



HAL
open science

GENEXP, un logiciel pour simuler des paysages agricoles

Florence Le Ber, Claire Lavigne, Jean-François Mari, Katarzyna Adamczyk,
Frédérique Angevin

► **To cite this version:**

Florence Le Ber, Claire Lavigne, Jean-François Mari, Katarzyna Adamczyk, Frédérique Angevin. GENEXP, un logiciel pour simuler des paysages agricoles. Colloque International de Géomatique et d'Analyse Spatiale, Recherches et Développement - SAGEO-2006, Sep 2006, Strasbourg/France, France. pp.1 – 12. inria-00103382

HAL Id: inria-00103382

<https://inria.hal.science/inria-00103382>

Submitted on 4 Oct 2006

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.

GENEXP, un logiciel pour simuler des paysages agricoles

En vue de l'étude de la diffusion de transgènes

Florence Le Ber^{1,3}, Claire Lavigne², Jean-François Mari³, Katarzyna Adamczyk⁴, Frédérique Angevin⁵

¹ CEVH UMR MA 101

ENGEES, 1 quai Koch, BP 61039, 67070 Strasbourg cedex

florence.leber@engees.u-strasbg.fr

² INRA - Unité PSH

Domaine ST Paul, site Agroparc, 84914 Avignon cedex 9

claire.lavigne@avignon.inra.fr

³ LORIA UMR 7503

Campus Scientifique, BP 239, 54506 Vandœuvre-lès-Nancy cedex

Jean-Francois.Mari@loria.fr

⁴ INRA - Unité MIA

Domaine de Vilvert, 78352 Jouy-en-Josas cedex

Katarzyna.Adamczyk@jouy.inra.fr

⁵ INRA - Unité Eco-innov

BP 01, 78850 Thiverval Grignon

Frederique.Angevin@jouy.inra.fr

RÉSUMÉ. Dans cet article, nous présentons un simulateur de paysages agricoles bidimensionnels, GENEXP, qui engendre des découpages parcellaires à partir des paramètres statistiques de paysages réels, en utilisant une géométrie algorithmique classique. L'originalité de GENEXP est d'être couplé d'une part avec le logiciel R – qui autorise les paramétrages et traitements statistiques des parcellaires générés – et d'autre part avec le logiciel de fouille de données CARROTAGE – afin d'intégrer des successions de culture construites à partir de bases de données agricoles. Finalement, GENEXP fournit des cartes pluriannuelles de paysages agricoles, qui peuvent être utilisées dans le cadre de nombreuses applications. Ainsi, les résultats des logiciels MAPOD-maïs et GENESYS-colza, qui sont utilisés par les agro-biologistes pour simuler la dispersion des pollens et des graines d'OGM à l'échelle d'une ou quelques parcelles, peuvent être étendus dans le temps et l'espace et permettre une meilleure estimation des risques.

ABSTRACT. This paper presents a software for simulating 2-dimensional agricultural landscapes, named GENEXP, which generates a land subdivision based on statistical parameters of real landscapes, by using a traditional algorithmic geometry. The originality of GENEXP is due to

its coupling with the software R –which allows the parametrisation and the statistical processing of the simulated landscapes– on the one hand, and with the data-mining software CARROTAGE –which builds crop successions from agricultural data bases– on the other hand. Finally, GENEXP provides multiannual maps of agricultural landscapes, which can be used for many applications. Thus, the results of the softwares MAPOD-maïs and GENESYS-colza, which are used by agro-biologists to simulate the dispersion of GMO pollens and seeds at the plot scale, can be extended in time and space in order to better estimate the risks.

MOTS-CLÉS : paysage agricole, simulation, pavage, diagrammes de Voronoï, modèles de Markov cachés, succession de cultures, flux de gènes.

KEYWORDS: agricultural landscape, simulation, tessellation, Voronoï tessellation, hidden Markov models, crop sequences, gene flow.

1. Introduction

Comment la structuration d'un paysage agricole joue-t-elle sur la diffusion par le vent, par les repousses ou les transports mécaniques, des transgènes issus des cultures génétiquement modifiées (OGM) ? Quels sont les paysages où le risque est limité ? Comment ces structures paysagères jouent-elles sur d'autres problèmes, tels que la diffusion de spores de maladies, le développement d'espèces invasives ou l'érosion ?

Pour répondre à ces questions, il est nécessaire de d'élaborer des outils qui permettent de simuler ces phénomènes, sur la base d'expertises multiples : biologistes, agronomes, informaticiens, statisticiens. Ainsi, le travail présenté ici a été effectué dans le cadre de l'appel d'offre « Impact des OGM » du Ministère de la recherche (2002). Nous avons développé un simulateur de paysages agricoles bidimensionnels, GENEXP, qui engendre des découpages parcellaires à partir des paramètres statistiques, en utilisant une géométrie algorithmique classique. Les parcelles sont ensuite affectées d'une culture (colza, maïs, OGM ou non, blé, etc.) selon une distribution extraite de données réelles ou simulées. L'objectif est de simuler des paysages actuels (mais non forcément réels) ou possibles, dotés des caractéristiques utiles pour étudier un phénomène particulier : pour la diffusion des transgènes, les caractéristiques retenues sont par exemple la surface et la compacité des parcelles, le périmètre, la distance entre certains types de cultures ... La limitation à deux dimensions n'est *a priori* pas pénalisante, au vu des paramètres décrits dans les modèles actuels de flux de gènes. Soulignons encore qu'il ne s'agit pas ici d'utiliser les éventuelles données d'un système d'information géographique, ni d'envisager une plateforme générique comme décrite dans [GAU 06].

Cependant, GENEXP a été construit pour autoriser des couplages avec divers logiciels et intégrer différentes méthodes de pavage. En particulier, GENEXP est couplé avec le logiciel de statistiques R – ce qui permet de paramétrer et de décrire les paysages générés. Un couplage avec le logiciel de fouille de données CARROTAGE [MAR 02] est partiellement réalisé, et permet de simuler des successions de culture dans le temps et l'espace. Finalement, GENEXP fournit des cartes pluriannuelles de paysages agricoles sous différents formats, afin d'être utilisées par les logiciels MAPOD-maïs [ANG 01] et GENESYS-colza [COL 01] pour simuler la dispersion des pollens et des graines d'OGM à l'échelle d'un paysage agricole.

L'article est structuré en trois parties. La première présente le contexte politico-agronomique de notre projet, qui est celui de l'introduction des cultures OGM. Le logiciel GENEXP, sa base géométrique et ses fonctionnalités, sont détaillés dans une deuxième partie. La troisième partie s'intéresse aux couplages de GENEXP avec les différents logiciels cités ci-dessus. Enfin nous concluons.

2. Contexte

Dans les années quatre-vingt dix dominait l'idée d'une évaluation au cas par cas des plantes transgéniques à mettre sur le marché, évaluation basée sur des essais en

parcelles. Rapidement, le besoin est apparu d'intégrer ces nouvelles variétés dans des systèmes de culture de manière à mieux appréhender leur gestion par un agriculteur. Des essais comportant des variétés transgéniques de trois espèces de grande culture ont ainsi été mis en place par les instituts techniques, dans des conditions agricoles proches de la réalité [CHA 97]. Cependant, depuis quelques années, l'échelle de quelques parcelles ne paraît plus suffisante pour étudier les questions liées à la coexistence des cultures OGM, conventionnelles et biologiques et l'idée prévaut d'une gestion globale des cultures OGM à l'échelle d'un paysage agricole [ANG 02]. Plusieurs causes peuvent expliquer ce changement d'approche. D'un point de vue biologique, la nécessité de ne pas considérer un champ transgénique comme une unité isolée tient, d'une part, à la mise en évidence de la capacité de certaines plantes cultivées à se maintenir pendant plusieurs années dans les champs et leurs bordures (par exemple [CRA 95, PES 01]) et, d'autre part, à une évolution dans la vision de la communauté scientifique quant à l'appréhension des phénomènes de dispersion aussi bien du pollen [KLE 06] que des graines [COL 01, LIP 04]. Il apparaît ainsi que la dispersion du pollen à longue distance a probablement longtemps été sous-estimée car elle était uniquement mesurée à partir d'expérimentations spatialement limitées (par exemple sur le colza : [SCH 93] ou plus récemment [FUN 06]) et non par des piégeages à l'échelle d'un paysage (par exemple [SQU 99, RIE 02, DEV 05] sur colza). Par conséquent, au moins pour les espèces allogames, des échanges de gènes peuvent se produire entre champs cultivés distants de plusieurs centaines de mètres.

D'un point de vue agronomique, deux situations sont à considérer. La première concerne la mise en culture de variétés transgéniques et non transgénique d'une même espèce. La Commission Européenne a émis des recommandations (2003/556/EC) concernant la mise en place de règles de coexistence entre cultures OGM et non OGM dans les pays membres et établi des règles d'étiquetage et de traçabilité des produits contenant des OGM (Réglementations (EC) 1829/2003 et 1830/2003). Le respect d'un seuil de 0.9 % d'OGM par ingrédient au dessus duquel les produits doivent être étiquetés rend nécessaire la maîtrise des risques de présence fortuite d'OGM par les agriculteurs et les collecteurs produisant du non-OGM ainsi que la mise en place de procédure de traçabilité. Par ailleurs, certains transgènes insérés dans des espèces de grande culture (colza, maïs) ont pour vocation la production de substituts à la pétrochimie, de médicaments ; ce qui pose alors le problème de la coexistence de filières alimentaires et non-alimentaires dans les paysages agricoles.

La seconde concerne la mise en culture d'espèces différentes exprimant la même catégorie de transgène (résistances à de mêmes populations d'insectes) qui nécessite de prendre en compte les interactions entre cultures pour comprendre l'éventuelle gestion des repousses entre cultures successives (dans le cas des résistances à des herbicides) et les conditions dans lesquelles un transgène pourrait être sélectionné ou contourné hors de son champ d'origine.

3. Le logiciel GENEXP

3.1. *Éléments de géométrie algorithmique*

Dans le cadre de l'étude de la diffusion de transgènes, notre objectif n'est pas de construire des paysages "réels" ou visuellement réalistes, mais des paysages dotés des caractéristiques nécessaires à la simulation des phénomènes de dispersion de graines ou pollens. En particulier, nous nous limitons à deux dimensions. De plus, nous avons décidé de schématiser un paysage agricole bidimensionnel par un pavage polygonal. C'est sur cette base que nous avons réalisé la première version de GENEXP [GUE 03], en construisant les paysages à l'aide d'une tessellation bidimensionnelle polygonale, obtenue à l'aide d'un diagramme de Voronoï [CHA 91]. Nous avons également implanté une méthode de pavage à base de polygones simples quelconques (*cf.* section 3.1.2). D'autres méthodes sont envisagées, telle qu'une méthode de pavage rectangulaire aléatoire [MAC 96].

3.1.1. *Diagrammes de Voronoï*

Un diagramme de Voronoï est une partition du plan euclidien \mathbb{R}^2 , générée à partir d'un ensemble E de points, appelés *sites* ou *germes*. À chaque site s_1 est associé un élément p_1 de cette partition, définie par le sous-ensemble des points du plan qui sont plus proches de s_1 que de tous les autres sites de E . La partition ainsi construite est constituée d'autant de polygones que de sites. Ces polygones, appelés *polygone de Voronoï* sont de forme convexe. Leurs arêtes sont donc constituées des points à égale distance de deux sites (figure 1). Concrètement, GENEXP utilise la triangulation de

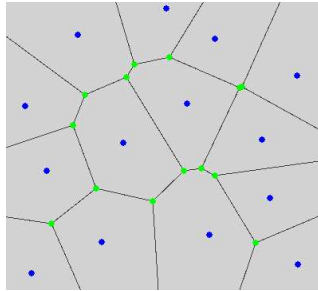


Figure 1. *Un diagramme de Voronoï, avec ses sites et ses sommets affichés*

Delaunay [CHA 91] pour déterminer le diagramme de Voronoï. Chaque polygone est ensuite identifié comme une parcelle du paysage agricole simulé.

Les inconvénients de cette approche sont de deux ordres : d'une part tous les polygones obtenus sont convexes, d'autre part le nombre de sommets est souvent élevé. Néanmoins elle fournit une bonne base de paysage, qui peut être améliorée avec des post-traitements, comme proposé dans GENEXP (voir ci-dessous). En particulier, on

peut jouer sur la taille et l'orientation – voire l'alignement – des polygones en jouant sur le processus de dissémination des sites.

3.1.2. Pavage par un polygone quelconque

L'idée est ici de proposer à l'utilisateur un ou plusieurs types de polygones à partir duquel ou desquels l'espace sera pavé. L'objectif final est d'arriver à combiner des formes pour rendre la complexité d'un paysage réel. La difficulté est qu'il n'existe pas de méthode générale pour paver l'espace avec un polygone non convexe. En revanche, une telle méthode existe pour certains polygones convexes. Nous avons mis de côté le cas des polygones réguliers, qui sont *a priori* de peu d'intérêt pour la simulation du paysage, et nous sommes penchés sur le cas des triangles et quadrilatères irréguliers. La méthode de pavage s'appuie sur la translation d'une forme obtenue par rotation et combinaison du polygone de base (figure 2).

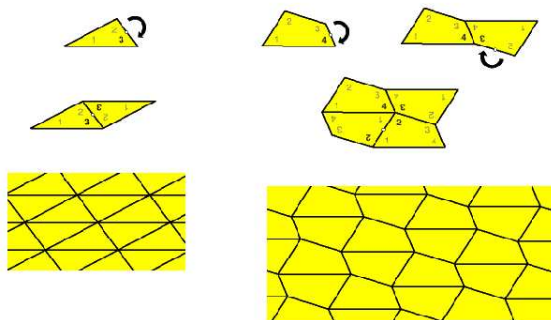


Figure 2. À gauche, pavage avec un triangle, à droite avec un quadrilatère

L'inconvénient de cette approche est qu'elle génère un pavage très régulier, qu'il convient ensuite de déformer de manière aléatoire. Nous avons étudié différentes pistes, fusion, déformation et alignement des polygones selon des lignes de niveau [WEI 05]. Cette dernière piste est prometteuse, au sens où elle permet de simuler des lignes fortes d'un paysage, reliefs, cours d'eau ou routes.

3.2. Fonctionnalités de GENEXP

Les fonctionnalités principales de GENEXP se répartissent en trois temps : génération du parcellaire, post-traitements, description [DEL 04]. Nous décrivons ici les fonctionnalités qui concernent les « paysages Voronoï », mais qui sont également utilisables pour d'autres types de générations (pavage à partir de polygones ou rectangles aléatoires). Toutes ces fonctionnalités ont été implantées en Java, ainsi que l'interface de saisie et de visualisation.

3.2.1. Génération du parcellaire

Pour créer un nouveau paysage, l'utilisateur commence par définir ses dimensions, puis a la possibilité de partitionner cet espace à l'aide de deux outils : un outil de création de zones fermées et un outil de création de routes. Cette fonctionnalité permet à l'utilisateur, d'une part de définir un réseau de routes ou de zones non agricoles de formes quelconques, et d'autre part, de générer des parcellaires différents dans un paysage. Il est ainsi possible de simuler une zone composée de nombreux petits champs à côté d'une zone composée de quelques champs de dimensions importantes, orientés de manière différente.

Chaque zone est ensuite paramétrable indépendamment (figure 3). L'utilisateur décide d'un processus ponctuel pour générer les sites du diagramme de Voronoï, au moyen de fonctions disponibles sous R (cf. section 4.1). Le choix des occupations du sol, distribution fixe, ou distribution markovienne (cf. section 4.2) est également effectuée à ce niveau. Le calcul du parcellaire s'effectue ensuite et l'utilisateur visualise le résultat sous différentes options (figure 4). Les paysages sont exportés au format vecteur sous XML et au format maille.



Figure 3. Sélection d'une zone (en rouge) : le menu permet successivement de paramétrer la zone, puis de calculer le diagramme de Voronoï et enfin de visualiser différents éléments du paysage généré

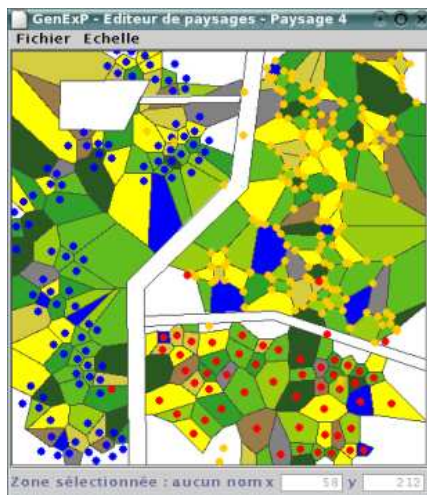


Figure 4. Paysage contenant des zones agricoles et non agricoles. Chaque parcellaire est affiché avec l'occupation du sol mais dispose de paramètres de visualisation différents :

- La région ouest est affichée avec ses sites (en bleu) ;
- La région nord-est avec les sommets des parcelles (en orange) ;
- La région sud-est avec les centres de gravité des parcelles (en rouge).

3.2.2. *Post-traitements et descripteurs*

Dans la version actuelle, GENEXP permet d'effectuer quelques post-traitements sur le paysage généré :

- suppression des parcelles qui dépassent les limites des paysages ;
- élimination des côtés de parcelle de taille inférieure à une valeur donnée ;
- déplacement ou suppression de sommets (manuel).

Des descripteurs des parcelles ont été implantés pour caractériser les parcellaires obtenus. Ces descripteurs ont été définis lors des réunions du projet « Impact des OGM » : surface, périmètre, nombre de sommets, barycentre, rapport surface/périmètre. Ces informations sont ensuite utilisées pour calculer des statistiques sur le parcellaire, qui sont affichées sous forme d'histogrammes. Cette fonctionnalité graphique permet d'afficher simultanément les descripteurs de plusieurs paysages afin de les comparer.

4. Extensions

4.1. *Couplage avec R*

GENEXP est couplé avec le logiciel statistique R, ce qui permet d'étendre les fonctionnalités de GENEXP à deux niveaux et d'envisager une analyse statistique systématique des paysages générés (voir <http://www.r-project.org/>) :

- les bibliothèques spatiales de R permettent de générer des processus ponctuels qui servent de base aux tessellations utilisées dans GENEXP (Voronoi, rectangles aléatoires). Elles donnent les moyens d'explorer plus largement les structures de paysages possibles.
- R contient un certain nombre de descripteurs qui peuvent être utilisés directement sur les paysages générés par GENEXP. Des outils pour afficher les fonctions statistiques sont également disponibles.

4.2. *Couplage avec CARROTAGE*

Pour simuler l'occupation du sol, nous nous inspirons d'une méthode d'anticipation de l'assolement mise au point pour une meilleure gestion des ressources en eau [LEE 05], où les successions de cultures sont représentées par des modèles de Markov cachés (HMM) à l'échelle régionale. Notons que cette méthode ne prend en compte que les dépendances temporelles, et non les dépendances spatiales entre cultures. Ces dépendances temporelles sont extraites de bases de données, telles que la base Ter-Uti [LED 92] au moyen du logiciel CARROTAGE [MAR 02, LEB 06].

CARROTAGE utilise les modèles de Markov cachés pour analyser des observations spatiales ou temporelles continues ou discrètes. Ces modèles permettent de segmenter une suite d'observations en une succession d'états, où les transitions entre états

dépendent, suivant l'ordre n du modèle, de l'état courant et des $n - 1$ états précédents. Dans CARROTAGE, la segmentation peut s'effectuer selon une dimension (segmentation temporelle) ou deux dimensions (segmentation spatiale). Une segmentation spatio-temporelle est également disponible. L'interface permet de créer des modèles, de les apprendre, et de visualiser les transitions entre états ainsi que le contenu des états des HMM (voir <http://www.loria.fr/~jfmari/App/>).

La simulation de l'occupation du sol dans GENEXP s'appuie sur ces deux acquis. À partir d'une première carte d'occupations du sol et d'un modèle de Markov appris par CARROTAGE, nous déterminons les occupations pluri-annuelles par simulation d'une loi multinomiale année par année. En effet, pendant l'apprentissage d'un HMM d'ordre 2 sur les données d'une région, l'algorithme *forward-backward* calcule pour chaque pas de temps t la probabilité *a posteriori* d'observer une succession de trois états i, j, k aux temps $t - 2, t - 1$ et t compte tenu des observations sur toute la période d'étude. Grâce à ce résultat, et après initialisation, on peut, à partir des cartes d'occupations du sol aux temps t_0 et $t_0 + 1$, déterminer de proche en proche les cartes d'occupations aux temps t croissants.

La méthode de simulation temporelle a d'ores et déjà été d'intégrée dans GENEXP. Nous prévoyons dans un deuxième temps d'ajouter une information spatiale représentée, elle aussi, par un modèle de Markov appris grâce à CARROTAGE.

4.3. Vers la simulation des flux de transgènes à l'échelle du paysage

La connexion de GENEXP est prévue avec deux modèles de flux de gènes traitant de cultures différentes et déjà utilisés lors d'études européennes sur la coexistence des cultures transgéniques, conventionnelles et biologiques [ANG 02, MES 06]. GENESYS-colza [COL 01] permet de prédire des taux de présence fortuite dans les récoltes pour un parcellaire, une succession sur chaque parcelle et des techniques associées à chaque culture, l'ensemble étant défini en entrée du modèle. MAPOD-maïs [ANG 01] simule la dissémination de gènes dans un espace spatialement hétérogène sans prendre en compte les successions de culture et les transferts de graines, celles-ci ne persistant pas d'une campagne à l'autre sous nos climats.

Ces deux modèles considèrent des parcellaires donnés en entrée et leurs conclusions sont au moins partiellement dépendantes du parcellaire choisi (voir [KLE 06] pour une analyse de l'impact des formes et tailles des parcelles sur un parcellaire composé de deux parcelles et [COL 05] pour l'analyse de situations contrastées). Afin de rechercher les caractéristiques des parcellaires qui influencent le plus les taux d'impureté des récoltes entre parcelles, il est apparu nécessaire de disposer de modèles probabilistes de parcellaires agricoles, décrivant la répartition spatiale des champs (surface totale couverte, agrégation des champs d'une même espèce ou variété, distribution des surfaces des champs, distance minimale entre champs, distance minimale entre groupes de champs de variétés différentes). Le couplage avec GENEXP permettra par exemple de déterminer la distribution des probabilités de respect du seuil d'impureté

pour des paysages globalement différents mais similaires pour certaines caractéristiques géométriques.

Une première étude est en cours pour comparer les caractéristiques utiles de paysages réels (parcellaires de 200 hectares environ, extraits de quelques plaines françaises) et des paysages simulés par GENEXP en utilisant les diagrammes de Voronoï. L'analyse portera à la fois sur les propriétés géométriques des paysages et sur les résultats obtenus par couplage avec MAPOD-maïs et GENESYS-colza.

5. Conclusion

Nous avons présenté dans cet article un logiciel de simulation de paysages agricoles développé dans le cadre d'un projet portant sur l'étude des risques liés aux OGM à l'échelle du paysage. Ce logiciel a été construit de manière ouverte, par briques successives, pour permettre de générer des paysages «à la demande» selon plusieurs approches. De plus, GENEXP est couplé ou doit être couplé avec d'autres outils, en particulier avec les logiciels de simulation de flux de gènes.

L'approche s'est voulue pragmatique, mais soulève différentes questions de recherche qui intéressent la communauté des chercheurs réunis ici, biologistes, agronomes, statisticiens et informaticiens. Par exemple, outre la question première d'évaluation des risques de diffusion d'OGM dans un paysage agricole, il faut résoudre le problème de l'allocation des cultures aux parcelles, en fonction de contraintes de voisinages temporels et spatiaux.

Remerciements

Ce travail a été subventionné par le MENRT dans le cadre de l'appel d'offre «Impact des OGM». Nous remercions les différents membres du projet et tous les stagiaires, en particulier Jérémie Delaître et Antonio Guerreiro, qui ont contribué au développement de GENEXP.

6. Bibliographie

- [ANG 01] ANGEVIN F., KLEIN E., CHOIMET C., MEYNARD J.-M., DE ROUW A., SOHBI Y., « Modélisation des effets des systèmes de culture et du climat sur les pollinisations croisées chez le maïs : le modèle MAPOD », *Rapport du groupe 3 du programme de recherche "Pertinence économique et faisabilité d'une filière 'sans utilisation d'OGM'"*, p. 21-36, INRA FNSEA, 2001.
- [ANG 02] ANGEVIN F., COLBACH N., MEYNARD J.-M., ROTURIER C., « Analysis of necessary adjustments of farming practices », *Scenarios for co-existence of genetically modified, conventional and organic crops in European agriculture*, Technical Report Series, EUR 20394 EN, Joint Research Center of the European Commission, 2002.

- [CHA 91] CHASSERY J.-M., MONTANVERT A., *Géométrie discrète en analyse d'images*, Hermès, 1991.
- [CHA 97] CHAMPOLIVIER J., MESSÉAN A., « Impact du colza transgénique dans les systèmes de culture : étude du flux de gènes », *OCL*, vol. 4, 1997, p. 111–113.
- [COL 01] COLBACH N., CLERMONT-DAUPHIN C., MEYNARD J.-M., « GENESYS-Rape. A model of the influence of cropping system on gene escape from herbicide tolerant rapeseed crops to rape volunteers », *Agric. Ecosyst. Environ.*, vol. 83, 2001, p. 235–270.
- [COL 05] COLBACH N., MOLINARI N., MEYNARD J.-M., MESSÉAN A., « Spatial aspects of gene flow between rapeseed varieties and volunteers », *Agronomy for sustainable development*, vol. 25, n° 3, 2005, p. 355–368.
- [CRA 95] CRAWLEY M., BROWN S., « Seed limitation and the dynamics of feral oilseed rape on the M25 motorway », *Proc. of the Royal Society of London*, vol. B 259, 1995, p. 49–54.
- [DEL 04] DELAÎTRE J., « Simulation de paysages agricoles aléatoires bidimensionnels », Rapport de stage, IUT Nancy 2, 2004, LORIA, Nancy.
- [DEV 05] DEVAUX C., LAVIGNE C., FALENTIN-GUYOMARC'H H., VAUTRIN S., LECOMTE J., KLEIN E., « High diversity of oilseed rape pollen clouds over an agro-ecosystem indicates long-distance dispersal », *Molecular Ecology*, vol. 14, 2005, p. 2269–228.
- [FUN 06] FUNK T., WENZEL G., SCHWARZ G., « Outcrossing frequencies and distribution of transgenic oilseed rape (*Brassica napus* L.) in the nearest neighbourhood », *European journal of agronomy*, vol. 24, 2006, p. 26–34.
- [GAU 06] GAUCHEREL C., GIBOIRE N., VIAUD V., HOUET T., BAUDRY J., BUREL F., « A domain-specific language for patchy landscape modelling : The Brittany agricultural mosaic as a case study », *Ecological Modelling*, vol. 194, n° 1–3, 2006, p. 233–243.
- [GUE 03] GUERREIRO A., « Développement d'un générateur expérimental de paysages agricoles aléatoires bidimensionnels », Rapport de stage du DESS méthodes et outils informatiques de la chimie, UHP Nancy 1, 2003, Lab. ESE (CNRS - Université Paris Sud).
- [KLE 06] KLEIN E., LAVIGNE C., PICAULT H., MICHEL R., GOUYON P.-H., « Pollen dispersal of oilseed rape : estimation of the dispersal function and effects of field dimension », *Journal of Applied Ecology*, vol. 43, n° 1, 2006, p. 141–151.
- [LEB 06] LE BER F., BENOÎT M., SCHOTT C., MARI J.-F., MIGNOLET C., « Studying crop sequences with CARROTAGE, a HMM-based data mining software », *Ecological Modelling*, vol. 191, n° 1, 2006, p. 170–185.
- [LED 92] LEDOUX M., THOMAS S., « De la photographie aérienne à la production de blé », *AGRESTE, la statistique agricole*, n° 5, 1992.
- [LEE 05] LEENHARDT D., CERNESSON F., MARI J.-F., MESMIN D., « Anticiper l'assolement pour mieux gérer les ressources en eau : comment valoriser les données d'occupation du sol ? », *Ingénieries eau agriculture territoires*, n° 42, 2005, p. 13–22, Lavoisier.
- [LIP 04] VON DER LIPPE M., « Dispersal of arable crops by vehicles-a potential vector for the spread of genetically modified organisms », *Proceedings of the 34th Annual Conference of the Ecological Society, Giessen, Germany*, 2004, page 276.
- [MAC 96] MACKISACK M., MILES R., « Homogeneous rectangular tessellations », *Advances in Applied Probability*, vol. 28, 1996, p. 993–1013.
- [MAR 02] MARI J.-F., LE BER F., BENOÎT M., « Segmentation temporelle et spatiale de données agricoles », *Revue Internationale de Géomatique*, vol. 12, n° 4, 2002, p. 439–

460.

- [MES 06] MESSÉAN A., ANGEVIN F., GÓMEZ-BARBERO M., MENRAD K., RODRÍGUEZ-CEREZO E., « New case studies on the coexistence of GM and non-GM crops in European agriculture », Technical Report Series of the Joint Research Center of the European Commission, 2006, EUR 22102 En.
- [PES 01] PESSEL F. D., LECOMTE J., EMERIAU V., KROUTI M., MESSÉAN A., GOUYON P.-H., « Persistence of oilseed rape (*Brassica napus* L.) outside of cultivated fields », *Theor. appl. Genet.*, vol. 102, 2001, p. 841–846.
- [RIE 02] RIEGER M. A., LAMOND M., PRESTON C., *et alii*, « Pollen-mediated movement of herbicide resistance between commercial canola fields », *Science*, vol. 296, 2002, p. 2386–2388.
- [SCH 93] SCHEFFLER J., PARKINSON R., DALE P., « Frequency and distance of pollen dispersal from transgenic oilseed rape (*Brassica napus*) », *Transgenic Research*, vol. 2, 1993, p. 356–364.
- [SQU 99] SQUIRE G. D., CRAWFORD J., RAMSAY G., THOMPSON C., « Gene flow at the landscape level », LUTMAN P., Ed., *Gene flow and agriculture : relevance for transgenic crops*, vol. 72 de *British Crop Protection Council Symposium Proceedings*, 1999, p. 57–64.
- [WEI 05] WEITEN S., CAVAROC D., « Pavage de l'espace suivant des contraintes de forme et de taille », Rapport de stage de 2^{ième} année ESIAL, 2005, LORIA, Nancy.