cha$nb_comp[cha$comp=='g']/cha$nb_comp[cha$comp=='p'])

```

```

~cha$annee[cha$comp=='v'])
for (i in 1:length(chaid)) {
  cha$Eff[i] <- (cha$nb_comp[cha$comp=='g'][i] / cha$nb_comp[cha$comp=='p'][i])
}
summary(mod1)
summary(mod0)
anova(mod0, mod1)
Eff <- na.omit(cha$Eff)
Eff
for (i in 1:length(Eff)) {
  if (Eff[i] >= 1000) {cha$nb_comp[cha$comp=='p'][i] <- 1
}
}
cha$nb_comp[cha$comp=='p']
for (i in 1:length(chaid)) {
  cha$Eff[i] <- (cha$nb_comp[cha$comp=='g'][i] / cha$nb_comp[cha$comp=='p'][i])
}
cha$Eff <- na.omit(cha$Eff)
Eff <- cha$Eff[1:54]
Eff
mod0 <- lm(Eff ~ cha$annee[cha$comp=='p'])
mod1 <- lm(Eff ~ 1)
anova(mod1, mod0)
cha
# Remise □ des donnees---
# Script R : "Analyses comportementales sur les années 2016,2017,2018"----
# Auteur : Steven SON
# Date de creation : 25/02/2019 – Modifie avec succes le 24/05/2019
#-----

```

```
setwd("~/Universites  
Antilles/Doctorat/Redactions/Thèse/Partie2_Enjeux_contraintes_de_conservation/Chapitre1_Les perturbations  
comportementales")
```

```
d<- read.table(file = "Resultat.txt",header = TRUE)
```

```
d
```

```
cha<-data.frame(d$Id[d$lieu=='chateau'],d$annee[d$lieu=='chateau'],
```

```
d$ind[d$lieu=='chateau'],d$lieu[d$lieu=='chateau'],d$dure[d$lieu=='chateau'],d$distance[d$lieu=='chateau'],d$comp  
portement[d$lieu=='chateau'],d$nb_occ[d$lieu=='chateau'],d$inter_event_intervals_mean[d$lieu=='chateau'],  
d$Duration_mean_s[d$lieu=='chateau'],d$Latitude[d$lieu=='chateau'],d$Longitude[d$lieu=='chateau'])
```

```
cha
```

```
colnames(cha)<-c('id','annee','context','lieu','dure','distance',
```

```
'comp','nb_comp','moyinter','durmoy','Lat','Long')
```

```
cha
```

```
hot<-matrix(ncol = 10,nrow=5)
```

```
hot
```

```
colnames(hot)<-c('id','annee','dure','distance','comp','nb_comp',
```

```
'moyinter','durmoy','Lat','Long')
```

```
hot<-data.frame(hot)
```

```
summary(hot)
```

```
for(i in 1:5){
```

```
hot$Id<-"Hot"
```

```
hot$annee<-2018
```

```
hot$distance<-13.82
```

```
hot$comp<-c('p','g','s','v','o')
```

```
hot$dure[1]<-mean(cha$dure[cha$comp=='p' & cha$distance=='13.82366'],
```

```
na.rm = T)
```

```
hot$dure[2]<-mean(cha$dure[cha$comp=='g' & cha$distance=='13.82366'],
```

```
na.rm = T)
```

```
hot$dure[3]<-mean(cha$dure[cha$comp=='s' & cha$distance=='13.82366'],
```

```
na.rm = T)
```

```
hot$dure[4]<-mean(cha$dure[cha$comp=='v' & cha$distance=='13.82366'],
```

```

na.rm = T)
hot$dure[5]<-mean(cha$dure[cha$comp=='o' & cha$distance=='13.82366'],
na.rm = T)
hot$nb_comp[1]<-mean(cha$nb_comp[cha$comp=='p' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)
hot$nb_comp[2]<-mean(cha$nb_comp[cha$comp=='g' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)
hot$nb_comp[3]<-mean(cha$nb_comp[cha$comp=='s' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)
hot$nb_comp[4]<-mean(cha$nb_comp[cha$comp=='v' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)
hot$nb_comp[5]<-mean(cha$nb_comp[cha$comp=='o' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)

hot$moyinter[1]<-mean(cha$moyinter[cha$comp=='p' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)
hot$moyinter[2]<-mean(cha$moyinter[cha$comp=='g' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)
hot$moyinter[3]<-mean(cha$moyinter[cha$comp=='s' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)
hot$moyinter[4]<-mean(cha$moyinter[cha$comp=='v' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)
hot$moyinter[5]<-mean(cha$moyinter[cha$comp=='o' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)

hot$durmoy[3]<-mean(cha$durmoy[cha$comp=='s' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)
hot$durmoy[4]<-mean(cha$durmoy[cha$comp=='v' & cha$distance=='13.82366'],na.rm = T)
hot$Lat<-cha$Lat[31]
hot$Long<-cha$Long[31]

}
hot
cha<-cha[-c(31:140),]
cha
cha<-rbind.data.frame(cha,hot)
cha
cha$annee<-as.factor(cha$annee)
summary(cha)
cha
d

```

```

cha$context

mod0<-lm(cha$nb_comp[cha$comp=='p']~1)

mod1<-lm(cha$nb_comp[cha$comp=='p']~cha$context[cha$comp=='p']+cha$distance[cha$comp=='p'])

summary(mod0)

summary(mod1)

anova(mod1)

AovSum(mod1)

mod0<-lm(cha$nb_comp[cha$comp=='g']~1)

mod1<-lm(cha$nb_comp[cha$comp=='g']~cha$context[cha$comp=='g']+cha$distance[cha$comp=='g'])

summary(mod0)

summary(mod1)

anova(mod1)

AovSum(mod1)

mod0<-lm(cha$nb_comp[cha$comp=='v']~1)

mod1<-lm(cha$nb_comp[cha$comp=='v']~cha$context[cha$comp=='v']+cha$distance[cha$comp=='v'])

summary(mod0)

summary(mod1)

anova(mod1)

AovSum(mod1)

mod0<-lm(cha$nb_comp[cha$comp=='o']~1)

mod1<-lm(cha$nb_comp[cha$comp=='o']~cha$context[cha$comp=='o']+cha$distance[cha$comp=='o'])

summary(mod0)

summary(mod1)

anova(mod1)

AovSum(mod1)

mod0<-lm(cha$durmoy[cha$comp=='v']~1)

mod1<-lm(cha$durmoy[cha$comp=='v']~cha$context[cha$comp=='v']+cha$distance[cha$comp=='v'])

summary(mod0)

summary(mod1)

anova(mod1)

```

```

AovSum(mod1)

mod0<-lm(cha$moyinter[cha$comp=='v']~1)

mod1<-lm(cha$moyinter[cha$comp=='v']~cha$context[cha$comp=='v']
+cha$distance[cha$comp=='v'])

summary(mod0)

summary(mod1)

anova(mod1)

AovSum(mod1)

mean((cha$durmoy[cha$annee=='2018'& cha$comp=='v'],na.rm=T)
sd(cha$durmoy[cha$annee=='2017'& cha$comp=='v'],na.rm=T)

Boxplot(durmoy[comp]~distance, data=cha, id=list(method="y"))

plot(cha$durmoy[cha$comp=='v']~cha$distance[cha$comp=='v'])

cha$durmoy[cha$comp=='v']

# *****Script R sur les variables d'Habitat de nidification*****
# *****

# Date de création : 14/08/2019

# Auteur : Steven SON

#modification :15/08/2019

#*****
#*****

# Environnement de travail :

setwd("~/Universités
Antilles/Doctorat/Réactions/Traitements/Partie2_Enjeux_contraintes_de_conservation/Chapitre2_Fragilitésautoé
cologiques")

# Chargement des données

data<-read.table(file = 'dataveg.txt',header = TRUE)

data

# Package ACP-----

```

```

install.packages("Factoshiny")

library(Factoshiny)

PCAshiny(data)

levels(data$Nid)

reg<-glm(formula = data$Nid~data$Espece*data$Hauteur*data$Acces,family = binomial(link = 'logit'),data =
data)

summary(reg)

plot(reg)

?Factoshiny

#FAMDshiny(data)

# Réalisation de la régression linéaire multiple binaire

reg<-glm(formula = data$Nid~data$Espece+data$Hauteur*data$Acces,
family = binomial(link = "logit"),data = data)

reg

summary(reg)

levels(data$Placette)

plot(data$Espece~data$dominanceW)

dataVeg<-data.frame(data$Espece,data[13:16])

dataVeg

j<-0

length(dataVeg[1,1])

dataVeg$dominanceW[51]<-'myrcia_citrifolia'

for (i in 1:79){

if (dataVeg$dominanceN[i]=='myrcia_citrifolia') {dataVeg$Myr[i]<-1}else{

dataVeg$Myr[i]<-0

}

if (dataVeg$dominanceE[i]=='myrcia_citrifolia') {

```



```

dataVeg$Myr[i]<-dataVeg$Myr[i+1]}else{
dataVeg$Myr[i]<-dataVeg$Myr[i]+0
}
if (dataVeg$dominanceS[i]=='myrcia_citrifolia') {
dataVeg$Myr[i]<-dataVeg$Myr[i+1]}else{
dataVeg$Myr[i]<-dataVeg$Myr[i]+0
}
if (dataVeg$dominanceW[i]=='myrcia_citrifolia') {d
ataVeg$Myr[i]<-dataVeg$Myr[i+1]}else{
dataVeg$Myr[i]<-dataVeg$Myr[i]+0
}
}
for (i in 1:79){
if (dataVeg$dominanceN[i]=='randia_acuelata') {dataVeg$Ran[i]<-1]}else{
dataVeg$Ran[i]<-0
}
if (dataVeg$dominanceE[i]=='randia_acuelata') {
dataVeg$Ran[i]<-dataVeg$Ran[i+1]}else{
dataVeg$Ran[i]<-dataVeg$Ran[i]+0
}
if (dataVeg$dominanceS[i]=='randia_acuelata') {
dataVeg$Ran[i]<-dataVeg$Ran[i+1]}else{
dataVeg$Ran[i]<-dataVeg$Ran[i]+0
}
if (dataVeg$dominanceW[i]=='randia_acuelata') {
dataVeg$Ran[i]<-dataVeg$Ran[i+1]}else{
dataVeg$Ran[i]<-dataVeg$Ran[i]+0
}
}
}
for (i in 1:79){

```

```

if (dataVeg$dominanceN[i]=='bursera_simaruba') {dataVeg$Bur[i]<-1}else{
dataVeg$Bur[i]<-0
}
if (dataVeg$dominanceE[i]=='bursera_simaruba') {
dataVeg$Bur[i]<-dataVeg$Bur[i+1]else{
dataVeg$Bur[i]<-dataVeg$Bur[i]+0
}
if (dataVeg$dominanceS[i]=='bursera_simaruba') {
dataVeg$Bur[i]<-dataVeg$Bur[i+1]else{
dataVeg$Bur[i]<-dataVeg$Bur[i]+0
}
}
if (dataVeg$dominanceW[i]=='bursera_simaruba') {
dataVeg$Bur[i]<-dataVeg$Bur[i+1]else{
dataVeg$Bur[i]<-dataVeg$Bur[i]+0
}
}
for (i in 1:79){
if (dataVeg$dominanceN[i]=='eugenia_cordata') {dataVeg$Eug[i]<-1}else{
dataVeg$Eug[i]<-0
}
if (dataVeg$dominanceE[i]=='eugenia_cordata') {
dataVeg$Eug[i]<-dataVeg$Eug[i+1]else{
dataVeg$Eug[i]<-dataVeg$Eug[i]+0
}
}
if (dataVeg$dominanceS[i]=='eugenia_cordata') {
dataVeg$Ran[i]<-dataVeg$Eug[i+1]else{
dataVeg$Eug[i]<-dataVeg$Eug[i]+0
}
}
if (dataVeg$dominanceW[i]=='eugenia_cordata') {
dataVeg$Ran[i]<-dataVeg$Eug[i+1]else{

```

```

dataVeg$Eug[i]<-dataVeg$Eug[i]+0
}
}
for (i in 1:79){
  if (dataVeg$dominanceN[i]=='wedelia_calycina') {dataVeg$Wed[i]<-1}else{
    dataVeg$Wed[i]<-0
  }
  if (dataVeg$dominanceE[i]=='wedelia_calycina') {
    dataVeg$Wed[i]<-dataVeg$Wed[i]+1}else{
    dataVeg$Wed[i]<-dataVeg$Wed[i]+0
  }
  if (dataVeg$dominanceS[i]=='wedelia_calycina') {
    dataVeg$Wed[i]<-dataVeg$Wed[i]+1}else{
    dataVeg$Wed[i]<-dataVeg$Wed[i]+0
  }
  if (dataVeg$dominanceW[i]=='wedelia_calycina') {
    dataVeg$Wed[i]<-dataVeg$Wed[i]+1}else{
    dataVeg$Wed[i]<-dataVeg$Wed[i]+0
  }
}
}
for (i in 1:79){
  if (dataVeg$dominanceN[i]=='ardisia_obovata') {dataVeg$Ard[i]<-1}else{
    dataVeg$Ran[i]<-0
  }
  if (dataVeg$dominanceE[i]=='ardisia_obovata') {
    dataVeg$Ard[i]<-dataVeg$Ard[i]+1}else{
    dataVeg$Ard[i]<-dataVeg$Ard[i]+0
  }
  if (dataVeg$dominanceS[i]=='ardisia_obovata') {
    dataVeg$Ard[i]<-dataVeg$Ard[i]+1}else{

```

```

dataVeg$Ard[i]<-dataVeg$Ard[i]+0
}
if (dataVeg$dominanceW[i]=='ardisia_obovata') {
dataVeg$Ard[i]<-dataVeg$Ard[i]+1}else{
dataVeg$Ard[i]<-dataVeg$Ard[i]+0
}
}
for (i in 1:79){
if (dataVeg$dominanceN[i]=='caparis_indica') {dataVeg$Cap[i]<-1}else{
dataVeg$Cap[i]<-0
}
if (dataVeg$dominanceE[i]=='caparis_indica') {
dataVeg$Cap[i]<-dataVeg$Cap[i]+1}else{
dataVeg$Cap[i]<-dataVeg$Cap[i]+0
}
if (dataVeg$dominanceS[i]=='caparis_indica') {
dataVeg$Cap[i]<-dataVeg$Cap[i]+1}else{
dataVeg$Cap[i]<-dataVeg$Cap[i]+0
}
}
if (dataVeg$dominanceW[i]=='caparis_indica') {
dataVeg$Cap[i]<-dataVeg$Cap[i]+1}else{
dataVeg$Cap[i]<-dataVeg$Cap[i]+0
}
}
for (i in 1:79){
if (dataVeg$dominanceN[i]=='conocarpus_erectus') {dataVeg$Con[i]<-1}else{
dataVeg$Con[i]<-0
}
if (dataVeg$dominanceE[i]=='conocarpus_erectus') {
dataVeg$Con[i]<-dataVeg$Con[i]+1}else{

```

```

dataVeg$Con[i]<-dataVeg$Con[i]+0
}
if (dataVeg$dominanceS[i]=='conocarpus_erectus') {
dataVeg$Con[i]<-dataVeg$Con[i]+1}else{
dataVeg$Con[i]<-dataVeg$Con[i]+0
}
if (dataVeg$dominanceW[i]=='conocarpus_erectus') {
dataVeg$Con[i]<-dataVeg$Con[i]+1}else{
dataVeg$Con[i]<-dataVeg$Con[i]+0
}
}
for (i in 1:79){
if (dataVeg$dominanceN[i]=='coccoloba_pubescens') {dataVeg$Coc[i]<-1}else{
dataVeg$Coc[i]<-0
}
if (dataVeg$dominanceE[i]=='coccoloba_pubescens') {
dataVeg$Coc[i]<-dataVeg$Coc[i]+1}else{
dataVeg$Coc[i]<-dataVeg$Coc[i]+0
}
if (dataVeg$dominanceS[i]=='coccoloba_pubescens') {
dataVeg$Coc[i]<-dataVeg$Coc[i]+1}else{
dataVeg$Coc[i]<-dataVeg$Coc[i]+0
}
if (dataVeg$dominanceW[i]=='coccoloba_pubescens') {
dataVeg$Coc[i]<-dataVeg$Coc[i]+1}else{
dataVeg$Coc[i]<-dataVeg$Coc[i]+0
}
}
}
for (i in 1:79){
if (dataVeg$dominanceN[i]=='Hippomane_mancinella') {

```

```

dataVeg$Hip[i]<-1}else{
dataVeg$Hip[i]<-0
}
if (dataVeg$dominanceE[i]=='Hippomane_mancinella') {
dataVeg$Hip[i]<-dataVeg$Hip[i+1]}else{
dataVeg$Hip[i]<-dataVeg$Hip[i]+0
}
if (dataVeg$dominanceS[i]=='Hippomane_mancinella') {
dataVeg$Hip[i]<-dataVeg$Hip[i+1]}else{
dataVeg$Hip[i]<-dataVeg$Hip[i]+0
}
if (dataVeg$dominanceW[i]=='Hippomane_mancinella') {
dataVeg$Hip[i]<-dataVeg$Hip[i+1]}else{
dataVeg$Hip[i]<-dataVeg$Hip[i]+0
}
}
for (i in 1:79){
if (dataVeg$dominanceN[i]=='haematoxylum_campechianum') {
dataVeg$Hae[i]<-1}else{
dataVeg$Bur[i]<-0
}
if (dataVeg$dominanceE[i]=='haematoxylum_campechianum') {
dataVeg$Hae[i]<-dataVeg$Hae[i+1]}else{
dataVeg$Hae[i]<-dataVeg$Hae[i]+0
}
if (dataVeg$dominanceS[i]=='haematoxylum_campechianum') {
dataVeg$Hae[i]<-dataVeg$Hae[i+1]}else{
dataVeg$Hae[i]<-dataVeg$Hae[i]+0
}
if (dataVeg$dominanceW[i]=='haematoxylum_campechianum') {

```

```

dataVeg$Hae[i]<-dataVeg$Hae[i+1]}else{
dataVeg$Hae[i]<-dataVeg$Hae[i]+0
}
}
for (i in 1:79){
if (dataVeg$dominanceN[i]=='tamarindus_inca') {dataVeg$Tar[i]<-1}else{
dataVeg$Tar[i]<-0
}
if (dataVeg$dominanceE[i]=='tamarindus_inca') {
dataVeg$Tar[i]<-dataVeg$Tar[i]+1}else{
dataVeg$Tar[i]<-dataVeg$Tar[i]+0
}
if (dataVeg$dominanceS[i]=='tamarindus_inca') {
dataVeg$Tar[i]<-dataVeg$Tar[i]+1}else{
dataVeg$Tar[i]<-dataVeg$Tar[i]+0
}
if (dataVeg$dominanceW[i]=='tamarindus_inca') {
dataVeg$Tar[i]<-dataVeg$Tar[i]+1}else{
dataVeg$Tar[i]<-dataVeg$Tar[i]+0
}
}
for (i in 1:79){
if (dataVeg$dominanceN[i]=='erythroxydon_havanense') {
dataVeg$Ery[i]<-1}else{
dataVeg$Ery[i]<-0
}
if (dataVeg$dominanceE[i]=='erythroxydon_havanense') {
dataVeg$Ery[i]<-dataVeg$Ery[i]+1}else{
dataVeg$Ery[i]<-dataVeg$Ery[i]+0
}
}

```

```

if (dataVeg$dominanceS[i]=='erythroxyton_havanense') {
dataVeg$Ery[i]<-dataVeg$Ery[i+1]}else{
dataVeg$Ery[i]<-dataVeg$Ery[i+0]
}
if (dataVeg$dominanceW[i]=='erythroxyton_havanense') {
dataVeg$Ery[i]<-dataVeg$Ery[i+1]}else{
dataVeg$Ery[i]<-dataVeg$Ery[i+0]
}
}

dataVeg
d<-matrix(ncol = 11,nrow = 9)

for (i in 1:62){
for(j in 1:11){
d[1,1]<-mean(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia'])
d[1,2]<-mean(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia'])
d[1,3]<-mean(dataVeg$Bur[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia'])
d[1,4]<-mean(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia'])
d[1,5]<-mean(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia'])
d[1,6]<-mean(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia'])
d[1,7]<-mean(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia'])
d[1,8]<-mean(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia'])
d[1,9]<-mean(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia'])
d[1,10]<-mean(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia'])
d[2,1]<-mean(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='randia_acuelata'])
d[2,2]<-mean(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='randia_acuelata'])
d[2,3]<-mean(dataVeg$Bur[dataVeg$data.Espece=='randia_acuelata'])
d[2,4]<-mean(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='randia_acuelata'])

```



```
d[2,5]<-mean(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='randia_acuelata'])
d[2,6]<-mean(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='randia_acuelata'])
d[2,7]<-mean(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='randia_acuelata'])
d[2,8]<-mean(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='randia_acuelata'])
d[2,9]<-mean(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='randia_acuelata'])
d[2,10]<-mean(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='randia_acuelata'])
```

```
d[3,1]<-mean(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='eugenia_cordata'])
d[3,2]<-mean(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='eugenia_cordata'])
d[3,3]<-mean(dataVeg$Bur[dataVeg$data.Espece=='eugenia_cordata'])
d[3,4]<-mean(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='eugenia_cordata'])
d[3,5]<-mean(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='eugenia_cordata'])
d[3,6]<-mean(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='eugenia_cordata'])
d[3,7]<-mean(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='eugenia_cordata'])
d[3,8]<-mean(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='eugenia_cordata'])
d[3,9]<-mean(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='eugenia_cordata'])
d[3,10]<-mean(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='eugenia_cordata'])
```

```
d[4,1]<-mean(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata'])
d[4,2]<-mean(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata'])
d[4,3]<-mean(dataVeg$Bur[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata'])
d[4,4]<-mean(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata'])
d[4,5]<-mean(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata'])
d[4,6]<-mean(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata'])
d[4,7]<-mean(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata'])
d[4,8]<-mean(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata'])
d[4,9]<-mean(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata'])
d[4,10]<-mean(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata'])
```

```
d[5,1]<-mean(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus'])
d[5,2]<-mean(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus'])
```

```

d[5,3]<-mean(dataVeg$Bur[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus'])
d[5,4]<-mean(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus'])
d[5,5]<-mean(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus'])
d[5,6]<-mean(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus'])
d[5,7]<-mean(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus'])
d[5,8]<-mean(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus'])
d[5,9]<-mean(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus'])
d[5,10]<-mean(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus'])
d[6,1]<-mean(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens'])
d[6,2]<-mean(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens'])
d[6,3]<-mean(dataVeg$Bur[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens'])
d[6,4]<-mean(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens'])
d[6,5]<-mean(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens'])
d[6,6]<-mean(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens'])
d[6,7]<-mean(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens'])
d[6,8]<-mean(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens'])
d[6,9]<-mean(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens'])
d[6,10]<-mean(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens'])

d[7,1]<-mean(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii'])
d[7,2]<-mean(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii'])
d[7,3]<-mean(dataVeg$Bur[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii'])
d[7,4]<-mean(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii'])
d[7,5]<-mean(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii'])
d[7,6]<-mean(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii'])
d[7,7]<-mean(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii'])
d[7,8]<-mean(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii'])
d[7,9]<-mean(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii'])
d[7,10]<-mean(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii'])
d[8,1]<-mean(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata'])

```

```

d[8,2]<-mean(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata'])
d[8,3]<-mean(dataVeg$Bur[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata'])
d[8,4]<-mean(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata'])
d[8,5]<-mean(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata'])
d[8,6]<-mean(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata'])
d[8,7]<-mean(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata'])
d[8,8]<-mean(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata'])
d[8,9]<-mean(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata'])
d[8,10]<-mean(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata'])

```

```

d[9,1]<-mean(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='pisonia_subcordata'])
d[9,2]<-mean(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='pisonia_subcordata'])
d[9,3]<-mean(dataVeg$Bur[dataVeg$data.Espece=='pisonia_subcordata'])
d[9,4]<-mean(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='pisonia_subcordata'])
d[9,5]<-mean(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='pisonia_subcordata'])
d[9,6]<-mean(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='pisonia_subcordata'])
d[9,7]<-mean(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='pisonia_subcordata'])
d[9,8]<-mean(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='pisonia_subcordata'])
d[9,9]<-mean(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='pisonia_subcordata'])
d[9,10]<-mean(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='pisonia_subcordata'])
}

```

```

}
```

```

s<-matrix(ncol = 11,nrow = 9)
```

```

for (i in 1:62){
```

```

  for(j in 1:11){
```

```

    s[1,1]<-sd(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia'])
```

```

    s[1,2]<-sd(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia'])
```

s[1,3]<-sd(dataVeg\$Bur[dataVeg\$data.Espece=='myrcia_citrifolia'])
s[1,4]<-sd(dataVeg\$Wed[dataVeg\$data.Espece=='myrcia_citrifolia'])
s[1,5]<-sd(dataVeg\$Cap[dataVeg\$data.Espece=='myrcia_citrifolia'])
s[1,6]<-sd(dataVeg\$Con[dataVeg\$data.Espece=='myrcia_citrifolia'])
s[1,7]<-sd(dataVeg\$Coc[dataVeg\$data.Espece=='myrcia_citrifolia'])
s[1,8]<-sd(dataVeg\$Hip[dataVeg\$data.Espece=='myrcia_citrifolia'])
s[1,9]<-sd(dataVeg\$Tar[dataVeg\$data.Espece=='myrcia_citrifolia'])
s[1,10]<-sd(dataVeg\$Ery[dataVeg\$data.Espece=='myrcia_citrifolia'])
s[2,1]<-sd(dataVeg\$Myr[dataVeg\$data.Espece=='randia_acuelata'])
s[2,2]<-sd(dataVeg\$Ran[dataVeg\$data.Espece=='randia_acuelata'])
s[2,3]<-sd(dataVeg\$Bur[dataVeg\$data.Espece=='randia_acuelata'])
s[2,4]<-sd(dataVeg\$Wed[dataVeg\$data.Espece=='randia_acuelata'])
s[2,5]<-sd(dataVeg\$Cap[dataVeg\$data.Espece=='randia_acuelata'])
s[2,6]<-sd(dataVeg\$Con[dataVeg\$data.Espece=='randia_acuelata'])
s[2,7]<-sd(dataVeg\$Coc[dataVeg\$data.Espece=='randia_acuelata'])
s[2,8]<-sd(dataVeg\$Hip[dataVeg\$data.Espece=='randia_acuelata'])
s[2,9]<-sd(dataVeg\$Tar[dataVeg\$data.Espece=='randia_acuelata'])
s[2,10]<-sd(dataVeg\$Ery[dataVeg\$data.Espece=='randia_acuelata'])

s[3,1]<-sd(dataVeg\$Myr[dataVeg\$data.Espece=='eugenia_cordata'])
s[3,2]<-sd(dataVeg\$Ran[dataVeg\$data.Espece=='eugenia_cordata'])
s[3,3]<-sd(dataVeg\$Bur[dataVeg\$data.Espece=='eugenia_cordata'])
s[3,4]<-sd(dataVeg\$Wed[dataVeg\$data.Espece=='eugenia_cordata'])
s[3,5]<-sd(dataVeg\$Cap[dataVeg\$data.Espece=='eugenia_cordata'])
s[3,6]<-sd(dataVeg\$Con[dataVeg\$data.Espece=='eugenia_cordata'])
s[3,7]<-sd(dataVeg\$Coc[dataVeg\$data.Espece=='eugenia_cordata'])
s[3,8]<-sd(dataVeg\$Hip[dataVeg\$data.Espece=='eugenia_cordata'])
s[3,9]<-sd(dataVeg\$Tar[dataVeg\$data.Espece=='eugenia_cordata'])
s[3,10]<-sd(dataVeg\$Ery[dataVeg\$data.Espece=='eugenia_cordata'])
s[4,1]<-sd(dataVeg\$Myr[dataVeg\$data.Espece=='ardisia_obovata'])

```

s[4,2]<-sd(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata'])
s[4,3]<-sd(dataVeg$Bur[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata'])
s[4,4]<-sd(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata'])
s[4,5]<-sd(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata'])
s[4,6]<-sd(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata'])
s[4,7]<-sd(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata'])
s[4,8]<-sd(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata'])
s[4,9]<-sd(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata'])
s[4,10]<-sd(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata'])

s[5,1]<-sd(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus'])
s[5,2]<-sd(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus'])
s[5,3]<-sd(dataVeg$Bur[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus'])
s[5,4]<-sd(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus'])
s[5,5]<-sd(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus'])
s[5,6]<-sd(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus'])
s[5,7]<-sd(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus'])
s[5,8]<-sd(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus'])
s[5,9]<-sd(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus'])
s[5,10]<-sd(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus'])

s[6,1]<-sd(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens'])
s[6,2]<-sd(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens'])
s[6,3]<-sd(dataVeg$Bur[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens'])
s[6,4]<-sd(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens'])
s[6,5]<-sd(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens'])
s[6,6]<-sd(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens'])
s[6,7]<-sd(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens'])
s[6,8]<-sd(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens'])
s[6,9]<-sd(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens'])
s[6,10]<-sd(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens'])

```

```

s[7,1]<-sd(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii'])
s[7,2]<-sd(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii'])
s[7,3]<-sd(dataVeg$Bur[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii'])
s[7,4]<-sd(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii'])
s[7,5]<-sd(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii'])
s[7,6]<-sd(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii'])
s[7,7]<-sd(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii'])
s[7,8]<-sd(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii'])
s[7,9]<-sd(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii'])
s[7,10]<-sd(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii'])
s[8,1]<-sd(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata'])
s[8,2]<-sd(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata'])
s[8,3]<-sd(dataVeg$Bur[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata'])
s[8,4]<-sd(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata'])
s[8,5]<-sd(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata'])
s[8,6]<-sd(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata'])
s[8,7]<-sd(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata'])
s[8,8]<-sd(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata'])
s[8,9]<-sd(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata'])
s[8,10]<-sd(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata'])

s[9,1]<-sd(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='pisonia_subcordata'])
s[9,2]<-sd(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='pisonia_subcordata'])
s[9,3]<-sd(dataVeg$Bur[dataVeg$data.Espece=='pisonia_subcordata'])
s[9,4]<-sd(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='pisonia_subcordata'])
s[9,5]<-sd(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='pisonia_subcordata'])
s[9,6]<-sd(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='pisonia_subcordata'])
s[9,7]<-sd(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='pisonia_subcordata'])
s[9,8]<-sd(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='pisonia_subcordata'])

```

```

s[9,9]<-sd(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='pisonia_subcordata'])

s[9,10]<-sd(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='pisonia_subcordata'])

}

}

d

s

par(mfrow=c(10,10))

boxplot(c(d[1,1],d[1,1]+s[1,1],d[1,1]-s[1,1]),c(d[1,2],d[1,2]+s[1,2],d[1,2]-s[1,2]),c(d[1,3],d[1,3]+s[1,3],d[1,3]-s[1,3]),c(d[1,4],d[1,4]+s[1,4],d[1,4]-s[1,4]),c(d[1,5],d[1,5]+s[1,5],d[1,5]-s[1,5]),c(d[1,6],d[1,6]+s[1,6],d[1,6]-s[1,6]),c(d[1,7],d[1,7]+s[1,7],d[1,7]-s[1,7]),c(d[1,8],d[1,8]+s[1,8],d[1,8]-s[1,8]),c(d[1,9],d[1,9]+s[1,9],d[1,9]-s[1,9])),

names = c('Myr','Ran','Eug','Ard','Con','Cocp','Cocs','May','Pis'),

main='Dominance vegetale en fonction du support de nid : Myrcia citrifolia')

boxplot(c(d[2,1],d[2,1]+s[2,1],d[2,1]-s[2,1]),c(d[2,2],d[2,2]+s[2,2],d[2,2]-s[2,2]),c(d[2,3],d[2,3]+s[2,3],d[2,3]-s[2,3]),c(d[2,4],d[2,4]+s[2,4],d[2,4]-s[2,4]),c(d[2,5],d[2,5]+s[2,5],d[2,5]-s[2,5]),c(d[2,6],d[2,6]+s[2,6],d[2,6]-s[2,6]),c(d[2,7],d[2,7]+s[2,7],d[2,7]-s[2,7]),c(d[2,8],d[2,8]+s[2,8],d[2,8]-s[2,8]),c(d[2,9],d[2,9]+s[2,9],d[2,9]-s[2,9])),

names = c('Myr','Ran','Eug','Ard','Con','Cocp','Cocs','May','Pis'),

main='Dominance vegetale en fonction du support de nid : Randia acuelata')

boxplot(c(d[3,1],d[3,1]+s[3,1],d[3,1]-s[3,1]),c(d[3,2],d[3,2]+s[3,2],d[3,2]-s[3,2]),c(d[3,3],d[3,3]+s[3,3],d[3,3]-s[3,3]),c(d[3,4],d[3,4]+s[3,4],d[3,4]-s[3,4]),c(d[3,5],d[3,5]+s[3,5],d[3,5]-s[3,5]),c(d[3,6],d[3,6]+s[3,6],d[3,6]-s[3,6]),c(d[3,7],d[3,7]+s[3,7],d[3,7]-s[3,7]),c(d[3,8],d[3,8]+s[3,8],d[3,8]-s[3,8]),c(d[3,9],d[3,9]+s[3,9],d[3,9]-s[3,9])),

names = c('Myr','Ran','Eug','Ard','Con','Cocp','Cocs','May','Pis'),

main='Dominance vegetale en fonction du support de nid : Eugenia cordata')

boxplot(c(d[4,1],d[4,1]+s[4,1],d[4,1]-s[4,1]),c(d[4,2],d[4,2]+s[4,2],d[4,2]-s[4,2]),c(d[4,3],d[4,3]+s[4,3],d[4,3]-s[4,3]),c(d[4,4],d[4,4]+s[4,4],d[4,4]-s[4,4]),c(d[4,5],d[4,5]+s[4,5],d[4,5]-s[4,5]),c(d[4,6],d[4,6]+s[4,6],d[4,6]-s[4,6]),c(d[4,7],d[4,7]+s[4,7],d[4,7]-s[4,7]),c(d[4,8],d[4,8]+s[4,8],d[4,8]-s[4,8]),c(d[4,9],d[4,9]+s[4,9],d[4,9]-s[4,9])),

names = c('Myr','Ran','Eug','Ard','Con','Cocp','Cocs','May','Pis'),

main='Dominance vegetale en fonction du support de nid : Ardisia obovata')

boxplot(c(d[5,1],d[5,1]+s[5,1],d[5,1]-s[5,1]),c(d[5,2],d[5,2]+s[5,2],d[5,2]-s[5,2]),c(d[5,3],d[5,3]+s[5,3],d[5,3]-s[5,3]),c(d[5,4],d[5,4]+s[5,4],d[5,4]-s[5,4]),c(d[5,5],d[5,5]+s[5,5],d[5,5]-s[5,5]),c(d[5,6],d[5,6]+s[5,6],d[5,6]-s[5,6]),c(d[5,7],d[5,7]+s[5,7],d[5,7]-s[5,7]),c(d[5,8],d[5,8]+s[5,8],d[5,8]-s[5,8]),c(d[5,9],d[5,9]+s[5,9],d[5,9]-s[5,9])),

```

```
s[5,6]),c(d[5,7],d[5,7]+s[5,7],d[5,7]-s[5,7]),c(d[5,8],d[5,8]+s[5,8],d[5,8]-s[5,8]),c(d[5,9],d[5,9]+s[5,9],d[5,9]-s[5,9]),
```

```
names = c('Myr','Ran','Eug','Ard','Con','Cocp','Cocs','May','Pis'),
```

```
main='Dominance végétale en fonction du support de nid : Conocarpus erecta')
```

```
boxplot(c(d[6,1],d[6,1]+s[5,1],d[6,1]-s[6,1]),c(d[6,2],d[6,2]+s[6,2],d[6,2]-s[6,2]),c(d[6,3],d[6,3]+s[6,3],d[6,3]-s[6,3]),c(d[6,4],d[6,4]+s[6,4],d[6,4]-s[6,4]),c(d[6,5],d[6,5]+s[6,5],d[6,5]-s[6,5]),c(d[6,6],d[6,6]+s[6,6],d[6,6]-s[6,6]),c(d[6,7],d[6,7]+s[6,7],d[6,7]-s[6,7]),c(d[6,8],d[6,8]+s[6,8],d[6,8]-s[6,8]),c(d[6,9],d[6,9]+s[6,9],d[6,9]-s[6,9]),
```

```
names = c('Myr','Ran','Eug','Ard','Con','Cocp','Cocs','May','Pis'),
```

```
main='Dominance végétale en fonction du support de nid : Coccoloba pubescens')
```

```
boxplot(c(d[7,1],d[7,1]+s[7,1],d[7,1]-s[7,1]),c(d[7,2],d[7,2]+s[7,2],d[7,2]-s[7,2]),c(d[7,3],d[7,3]+s[7,3],d[7,3]-s[7,3]),c(d[7,4],d[7,4]+s[7,4],d[7,4]-s[7,4]),c(d[7,5],d[7,5]+s[7,5],d[7,5]-s[7,5]),c(d[7,6],d[7,6]+s[7,6],d[7,6]-s[7,6]),c(d[7,7],d[7,7]+s[7,7],d[7,7]-s[7,7]),c(d[7,8],d[7,8]+s[7,8],d[7,8]-s[7,8]),c(d[7,9],d[7,9]+s[7,9],d[7,9]-s[7,9]),
```

```
names = c('Myr','Ran','Eug','Ard','Con','Cocp','Cocs','May','Pis'),
```

```
main='Dominance végétale en fonction du support de nid : Coccoloba swartzii')
```

```
boxplot(c(d[8,1],d[8,1]+s[8,1],d[8,1]-s[8,1]),c(d[8,2],d[8,2]+s[8,2],d[8,2]-s[8,2]),c(d[8,3],d[8,3]+s[8,3],d[8,3]-s[8,3]),c(d[8,4],d[8,4]+s[8,4],d[8,4]-s[8,4]),c(d[8,5],d[8,5]+s[8,5],d[8,5]-s[8,5]),c(d[8,6],d[8,6]+s[8,6],d[8,6]-s[8,6]),c(d[8,7],d[8,7]+s[8,7],d[8,7]-s[8,7]),c(d[8,8],d[8,8]+s[8,8],d[8,8]-s[8,8]),c(d[8,9],d[8,9]+s[8,9],d[8,9]-s[8,9]),
```

```
names = c('Myr','Ran','Eug','Ard','Con','Cocp','Cocs','May','Pis'),
```

```
main='Dominance végétale en fonction du support de nid : Maytenus laevigata')
```

```
boxplot(c(d[9,1],d[9,1]+s[9,1],d[9,1]-s[9,1]),c(d[9,2],d[9,2]+s[9,2],d[9,2]-s[9,2]),c(d[9,3],d[9,3]+s[9,3],d[9,3]-s[9,3]),c(d[9,4],d[9,4]+s[9,4],d[9,4]-s[9,4]),c(d[9,5],d[9,5]+s[9,5],d[9,5]-s[9,5]),c(d[9,6],d[9,6]+s[9,6],d[9,6]-s[9,6]),c(d[9,7],d[9,7]+s[9,7],d[9,7]-s[9,7]),c(d[9,8],d[9,8]+s[9,8],d[9,8]-s[9,8]),c(d[9,9],d[9,9]+s[9,9],d[9,9]-s[9,9]),
```

```
names = c('Myr','Ran','Eug','Ard','Con','Cocp','Cocs','May','Pis'),
```

```
main='Dominance végétale en fonction du support de nid : Pisonia subcordata')
```

```
# Calculs du mode -----
```

```
#MYRCIA
```

```
myr_myr<-sort(table(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia']),
```

```
decreasing = T)
```

```
myr_ran<-sort(table(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia']),
```



```

decreasing = T)
myr_eug<-sort(table(dataVeg$Eug[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia']),
decreasing = T)
myr_cap<-sort(table(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia']),
decreasing = T)
myr_con<-sort(table(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia']),
decreasing = T)
myr_cocp<-sort(table(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia']),
decreasing = T)
myr_wed<-sort(table(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia']),
decreasing = T)
myr_hip<-sort(table(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia']),
decreasing = T)
myr_tar<-sort(table(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia']),
decreasing = T)
myr_ery<-sort(table(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='myrcia_citrifolia']),
decreasing = T)
myr_myr
myr_ran
myr_eug
myr_cap
myr_con
myr_cocp
myr_wed
myr_hip
myr_tar
myr_ery
#RANDIA
ran_myr<-sort(table(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='randia_acuelata']),
decreasing = T)

```

```

ran_ran<-sort(table(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='randia_acuelata']),
decreasing = T)

ran_eug<-sort(table(dataVeg$Eug[dataVeg$data.Espece=='randia_acuelata']),
decreasing = T)

ran_cap<-sort(table(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='randia_acuelata']),
decreasing = T)

ran_con<-sort(table(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='randia_acuelata']),
decreasing = T)

ran_cocp<-sort(table(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='randia_acuelata']),
decreasing = T)

ran_wed<-sort(table(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='randia_acuelata']),
decreasing = T)

ran_hip<-sort(table(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='randia_acuelata']),
decreasing = T)

ran_tar<-sort(table(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='randia_acuelata']),
decreasing = T)

ran_ery<-sort(table(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='randia_acuelata']),
decreasing = T)

ran_myr

ran_ran

ran_eug

ran_cap

ran_con

ran_cocp

ran_wed

ran_hip

ran_tar

ran_ery

#EUGENIA

eug_myr<-sort(table(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='eugenia_cordata']),

```

```

decreasing = T)
eug_ran<-sort(table(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='eugenia_cordata']),
decreasing = T)
eug_eug<-sort(table(dataVeg$Eug[dataVeg$data.Espece=='eugenia_cordata']),
decreasing = T)
eug_cap<-sort(table(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='eugenia_cordata']),
decreasing = T)
eug_con<-sort(table(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='eugenia_cordata']),
decreasing = T)
eug_cocp<-sort(table(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='eugenia_cordata']),
decreasing = T)
eug_wed<-sort(table(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='eugenia_cordata']),
decreasing = T)
eug_hip<-sort(table(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='eugenia_cordata']),
decreasing = T)
eug_tar<-sort(table(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='eugenia_cordata']),
decreasing = T)
eug_ery<-sort(table(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='eugenia_cordata']),
decreasing = T)
eug_myr
eug_ran
eug_eug
eug_cap
eug_con
eug_cocp
eug_wed
eug_hip
eug_tar
eug_ery

```

#ARDISIA

```
ard_myr<-sort(table(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata']),
decreasing = T)
ard_ran<-sort(table(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata']),
decreasing = T)
ard_eug<-sort(table(dataVeg$Eug[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata']),
decreasing = T)
ard_cap<-sort(table(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata']),
decreasing = T)
ard_con<-sort(table(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata']),
decreasing = T)
ard_cocp<-sort(table(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata']),
decreasing = T)
ard_wed<-sort(table(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata']),
decreasing = T)
ard_hip<-sort(table(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata']),
decreasing = T)
ard_tar<-sort(table(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata']),
decreasing = T)
ard_ery<-sort(table(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='ardisia_obovata']),
decreasing = T)
ard_myr
ard_ran
ard_eug
ard_cap
ard_con
ard_cocp
ard_wed
ard_hip
ard_tar
ard_ery
```

#CONOCARPUS

```
con_myr<-sort(table(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus']),  
decreasing = T)
```

```
con_ran<-sort(table(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus']),  
decreasing = T)
```

```
con_eug<-sort(table(dataVeg$Eug[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus']),  
decreasing = T)
```

```
con_cap<-sort(table(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus']),  
decreasing = T)
```

```
con_con<-sort(table(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus']),  
decreasing = T)
```

```
con_cocp<-sort(table(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus']),  
decreasing = T)
```

```
con_wed<-sort(table(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus']),  
decreasing = T)
```

```
con_hip<-sort(table(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus']),  
decreasing = T)
```

```
con_tar<-sort(table(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus']),  
decreasing = T)
```

```
con_ery<-sort(table(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='conocarpus_erectus']),  
decreasing = T)
```

con_myr

con_ran

con_eug

con_cap

con_con

con_cocp

con_wed

con_hip

con_tar

```

con_ery

#Coccolobapubescens

cocp_myr<-sort(table(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens']),
decreasing = T)

cocp_ran<-sort(table(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens']),
decreasing = T)

cocp_eug<-sort(table(dataVeg$Eug[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens']),
decreasing = T)

cocp_cap<-sort(table(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens']),
decreasing = T)

cocp_con<-sort(table(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens']),
decreasing = T)

cocp_cocp<-sort(table(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens']),
decreasing = T)

cocp_wed<-sort(table(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens']),
decreasing = T)

cocp_hip<-sort(table(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens']),
decreasing = T)

cocp_tar<-sort(table(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens']),
decreasing = T)

cocp_ery<-sort(table(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_pubescens']),
decreasing = T)

cocp_myr
cocp_ran
cocp_eug
cocp_cap
cocp_con
cocp_cocp
cocp_wed
cocp_hip

```

```

cocp_tar
cocp_ery
#Coccolobaswartzii
cocs_myrc<-sort(table(dataVeg$Myrc[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii']),
decreasing = T)
cocs_ran<-sort(table(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii']),
decreasing = T)
cocs_eug<-sort(table(dataVeg$Eug[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii']),
decreasing = T)
cocs_cap<-sort(table(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii']),
decreasing = T)
cocs_con<-sort(table(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii']),
decreasing = T)
cocs_cocp<-sort(table(dataVeg$Cocp[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii']),
decreasing = T)
cocs_wed<-sort(table(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii']),
decreasing = T)
cocs_hip<-sort(table(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii']),
decreasing = T)
cocs_tar<-sort(table(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii']),
decreasing = T)
cocs_ery<-sort(table(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii']),
decreasing = T)
cocs_myrc
cocs_ran
cocs_eug
cocs_cap
cocs_con
cocs_cocp
cocs_wed

```

```

cocs_hip
cocs_tar
cocs_ery

#Maytenus

may_myr<-sort(table(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata']),
decreasing = T)

may_ran<-sort(table(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata']),
decreasing = T)

may_eug<-sort(table(dataVeg$Eug[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata']),
decreasing = T)

may_cap<-sort(table(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata']),
decreasing = T)

may_con<-sort(table(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata']),
decreasing = T)

may_cocp<-sort(table(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata']),
decreasing = T)

may_wed<-sort(table(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata']),
decreasing = T)

may_hip<-sort(table(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata']),
decreasing = T)

may_tar<-sort(table(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata']),
decreasing = T)

may_ery<-sort(table(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='maytenus_laevigata']),
decreasing = T)

may_myr
may_ran
may_eug
may_cap
may_con
may_cocp

```


may_wed

may_hip

may_tar

may_ery

#Pisonia

```
pis_myr<-sort(table(dataVeg$Myr[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii']),  
decreasing = T)
```

```
pis_ran<-sort(table(dataVeg$Ran[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii']),  
decreasing = T)
```

```
pis_eug<-sort(table(dataVeg$Eug[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii']),  
decreasing = T)
```

```
pis_cap<-sort(table(dataVeg$Cap[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii']),  
decreasing = T)
```

```
pis_con<-sort(table(dataVeg$Con[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii']),  
decreasing = T)
```

```
pis_cocp<-sort(table(dataVeg$Coc[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii']),  
decreasing = T)
```

```
pis_wed<-sort(table(dataVeg$Wed[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii']),  
decreasing = T)
```

```
pis_hip<-sort(table(dataVeg$Hip[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii']),  
decreasing = T)
```

```
pis_tar<-sort(table(dataVeg$Tar[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii']),  
decreasing = T)
```

```
pis_ery<-sort(table(dataVeg$Ery[dataVeg$data.Espece=='coccoloba_swartzii']),  
decreasing = T)
```

pis_myr

pis_ran

pis_eug

pis_cap

pis_con

```

pis_cocp
pis_wed
pis_hip
pis_tar
pis_ery
mod
dataVeg
data
# Test d'explication de l'activite en fonction de l'accès ---
mod0<-reg(data$activite~1)
mod1<-reg(data$activite~data$Acces*data$distbase)
mod1
summary(mod1)
mod1<-glm(data$activite~data$Espece,family=binomial("logit"))
summary(modtes)
mod1
summary(mod1)
data$Nid
data$Espece
chisq.test(data$activite,data$Espece,correct=FALSE)
dataPres<-data[data$Nid=='present',]
dataPres
mod0<-glm(dataPres$activite~dataPres$Espece,family = binomial("logit"))
mod0
summary(mod0)
mod1<-glm(data$Nid~data$diamtronc,family = binomial("logit"))
summary(mod1)
data
plot(data$Nid~data$diamtronc,ylab='Nid',xlab='Diametre du tronc')
qqplot(y = data$Nid,x =data$diamtronc,)

```

```

a<-data$Nid~data$diamtronc
plot(data$diamtronc~data$Nid,ylab='Nid',xlab=' Diametre du tronc')
mod2<-glm(data$activite~data$diamtronc,family = binomial("logit"))
summary(mod2)
mod3<-lm(data$Espece~data$diamtronc)
summary(mod3)
?glm
data$Espece
data$diamtronc
mod3<-lm(data$diamtronc~data$Espece)
summary(mod3)
min(data$diamtronc[data$Nid=='present'])
max(data$diamtronc[data$Nid=='present'])
a<-sort(table(data$diamtronc[data$Nid=='present']))
hist(a)
levels(data$Espece)
data
datatronc<-data[data$diamtronc>=4.3 & data$diamtronc <=20.3,]
length(datatronc$Nid=='present')
modt<-glm(data$Nid~data$Espece, family =binomial("logit"))
modt
summary(modt)
data$Espece
data$Espece[64]<-"coccoloba_pubescens"

```


Résumé

Le Moqueur gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus*) est le plus petit passereau de la famille des Mimidés (Pinchon 1976). Espèce classée sur la liste rouge de l'Union internationale pour la conservation de la nature (U.I.C.N.) au rang d'espèce en danger (BirdLife International 2018), elle présente une inégale répartition démographique sur les deux îles des Petites Antilles dont elle est endémique. En effet, à Sainte-Lucie, où l'on observe la sous-espèce (*Ramphocinclus b. sanctaeluciae*), la population a été estimée entre 1200 et 1700 individus (Young *et al.* 2010, Mortensen et Reed 2016), alors qu'à la Martinique pour *Ramphocinclus b. brachyurus* (Ridgway et Friedmann 1907) la taille de population a été estimée entre 200 et 400 individus (Gros-Désormeaux et Tayalay 2009).

Notre étude s'inscrit dans la continuité de ces différents travaux menés depuis trois décennies sur le Moqueur gorge-blanche de Martinique (*Ramphocinclus b. brachyurus*). En mobilisant différents outils d'écologie et de biologie des populations, nous avons cherché à répondre conjointement aux attentes des gestionnaires et du monde académique sur l'état démographique, morphologique et physiologique de cet oiseau endémique, tout en appliquant des méthodes de recherche-action collaborative. Pour ce faire, après avoir posé le cadre conceptuel qui fonde notre démarche scientifique, nous avons contextualisé l'enjeu de conservation du Moqueur gorge-blanche. En nous inspirant des pratiques observées au sein de disciplines des Sciences Humaines et Sociales, nous avons d'abord cherché à appréhender toute la complexité des rapports entre l'humain et l'oiseau en produisant une historiographie de l'espèce conduisant à sa construction en tant que modèle socio-biologique. Ainsi, nous nous sommes ensuite attelés à décrire le contexte socio-écologique de conservation du Moqueur gorge-blanche (*R. b. brachyurus*) de la Martinique selon différentes échelles spatio-normatives (Forest 2009). Ce cheminement méthodologique est complété par la mise en œuvre de méthodes classiques en Sciences du Vivant et de l'Environnement, telles que la capture marquage recapture (C.M.R.), l'identification d'individus grâce à l'outil génétique, l'analyse des données morphométriques, la cartographie des sites de nidification couplée à l'évaluation de l'habitat et à l'analyse comportementale de l'approvisionnement des Moqueurs gorge-blanche. Cette production de connaissances inédites sur les effectifs, la structure populationnelle, le dimorphisme sexuel, la nidification et l'alimentation a nécessité diverses missions de terrain que nous avons effectuées au sein de la Presqu'île de la Caravelle entre 2016 et 2019.

De cette étude, il ressort que les effectifs de Moqueur gorge-blanche de Martinique sont particulièrement faibles : les différentes estimations obtenues font état d'une population dont l'effectif serait compris entre 150 et 600 individus. L'analyse des données génétiques met en évidence que pour maintenir la diversité génétique de cette unique population, il est nécessaire de maintenir les effectifs au-dessus de 100 individus. Des analyses morphométriques, il ressort une absence de dimorphisme sexuel entre mâles et femelles. Enfin, l'évaluation de l'habitat du Moqueur gorge-blanche révèle le caractère précaire des conditions de nidification et d'alimentation de cette espèce.

Cette recherche sur le Moqueur gorge-blanche se veut comme un point de rupture à partir duquel les efforts de gestion concernant cette espèce puissent aboutir à une conservation effective basée sur des outils scientifiques actualisés. Malgré des limites méthodologiques diverses, cette étude pose les bases de la gestion d'une unique population avec des effectifs particulièrement faibles, dont moins d'un tiers d'entre eux se reproduisent. Au regard de la précarité des conditions de nidification et d'alimentation de cette espèce, ces éléments soulignent la nécessité de classer le Moqueur gorge-blanche (*Ramphocinclus brachyurus brachyurus*) au rang d'espèce en "danger critique d'extinction" dans la Liste Rouge des espèces menacées de l'U.I.C.N.

Mots clés : Caraïbe, conservation, espèce endémique, démographie, dimorphisme sexuel, morphologie, nidification, sous-espèce.