

# L'analyse automatique des signaux par le système batcorder.

*Explication du procédé et instructions pour l'interprétation et le contrôle des résultats - Ulrich Marckmann, Dr. Volker Runkel*

*Version 1.01 (mars 2010)*

<b>1. Introduction</b>	<b>2</b>
1.1. Possibilités et difficultés de l'analyse acoustique des espèces	2
<b>2. Le procédé de l'analyse automatique</b>	<b>4</b>
2.1. Méthode statistique et paramètres caractéristiques	6
<b>3. Possibilités de la détermination manuelle</b>	<b>10</b>
3.1. Appréciation du spectre des espèces et des fréquences	10
3.2. Succession chronologique des séquences.	12
3.3. Contrôle <b>minutieux de séquences isolées</b>	<b>12</b>
<b>4. Synthèse des conseils pour le contrôle des enregistrements</b>	<b>20</b>
4.1. Sources d'erreurs habituelles	21
<b>5. Bibliographie</b>	<b>21</b>

## 6. Introduction

Le système batcorder est un nouvel outil permettant l'enregistrement automatique des sons et l'analyse des espèces. La qualité de ce système réside dans le fait qu'il permet d'enregistrer et analyser très rapidement des données de bonne qualité. C'est après cette étape seulement que l'analyse visant à quantifier l'activité des chauves-souris devient possible. Les méthodes et les possibilités de ce nouveau système nécessitent toutefois une approche bien particulière, en particulier par rapport aux méthodes habituelles.

Contrairement au fonctionnement des outils d'analyse acoustiques jusqu'ici employés, les signaux sont automatiquement détectés, mesurés et attribués à des espèces selon des procédés statistiques. Dans la mesure où il s'agit d'une méthode black-box se pose légitimement la question de la fiabilité, de l'analyse et du contrôle des données obtenues. Il est nécessaire de pouvoir contrôler et interpréter de manière adaptée la grande quantité de données fournies par l'enregistrement et l'analyse automatique.

Le présent document explique ce qui doit être pris en considération lors de l'analyse automatique des signaux et quelles sont les possibilités de contrôle. Nous recommandons de consulter, outre le présent document, la liste de critères émise par le bureau de l'environnement de Bavière. Elle complète certains aspects de ce texte et expose certaines „règles de détermination“ pour les espèces présentes en Bavière:

[http://www.ecoobs.de/downloads/Kriterien\\_Lautzuordnung\\_10-2009.pdf](http://www.ecoobs.de/downloads/Kriterien_Lautzuordnung_10-2009.pdf)

### 6.1. Possibilités et difficultés de l'analyse acoustique des espèces

#### 6.1.1. „Bats are not birds“

La plus grande source d'erreur de l'analyse acoustique réside dans la variabilité des sons propres à chaque espèce. Certains paramètres sonores coïncident donc de manière interspécifique, rendant incertaine la détermination des espèces. Le titre de l'article „Bats are not Birds“ (Barclay 1999), fréquemment cité dans le milieu scientifique, est bien révélateur de cette difficulté à analyser les signaux: ceux des chauves-souris sont destinés à renseigner sur l'environnement et sur les proies, et non à contacter les individus de leur propre espèce. Il est par conséquent parfois impossible, ou possible en partie seulement de différencier les espèces avec certitude selon certains types de signaux.

La variabilité du „signal-type“ pour une même espèce est telle que la description et la délimitation précises à l'aide de paramètres sont réellement difficiles. Seul un petit nombre d'espèces peut être précisément déterminé à l'aide de valeurs de référence caractéristiques pour un paramètre donné. On ne peut la plupart du temps différencier les espèces présentant des signaux similaires que par une combinaison complexe de plusieurs caractéristiques.

En outre, pour l'analyse automatique, les conditions d'enregistrement ont une forte influence sur les caractéristiques des signaux enregistrés. Le signal peut être relevé de manière incomplète si les enregistrements sont imparfaits (forts échos, souffle important), rendant imprécise la détermination de l'espèce. Aucune méthode d'analyse ne peut garantir une détermination absolument certaine. Il est toujours nécessaire d'évaluer soi-même les erreurs et d'opérer sa propre interprétation des résultats.

### 6.1.2. Pourcentage de détermination, qualité

Pour déterminer la qualité d'une méthode de détermination, on consulte le pourcentage de détermination des séquences-test. Le pourcentage obtenu pour le système batcorder est de 95%, ce qui est un très bon résultat au regard de ceux mentionnés par les sources bibliographiques pour les autres méthodes d'analyse, qu'elles soient manuelles ou automatiques (Ahlen 1981; Fenton & Bell 1981; Weid & Helversen 1987; Fenton 1988; Weid 1988; Ahlen 1990; Zingg 1990; Herr et al . 1997; Vaughan et al . 1997; Ahlén & Baagoe 1999; Barclay 1999; O'Farrell & Miller 1999; O'Farrell et al . 1999; Tibbels 1999; Jones et al . 2000; Parsons & Jones 2000; Russo & Jones 2002; Rydell et al . 2002; Obrist et al . 2004). Mais dans la mesure où ne sont utilisés pour l'échantillon de référence et les tests que des enregistrements de bonne qualité (généralement sans parasite), ce pourcentage n'est généralement pas obtenu sur le terrain.

Le pourcentage d'erreur de 5% provient du fait qu'une partie des enregistrements, même réalisés dans des conditions optimales, n'est pas identifiée correctement, voire pas identifiée du tout. Ce flou résiduel est néanmoins généralement insignifiant pour les analyses spatiales et temporelles pour lesquelles a été développé le système batcorder. Dans le cadre d'une étude analysant l'utilisation de l'habitat par une espèce, la proportion de séquences isolées et par erreur identifiées positives dans des lieux peu utilisés sont insignifiantes; en revanche, pour les habitats préférentiellement utilisés par cette espèce, on obtient des centaines d'enregistrements correctement identifiés.

### 6.1.3. Contrôle manuel

L'enregistrement acoustique manuel (par exemple à expansion de temps) permet, en raison du peu de données la plupart du

temps obtenues, d'analyser en détail un à un les enregistrements par ordinateur. Dans le meilleur des cas, on peut examiner chaque son sous forme de sonagramme, et parfois attribuer ainsi un enregistrement médiocre à un groupe d'espèces, voire même à une espèce précise.

Cela n'est, dans le cadre d'une étude menée au moyen du système batcorder, ni possible, en raison de l'énorme quantité de données, ni même nécessaire. Les analyses du système batcorder doivent toutefois être soumises à un contrôle, et ce en particulier lorsque les données servent à établir des cartes de diffusion des espèces ou des expertises environnementales pour des espèces rares ou ayant un besoin de protection particulier. Le système peut seulement fournir des données, et non l'interprétation nécessaire dans certains cas.

## 7. Le procédé de l'analyse automatique

L'analyse automatique des signaux (bcAdmin/bcDiscriminator/batIdent) n'est que peu comparable à la détermination acoustique (mixeur, détecteur partiel) ou à l'analyse manuelle des données enregistrées grâce aux sonagrammes établis par l'ordinateur. Les sources d'erreurs potentielles sont bien différentes. Les caractéristiques de l'analyse automatique sont les suivantes:

⇒ **objectif**

Les résultats ne dépendent plus du degré de connaissance ou des possibilités de la personne.

⇒ **vérifiable**

Les résultats sont à tout moment vérifiables et reproductibles. Les données enregistrées peuvent être à tout moment ré-identifiées par un autre programme ou un programme plus performant.

⇒ **impartialité en ce qui concerne les espèces rares ou localement absentes**

Contrairement à l'analyse manuelle, l'analyse automatique n'interprète pas les résultats. Les informations comme la diffusion locale d'une espèce, normalement prises en considération par la personne effectuant l'analyse, ne le sont pas par le programme. Cela évite de tirer des conclusions paradoxales (ce qui ne peut pas arriver n'arrive pas).

⇒ **N'évalue pas les signaux/séquences dans un contexte temporel**

Dans la mesure où les signaux d'une séquence sont examinés et déterminés séparément lors de l'analyse, les anomalies que peut comporter une succession de signaux sont plus difficilement identifiées. De même, les informations temporelles des séquences (par exemple succession directe de plusieurs enregistrements) ne sont pas prises en compte par l'analyse automatique.

⇒ **Nombre limité de critères déterminants pour la qualité des signaux.**

Le système ne peut reconnaître que dans une certaine mesure si les signaux détectés doivent être pris en compte dans l'analyse. Une personne se rendra immédiatement compte que les signaux sont incomplets, qu'ils coïncident avec d'autres sons, saura s'il s'agit d'échos, de cris sociaux ou des signaux de nature inconnue. Le programme d'analyse ne pourra, lui, pas s'appuyer sur des connaissances antérieures. Il dispose certes de critères pour reconnaître la qualité du signal et les aberrations potentielles, mais ceux-ci ne suffisent pas à couvrir tous les cas de figure.

Les résultats de l'analyse automatique dépendent fortement de la qualité du signal et de la technique d'enregistrement. Les signaux ne doivent pas être trop faibles et présenter un bon rapport signal sur bruit pour pouvoir être correctement mesurés. Les caractéristiques techniques de l'enregistrement (courbe de fréquence, directivité des micros, souffle inhérent, taux d'échantillonnage et dynamique) influencent également l'analyse ensuite pratiquée.

C'est la raison pour laquelle une analyse automatique ne peut obtenir les résultats optimaux qu'avec des enregistrements réalisés avec le même matériel que l'échantillon de référence utilisé pour l'analyse statistique.

Le système batcorder inclut donc hardware et logiciels prévus l'un pour l'autre. Le batcorder a été conçu de manière à enregistrer les ultrasons avec la qualité et le volume nécessaires. La détection automatique des séquences et leur mesure par le programme bcAdmin sont ajustés sur les réglages standards. L'analyse statistique des espèces par le programme batldent / bcDiscriminator a été mise au point avec des valeurs réglées à l'identique pour le batcorder et le programme de mesure. Si ces valeurs sont modifiées, davantage de séquences « imparfaites » seront générées. Il se peut alors

qu'elles soient attribuées à une espèce de manière imprécise ou éronée.

L'analyse statistique des espèces est ensuite effectuée par le programme batldent. Ce programme open-source utilise les valeurs mesurées par bcAdmin pour assigner les séquences à un groupe d'espèce ou, lorsque c'est possible, à une espèce précise par un processus de différenciation en plusieurs étapes, *randomForest*. Le graphique situé en annexe représente l'arborescence de cette analyse. Les anomalies (signaux inconnus ou mal mesurés) sont à chaque étape reconnues et triées par un algorithme SVM (support-vecteur-machine). Lorsque tous les signaux d'un enregistrement ont été analysés, jusqu'à trois espèces sont extraites pour cette séquence. Les espèces/groupes potentiels sont à cet effet regroupés selon le nombre de signaux et le degré de certitude de leur attribution. S'il y a plus de deux signaux et une probabilité moyenne supérieure à 60%, la détermination est réalisée. La synthèse des résultats, comprenant jusqu'à trois espèces identifiées, est enregistrée dans un document et peut être importée par bcAdmin.

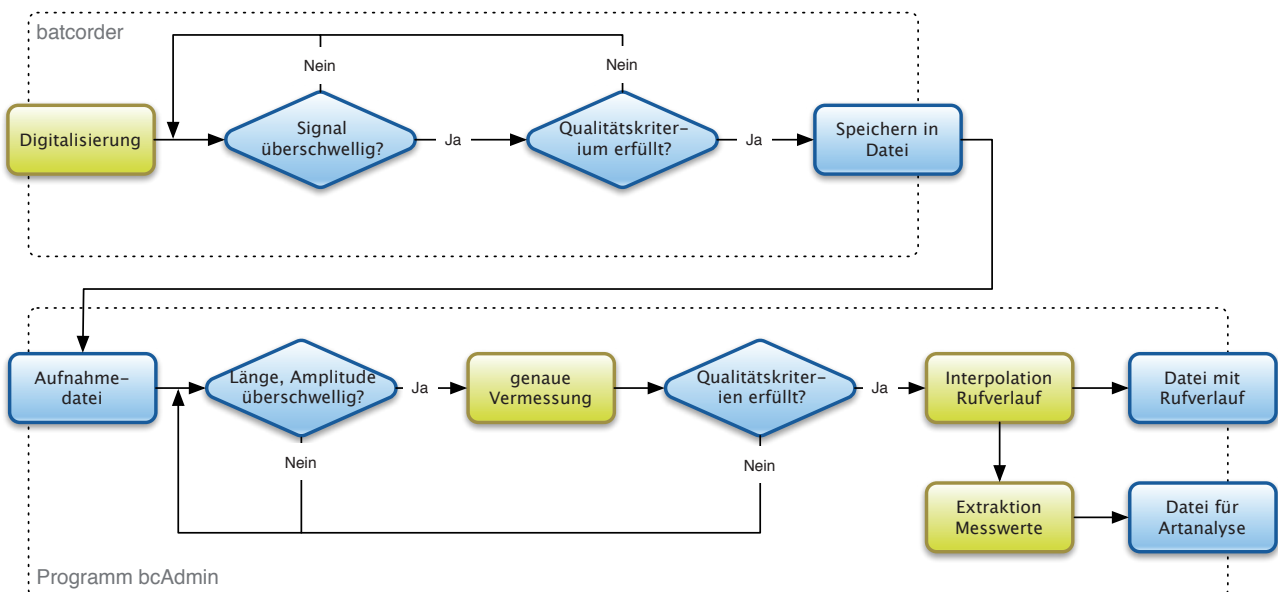


Illustration: étapes de l'analyse du batcorder et du programme bcAdmin.

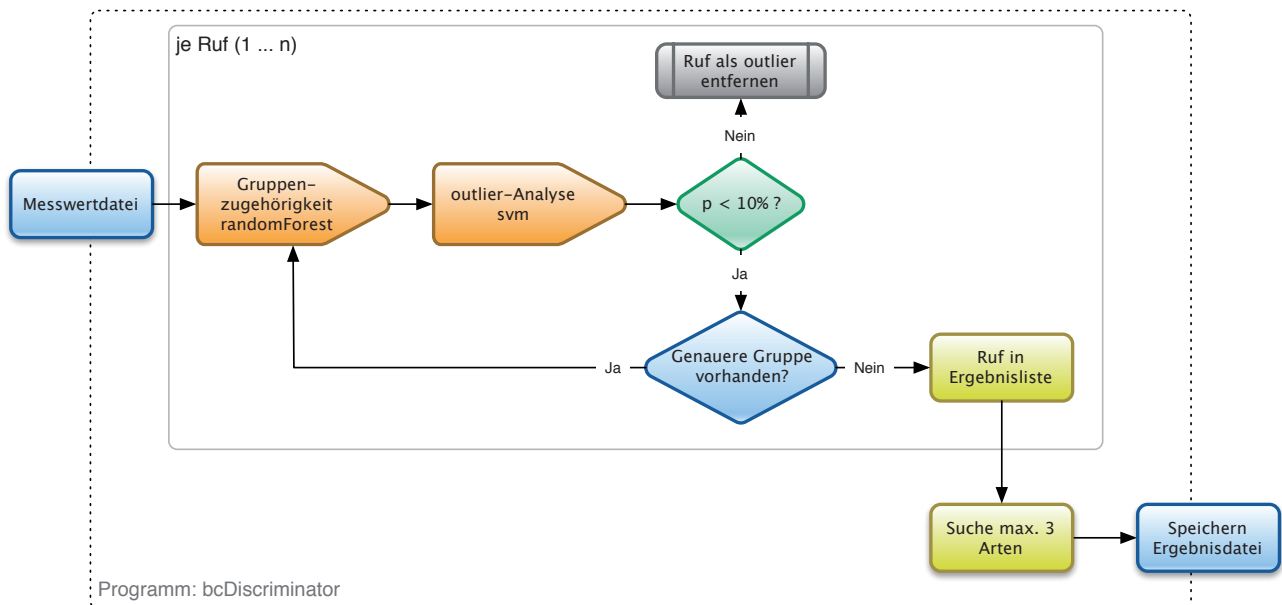


Illustration: étapes de l'analyse du programme batIdent / bcDiscriminator.

Grâce à cette méthode, chaque séquence ne doit pas être obligatoirement déterminée jusqu'au niveau de l'espèce. Si la différenciation reste incertaine, par exemple lorsqu'il y a recouvrement des valeurs de référence pour au moins deux espèces, le résultat indiquera un groupe d'espèce. Les sons ou signaux qui ne sont pas reconnus par le programme sont désignés comme „Spec.“

Le nombre des espèces extraites allant jusqu'à trois par séquence, l'analyse fonctionne encore lorsque plusieurs espèces sont détectées en même temps. L'analyse des anomalies garantit enfin que les signaux inconnus ou non caractéristiques attribués à une espèce, mais qui ne correspondent pas au répertoire sonore de cette espèce, ne soient pas intégrés au résultat final.

### 7.1. Méthode statistique et paramètres caractéristiques

Les paragraphes suivants traitent de la signification des différents paramètres caractéristiques de l'analyse statistique. Les taux de discrimination sont examinés précisément sous forme de confusion-tableaux (tableaux de confusion), ainsi que les prob-

abilités d'attribution pour chaque séquence déterminée. Il est important de comprendre pour l'interprétation des résultats comment sont déterminées ces valeurs et ce qu'elles signifient.

L'identification des espèces est effectuée grâce au processus statistique random Forest (Breiman 2001). Pour mettre ce processus au point, l'ensemble des séquences sonores de toutes les espèces ont été divisées en „types de cris“ représentatifs de la variabilité globale. 500 cris environ ont ensuite été intégrés pour chaque espèce, comportant à proportion égale tous les types identifiés. Il s'agit de l'échantillon de référence. Les pourcentages d'erreur et par là la validité de l'analyse ont ensuite été vérifiés grâce à un ensemble de séquences-tests, appartenant à une espèce connue, et représentés sous forme de tableaux de confusion.

Pour résumer, cette méthode vérifie pour chaque nouveau signal devant être déterminé combien elle trouve de signaux semblables dans l'échantillon de référence des différentes espèces. Est alors identifiée et désignée l'espèce présentant le plus de signaux semblables à un signal de l'échantillon

de référence (elle apparaît également par la suite dans bcAdmin). Si 60 signaux de type A et 40 de type B ressemblant au signal test, par exemple, sont trouvés par ce procédé, le cri est assigné à l'espèce A avec une certitude de 60%. La probabilité de l'attribution pour une séquence cor-

respond dans bcAdmin à la moyenne des probabilités des signaux isolés.

Le tableau suivant montre à titre d'exemple les pourcentages de confusion pour les signaux isolés de la Sérotine de Nilsson et de la Sérotine commune:

attribution	Données exactes		n	Faussement positif
	<i>Eptesicus nilssonii</i>	<i>Eptesicus serotinus</i>		
<i>Eptesicus nilssonii</i>	529	66	595	11,02%
<i>Eptesicus serotinus</i>	70	531	601	11,73%
n	599	597	1196	
Faussement négatif	11,69%	11,05%	11,37%	

Tableau: tableau de confusion d'une analyse randomForest de signaux isolés de Sérotines de Nilsson et de Sérotines communes. Les attributions effectives sont notées dans les colonnes et les attributions de l'analyse dans les lignes. Le pourcentage faussement négatif est la proportion de signaux d'une espèce faussement attribués à l'autre espèce. Le pourcentage faussement positif est la proportion d'attributions fausses pour la totalité des signaux attribués à une espèce.

La répartition (hypothétique) des signaux de référence pour l'analyse de deux espèces dans un espace de caractéristiques/différenciation est représentée par le schéma ci-après. Le même nombre de signaux a été soumis à l'analyse pour chaque espèce et la variabilité est représentée de manière homogène. On note une zone d'intersection manifeste entre les deux espèces. Les chiffres indiquent la probabilité de l'attribution pour un type de signal situé à un point précis de l'espace de caractéristiques. Conformément à ce qui est décrit plus haut, ces données sont obtenues au regard du nombre de signaux de l'espèce ressemblant au signal correspondant, c'est à dire qui sont proches de lui dans le champ des variables.

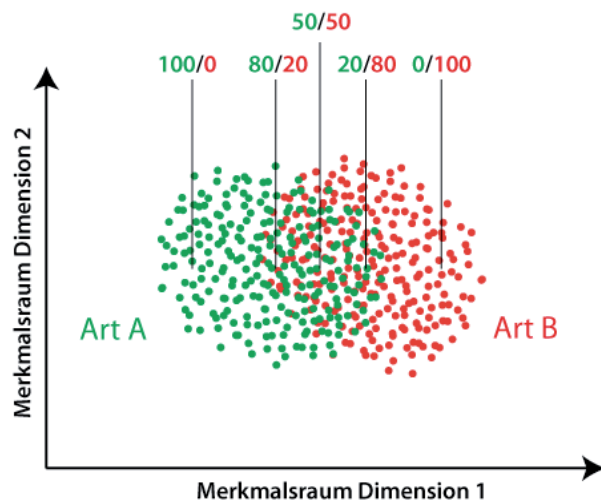


Illustration: répartition des signaux de deux espèces dans un espace hypothétique de caractéristiques. On note une superposition de leurs spectres sonores respectifs. Les chiffres indiquent les probabilités en droits des nuées de points. d'attribution à

différents Les tableaux de confusion et les probabilités d'attribution sont des données statistiques importantes ; elles permettent de comparer les méthodes de différenciation. Un tableau de confusion se trouve en annexe. Il donne les pourcentages de différenciation de notre méthode statistique pour les signaux isolés. La synthèse des résultats par séquence ainsi que la détermination des signaux incertains (au niveau du groupe d'espèces) par bcDiscriminator n'ont à cet effet pas été prises en compte, afin de préserver la lisibilité du tableau. Les tableaux de confusion permettent de tirer des conclusions sur le risque de confusion entre les espèces jumelles, ce qui est utile pour interpréter les résultats obtenus sur le terrain.

Les données sur la probabilité de la détermination sont utiles lorsque l'on souhaite, lors d'un contrôle des enregistrements douteux, vérifier la fiabilité de l'attribution des signaux isolés et des séquences.

Les pourcentages de confusion et la probabilité des attributions servent toutefois avant tout pour les séquences test et l'échantillon de référence, et ne sont pas directement applicables en pratique (lors d'enregistrements sur le terrain). Ils sont essentiellement influencés par le nombre de signaux d'une espèce donnée, leur qualité et la pondération de différents types de signaux. L'illustration ci-après explicite ce point.

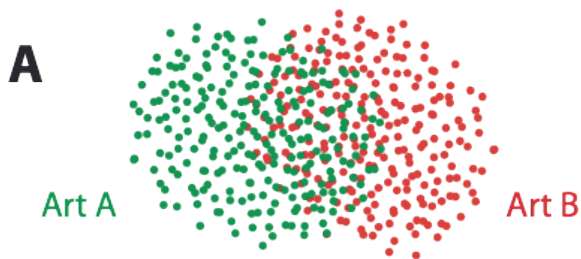
La partie supérieure de l'illustration suivante (A) représente le cas où la même quantité de signaux de deux espèces sont analysés. Tous les signaux du spectre sont aussi fortement représentés pour les deux espèces. 90% des signaux des deux espèces sont justement déterminés positivement. Le pourcentage de confusion correspond dans ce cas à peu près au pourcentage de confusion de l'échantillon de référence. Si un nombre inégal de signaux

est analysé (B) en revanche, la proportion des signaux justement déterminés positivement, et donc également le nombre des signaux faussement négatifs, reste constante, mais le nombre de signaux faussement positifs de l'espèce B augmente sensiblement. On comprendra encore mieux cet effet si l'on s'imagine que seuls des signaux de l'espèce A sont représentés sur un site. 10% de ces signaux sont faussement attribués à l'espèce B. 100% des signaux appartenant en apparence à l'espèce B sur ce site sont donc des attributions faussement positives.

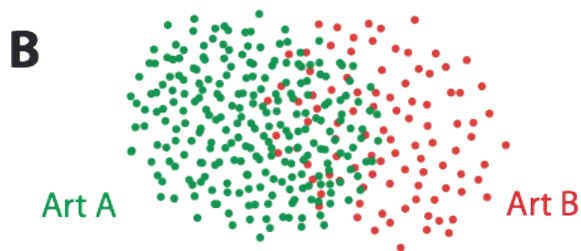
Dans le dernier exemple (C), on compte autant de signaux des deux espèces, mais on trouve dans la zone d'intersection une majorité de signaux de l'espèce B. Le nombre de déterminations faussement négatives de l'espèce B ainsi que celui des déterminations faussement positives de l'espèce A augmente dans ce cas sensiblement. Les probabilités d'attribution sont également en grande partie fausses dans ce cas. Par exemple, la probabilité obtenue est de 50% pour les deux espèces pour les signaux situés au centre de la zone d'intersection, dans la mesure où, dans l'échantillon de référence, environ la même quantité de signaux de ce type a été attribuée aux deux espèces. Dans la situation présente, on trouve néanmoins bien plus de signaux de l'espèce B dans cette zone, et la probabilité qu'un signal soit attribué à l'espèce B devrait par conséquent être de 80% environ.

En pratique, il n'arrive quasiment jamais que deux espèces susceptibles d'être confondues émettent le même nombre de signaux, et que tous les signaux du répertoire soient utilisés en proportion égale. Par ailleurs, il arrive que l'on enregistre des signaux de mauvaise qualité sur le terrain (faible volume, perturbations...), signaux que l'on ne trouve donc pas dans l'échantillon de référence et les tests de l'analyse. Les

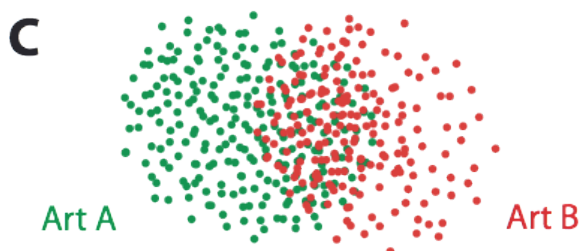
données concernant les pourcentages de confusion ainsi que les probabilités d'attribution sont certes des indications précieuses, mais ne sont pas des valeurs universellement valables. Les résultats doivent être interprétés prudemment, en particulier lorsque les espèces susceptibles d'être confondues sont très inégalement représentées.



Wahr Vorhersage	Art A	Art B	falsch-positiv
Art A	450	50	10%
Art B	50	450	10%
n	500	500	
falsch-negativ	10%	10%	



Wahr Vorhersage	Art A	Art B	falsch-positiv
Art A	450	20	4,26%
Art B	50	180	21,74%
n	500	200	
falsch-negativ	10%	10%	



Wahr Vorhersage	Art A	Art B	falsch-positiv
Art A	450	150	25%
Art B	50	350	12,50%
n	500	500	
falsch-negativ	10%	30%	

Illustration: différentes répartitions de cris de deux espèces dans un espace hypothétique de caractéristiques, et les pourcentages de confusion, obtenus par la même méthode statistique de différenciation, qui en résultent. A: même nombre de signaux pour les deux espèces, représentant de manière homogène la variabilité des signaux; B: signaux de l'espèce B en nombre sensiblement inférieur; C: même quantité de signaux pour les deux espèces, les signaux de l'espèce B étant en majorité situés dans la zone d'intersection.

## 8. Possibilités de la détermination manuelle

Un contrôle des résultats de l'analyse des espèces (bcDiscriminator) permet la plupart du temps de trouver et éliminer les erreurs manifestes. Procéder après-coup à un examen pertinent des séquences déterminées automatiquement permet de bénéficier des avantages de la détermination manuelle et de la détermination automatique, et de minimiser ainsi les sources d'erreur des deux méthodes. Il y a plusieurs manières possibles de contrôler la pertinence des résultats, et le cas échéant de reprocher à la détermination. L'usage de ces méthodes dépend d'une part du degré de profondeur souhaité

de l'analyse et des enregistrements (par exemple étude scientifique ou simplement scanning approximatif), et d'autre part du degré de connaissance et de l'expérience de la personne qui traite les données. La quantité de travail dépend également des espèces auxquelles on s'intéresse. Il est par exemple bien plus simple de vérifier si la barbastelle est effectivement présente sur un site que de savoir si la Sérotine bicolore et la Noctule de Leisler ont été simultanément présentes sur un site.

Les critères suivants aident à vérifier et améliorer les résultats des analyses automatiques:

### ⇒ Totalité de la nuit

- Appréciation sur l'ensemble du spectre des espèces et de la fréquence des espèces
- Suite chronologique des séquences

### ⇒ Séquences isolées

- Nombre de signaux et probabilités d'attribution
- exhaustivité / qualité de la mesure
- volume
- cris sociaux
- Forme du signal et différents paramètres mesurables.

### 8.1. Appréciation du spectre des espèces et des fréquences

Avec un peu d'expérience, on peut trouver les signes d'attributions erronées en évaluant simplement le spectre des espèces et le nombre d'enregistrements par espèce/groupe. S'il n'y a que très peu d'enregistrements pour une espèce donnée (en particulier par rapport au nombre total d'enregistrements), il faut considérer ces éléments de manière foncièrement plus cri-

tique que dans d'autres cas. Ni l'analyse automatique, ni l'analyse manuelle ne peuvent garantir une absolue fiabilité. Il faut toujours garder à l'esprit que certaines séquences d'une espèce fréquente sur le site peuvent être attribuées de manière erronée. Si l'on observe pour une espèce fréquente que l'intersection entre son répertoire sonore et celui d'autres espèces plus rares est importante, il convient d'analyser plus précisément les séquences concernées,

Analyse automatique			Inventaire réel des espèces	
espèces	séquences	%	espèces	séquences
Hsav	1	0,8		
Bbar	7	5,8		
Nyctaloid	13	10,8		
Enil	95	79,2	Enil	117
Nlei	1	0,8		
Mkm	2	1,7		
Mbart	1	0,8	Mbart	3
<b>somme</b>	<b>120</b>	<b>100,0</b>		

tableau: Spectre d'espèces non contrôlé sur un site après analyse automatique.

ou de considérer l'attribution comme incertaine, voire de l'ignorer. Ce tableau montre le spectre des espèces sur un site, tel que le profile l'analyse automatique. Les séquences attribuées de manière erronée sont marquées en rouge. En effet, seuls la Sérotine de Nilsson, *Eptesicus nilssonii*, et un Murin de Brandt/à moustaches, *Myotis mystacinus/brandtii*, ont survolé cet endroit. La présence de la Sérotine de Nilsson peut être considérée comme certaine au regard du grand nombre de séquences qui lui sont

attribuées. Les séquences de Noctule de Leisler, *Nyctalus leisleri*, et de Pipistrelle de Savii sont néanmoins à considérer comme déterminations potentiellement erronées, étant donné que ces espèces peuvent utiliser des sons extrêmement semblables à ceux de la sérotine de Nilsson. Les enregistrements attribués de manière erronée à la barbastelle se sont avérés être, lors de la vérification, de courts fragments de signaux sonars de la Sérotine de Nilsson.

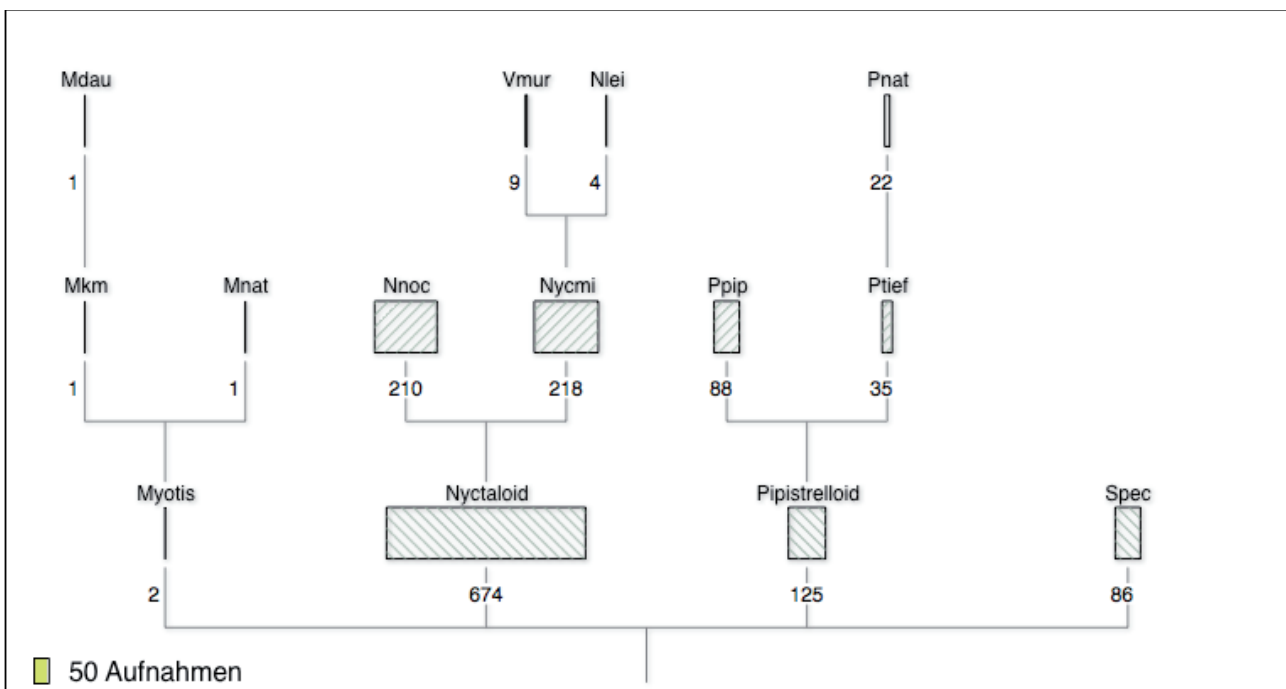


Illustration: arborescence des déterminations pour une ou plusieurs nuits sélectionnées (dans bcAdmin à partir de la version 2.0).

Dans la mesure où les espèces de *Myotis* utilisent des sons autres que ceux de la Sérotine de Nilsson, il est très improbable qu'elles aient fait l'objet de déterminations éronnées, malgré le petit nombre de séquences. Celles-ci ont été effectivement correctement attribuées. bcAdmin (à partir de la version 2.0) dispose d'une fonction permettant de visualiser l'arborescence des déterminations par nuit, afin de simplifier la recherche des erreurs selon le schéma décrit ci-dessus.

## 8.2. Succession chronologique des séquences.

L'analyse automatique ne peut prendre en compte le contexte temporel des séquences

es les unes par rapport aux autres. Si plusieurs séquences comportant des signaux semblables ont été enregistrées les unes à la suite des autres dans un court intervalle de temps, cela signifie la plupart du temps qu'un seul individu est resté dans la zone d'enregistrement du microphone pendant un temps donné, par exemple alors qu'il chassait. Lorsque ces séquences ont été attribuées à différentes espèces/groupes, il peut s'agir d'une détermination erronée. Il convient d'être particulièrement prudent lorsque les espèces concernées peuvent émettre des signaux très semblables. Si les séquences de deux espèces faciles à confondre sont clairement séparées dans le temps, cela tend à confirmer l'analyse.

A...	Filename	Time	Length	Calls	Species	Comment
	210608-01AXXXXXXX-0036.raw	21:54:52	0,46 s	3 1	Ppip	
	210608-01AXXXXXXX-0037.raw	21:55:02	1,41 s	14 1	Ppip	
	210608-01AXXXXXXX-0038.raw	21:55:18	0,88 s	8 1	Ppip	
	210608-01AXXXXXXX-0039.raw	21:55:36	1,30 s	18 1	Ppip	
	210608-01AXXXXXXX-0040.raw	21:55:54	0,65 s	2 1	Ppip	
	210608-01AXXXXXXX-0041.raw	21:58:06	1,11 s	12 1	Ppip	
	210608-01AXXXXXXX-0042.raw	21:58:42	1,16 s	13 1	Ppip	
	210608-01AXXXXXXX-0043.raw	21:59:00	2,51 s	37 1	Ppip	
	210608-01AXXXXXXX-0044.raw	21:59:04	1,58 s	22 1	Ppip	
	210608-01AXXXXXXX-0045.raw	21:59:08	0,79 s	6 1	Pnat	
	210608-01AXXXXXXX-0046.raw	21:59:22	1,05 s	11 1	Ppip	
	210608-01AXXXXXXX-0047.raw	21:59:26	1,28 s	15 1	Ppip	
	210608-01AXXXXXXX-0048.raw	21:59:28	1,00 s	12 1	Ppip	
	210608-01AXXXXXXX-0049.raw	22:00:02	0,66 s	3 1	Ppip	
	210608-01AXXXXXXX-0050.raw	22:00:18	0,87 s	9 1	Ppip	

Illustration: extrait du tableau des enregistrements effectués au cours d'une nuit dans bcAdmin. Il révèle une Pipistrelle de Nathusius (Pnat) au milieu d'un bloc d'enregistrements de Pipistrelles communes (Ppip). On peut considérer cette séquence comme douteuse, bien qu'elle comporte des signaux de basse fréquence.

## 8.3. Contrôle minutieux de séquences isolées

Le contrôle minutieux de séquences isolées doit être envisagé lorsqu'il s'agit de déterminer des espèces nécessitant une protection spéciale ou localement rares. Ce contrôle est utile lorsqu'une espèce donnée ne compte que peu de séquences ou que la succession des séquences laisse présager des déterminations erronées (voir la partie précédente). Le contrôle de toutes les séquences serait quasiment impossible, en raison du travail que cela représente, et il

n'est en règle générale pas nécessaire.

Les critères suivant permettent de contrôler les séquences isolées:

- Nombre de sons et probabilité
- Mesure correcte/complète des signaux?
- Volume des signaux
- Présence de cris sociaux?
- Forme des signaux et différents paramètres mesurables

### 8.3.1. Nombre de signaux et probabilité d'attribution

Dans la liste de séquences du programme bcAdmin, on trouve, outre la définition de l'espèce, le nombre de signaux détectés et la probabilité de la détermination. Ces informations peuvent servir à vérifier les données, particulièrement pour les séquences douteuses. La méthode statistique utilisée pour fournir les probabilités d'attribution a été expliquée dans le chapitre 2.

En principe, plus il y a de signaux et plus la probabilité d'attribution est élevée, plus

l'analyse est fiable. Si une séquence comprend un nombre élevé de signaux, il est peu probable que des erreurs isolées faussent l'analyse. En revanche, si seuls quelques signaux ont été détectés dans une séquence, il se peut que la mauvaise mesure de certains signaux entraîne une détermination erronée de la séquence complète.

L'analyse des espèces opérée par le programme bcDiscriminator prend déjà en compte le nombre des signaux pour calculer la probabilité de l'attribution à une espèce.

	filename	time	length	Calls	Species 1	Prob.	S
✓	100708-I3XXXXXXXX-0046.raw	23:45:28	0,46s	1	Mkm	77%	
✓	100708-I3XXXXXXXX-0047.raw	23:45:28	0,46s	1	Mkm	71%	
✓	100708-K1XXXXXXXX-0043.raw	23:38:22	1,40s	12	Mbart	79%	
✓	100708-K1XXXXXXXX-0044.raw	23:38:46	2,05s	21	Mbart	90%	
✓	100708-K1XXXXXXXX-0045.raw	23:39:06	2,66s	18	Mbart	87%	

Illustration: On voit dans cette liste de séquences (extraite de bcAdmin) que la probabilité et la fiabilité de l'attribution à une espèce sont corrélées au nombre de signaux. Les deux premières séquences, ne comportant qu'un signal, n'ont pu être déterminées que jusqu'au niveau du groupe (Mkm). La quatrième séquence en revanche, a pu être attribuée avec ses 21 signaux à 90% au murin à moustaches/de Brandt, *Myotis mystacinus/brandti*.

Il n'existe malheureusement pas de règle générale indiquant le nombre de signaux nécessaires et leur probabilité d'attribution pour que l'on puisse considérer la détermination comme fiable. Les séquences comportant des signaux de pipistrelle commune présentent par exemple toujours une probabilité de détermination supérieure à 90%. Une valeur inférieure serait à interpréter comme un signe négatif. Les émissions sonores des genres *Myotis* et *Nyctalus* n'atteignent cependant presque jamais ce niveau de probabilité. Une séquence de Murin de Daubenton présentant une probabilité de 80% minimum peut, elle, être considérée comme fiable (environ 1% de détermination faussement positive).

La probabilité obtenue ne correspond, selon cette méthode statistique, pas forcément à

la proportion moyenne d'enregistrements correctement déterminés.

La probabilité calculée par batIdent ou bcDiscriminator indique seulement comment le signal analysé a été classé par rapport à l'échantillon de référence. Une valeur inférieure à 100% signifie qu'un signal est situé dans la zone d'intersection sonore de deux espèces au minimum. La méthode suppose ici que toutes les espèces émettant ce type de signal sont enregistrées à la même fréquence et que leur répertoire sonore se compose toujours de la même manière que l'échantillon de référence.

Le Murin d'Alcathoe, *Myotis alcathoe* et la Pipistrelle commune, *Pipistrellus pipistrellus* sont des exemples permettant de bien comprendre ce problème:

La Pipistrelle commune, par exemple lorsqu'elle se trouve dans une végétation dense, peut émettre des cris très brefs et hachés ressemblant aux cris du Murin d'Alcathoe. Si les deux espèces sont présentes au même moment et utilisent tout leur répertoire, seulement 1% des signaux seraient déterminés de manière erronée. Une séquence avec une détermination fiable à 98%, par exemple, serait en moyenne justement déterminée dans 98% des cas. En revanche, si seule la pipistrelle vole sur un site, et ce toujours très près de la végétation, la proportion de déterminations erronées augmenterait. Une séquence de Murin d'Alcathoe dont la détermination est fiable à 98%, par exemple, serait dans ce cas toujours forcément déterminée de manière erronée à 100%.

L'attribution à une espèce, même probable à 100%, ne peut être considérée comme absolument certaine. Cela tient au fait que les signaux de référence utilisés pour mettre au point l'analyse statistique ne n'ont pas été parfaitement mesurés. Si les signaux ne sont pas intégralement mesurés, ces „fragments “ peuvent ressembler aux cris d'autres espèces et être attribués de manière erronée malgré la forte probabilité de la détermination. L'analyse statistique

recherche certes les erreurs manifestes, c'est à dire les sons qui ne font pas partie du répertoire connu de l'espèce, mais les signaux mal mesurés ne peuvent parfois pas être distingués des signaux habituels.

Cela se produit assez fréquemment lorsque ne sont mesurés que de petits fragments à la fin de signaux de faible volume du genre des Myotis. Ces fragments peuvent, par leur durée et leur fréquence, ressembler à ceux de la Barbastelle, *Barbastella barbastellus*. Bien que la Barbastelle émette des signaux vraiment uniques, ce type de détermination erronée peut se produire.

Si l'on s'intéresse à la probabilité de l'attribution à une espèce pour chaque signal, la synthèse des résultats de l'analyse fournie par bcAdmin n'est pas suffisante. En particulier lorsque plusieurs espèces sont détectées dans un enregistrement, l'affichage ne permet pas de voir quel signal précis est attribué à quelle espèce. Il est possible de procéder à une nouvelle analyse des données une à une à l'aide de batIdent ou bcDiscriminator afin d'utiliser les informations plus précises qu'offre la fenêtre d'affichage.

L'illustration montre le résultat de la détermination d'un signal par le programme

The screenshot shows the bcDiscriminator application window. The title bar reads "bcDiscriminator". The main window contains a "Choose input file" field with the path "...s/Rufanalyse/Referenzsammlung/Barre Schleswig-Holstein2008/050808-BC0167XXXW-0346.csv". Below this is a table with columns "Group/Species", "Calls", and "Prob.". The table data is as follows:

Group/Species	Calls	Prob.
Myotis	11	1
Mkm	10	1
Mda	6	0,7164094
Pipistrelloid	10	0,9750615
Ppyg	9	1

Below the table is a "Console" window showing the following text:

```
Mda;Mda;Ppyg;Mkm;Mda;Ppyg;Ppyg;Mda;Ppyg;Myotis;Ppyg;Mda;Ppyg;Mkm;Pipistrelloid;Mda;Spec.;Ppyg;Mkm;Mkm;Ppyg;Ppyg
0.42;0.682;1;0.978;0.754;1;1;0.698;1;0.738;1;0.82;1;0.986;0.85;0.926;0;1;0.968;0.89;1;1

Walking the tree
- parent removed -
- parent removed -
- parent removed -
Pipistrelloid 0.98 Ppyg 1.00 Mkm 1.00 Mda 0.72
elapsed time per recording 1.484751
```

The bottom right corner of the window indicates "Running R 2.6.2".

Illustration: résultat de la détermination d'une séquence par bcDiscriminator.

bcDiscriminator. Dans la fenêtre du haut, on voit l'arborescence des déterminations rendant compte des étapes. Le nombre des signaux et la probabilité sont donnés pour chaque étape de l'analyse. Dans le cas précis, deux espèces ont été détectées dans la séquence: le Murin de Daubenton, *Myotis daubentonii*, avec une probabilité de 72% environ, et la pipistrelle pygmée, *Pipistrellus pygmaeus*.

Dans la mesure où les deux espèces ap-

paraissent également en amont, dans les étapes de l'analyse, avec plusieurs signaux et une probabilité élevée, on peut considérer que l'analyse est concluante. bcAdmin (à partir de la version 1.15 et de la version 2.0) et bcAnalyze (à partir de la version 1.07) affichent l'espèce déterminée directement au dessus des signaux dans le callview ou dans l'oscillogramme (à condition que l'analyse ait été effectuée par bcDiscriminator à partir de la version 1.14 ou par batIdent).

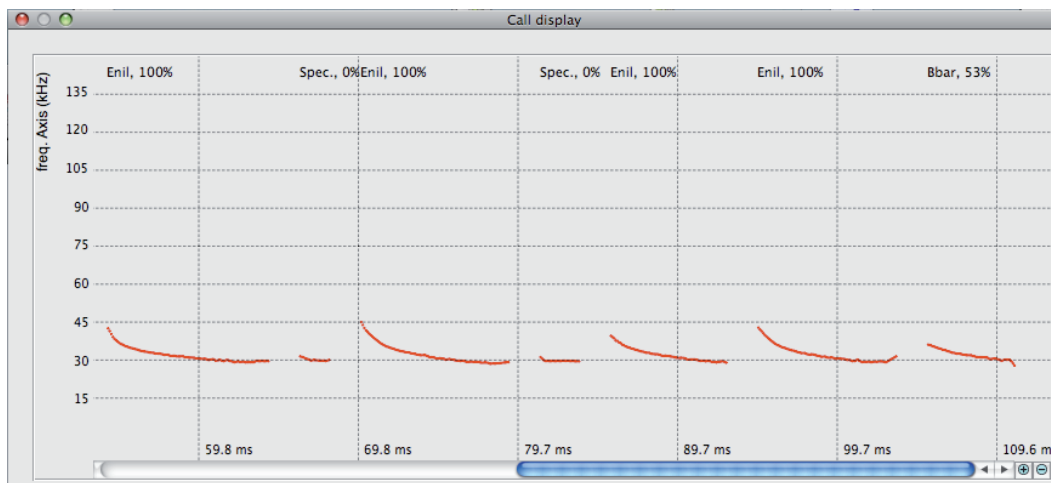


Illustration: probabilités d'attribution signal par signal dans le mode d'affichage des signaux de bcAdmin. Certains échos ont été mesurés mais n'ont été déterminés que comme „Spec“. Un son qui n'a pas été complètement mesuré a été attribué à la Barbastelle (Bbar) avec une faible probabilité. Tous les sons bien mesurés ont été attribués à la Sérotine de Nilsson (Enil), à qui appartient effectivement cette séquence.

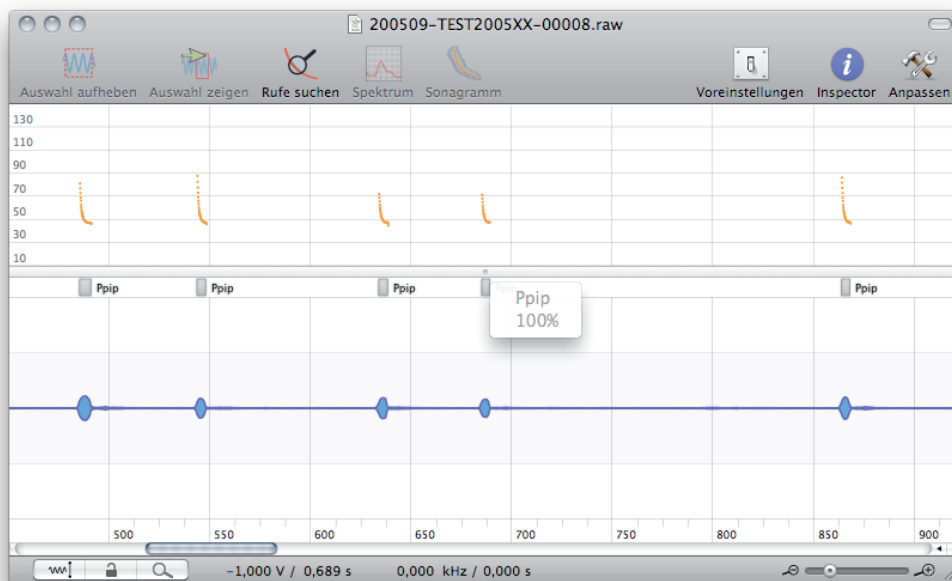


Illustration: affichage des résultats signal par signal dans bcAnalyze à partir de la version 1.07.

En conclusion, les indications de probabilité constituent un important critère d'interprétation et sont souvent extrêmement révélatrices. Les valeurs exprimées pour chaque signal ne doivent toutefois pas être considérées comme un critère absolu. Avec un peu d'expérience, on saisira très vite à l'aide de ces valeurs les potentielles déterminations erronées.

### 8.3.2. Mesure correcte/complète des signaux?

Les signaux d'une séquence peuvent être visualisés sous forme de déroulement fréquentiel dans le temps. Ce mode d'affichage permet de passer rapidement de séquence en séquence. Les signaux mal mesurés sont généralement bien visibles au sein d'une succession de signaux. On détecte ainsi les signaux potentiellement mal mesurés pouvant conduire à des déterminations inexactes ou erronées. Il y a plusieurs causes possibles à une mauvaise mesure. Outre les cris habituels, des échos (voir illustration ci-dessus) ou des perturbations sonores peuvent également être mesurés. Si un écho recouvre les signaux des chiroptères, il se peut que ces derniers soient mal mesurés. C'est le cas en particulier pour les sons cf, qui se mêlent à leur écho sans transition. Pour les sons fm, il arrive que le son ne soit pas représenté jusqu'à la fin en raison d'un écho important. Si le son est suivi d'un écho quasiment sans décalage (par exemple pour les murins de Daubenton à proximité de l'eau), des variations d'amplitude apparaissent, ce que l'on nomme battement. Ces manques dans le signal provoquent bien souvent une mesure fragmentaire. L'algorithme de mesure reconnaît certes les petits manques, qu'il ignore, mais s'il manque des fragments trop importants, la mesure du signal est interrompue. Ces courts fragments ne peuvent en général pas être déterminés, et

sont la plupart du temps désignés sous l'appellation „Spec.“, c'est à dire une appartenant à une espèce inconnue ou non déterminable. Si un fragment résiduel est semblable à un signal appartenant à autre espèce (la barbastelle, par exemple), cela peut occasionner des déterminations erronées. La mesure incomplète d'un signal peut également avoir d'autres motifs. Un signal peut ainsi être „trop court“ lorsque son volume est trop faible. Le début ou la fin du signal manquent la plupart du temps dans ce cas de figure.

Les erreurs décrites ci-avant peuvent certes être en partie reconnues et ignorées par l'analyse. Le pourcentage de déterminations erronées augmente cependant proportionnellement au nombre de signaux mal dimensionnés. Si l'on trouve, outre les signaux habituels, une grande quantité de signaux mal mesurés, il arrive que soit détectée une deuxième „espèce“ dans la séquence. C'est pourquoi il est nécessaire de contrôler brièvement les séquences faisant l'objet d'une double attribution.

Les sources d'erreurs potentielles sont la plupart du temps reconnaissables dans le mode d'affichage des signaux de bcAdmin. Cependant, il est parfois nécessaire de visualiser le document d'origine sous forme d'oscillogramme ou de sonagramme. Si l'on utilise pour cela le programme bcAnalyse, les données mesurées peuvent être représentées dans le sonagramme. Cela facilite le contrôle des résultats de mesure.

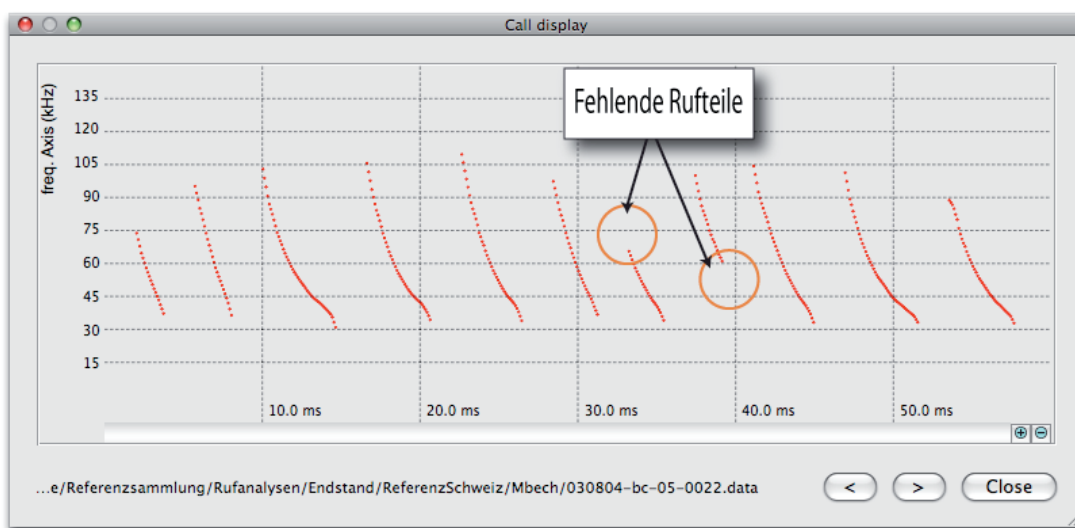
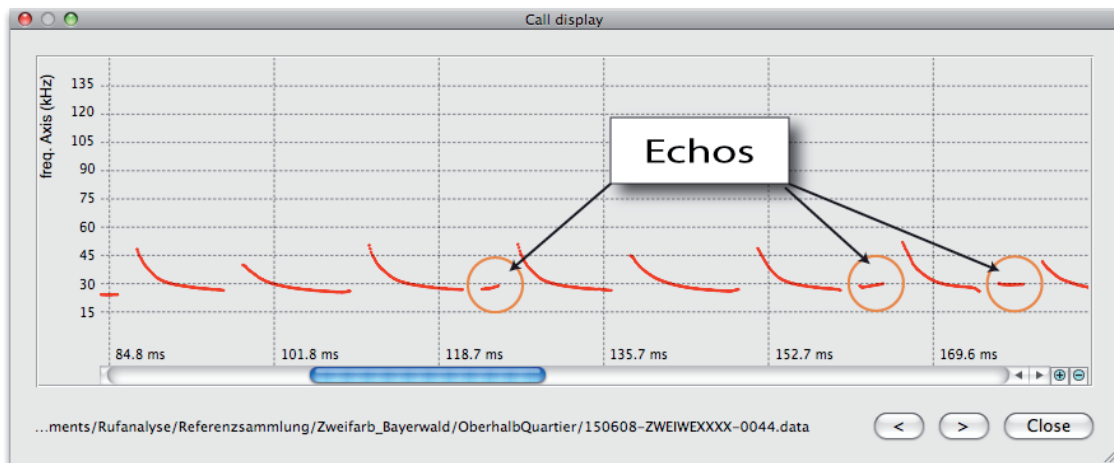


Illustration: ces séquences sonores montrent des exemples de mesures d'échos ainsi que l'absence de début et de fin pour certains signaux. Dans ce cas, le nombre de signaux correctement mesurés est assez important pour que l'analyse ne soit pas influencée.

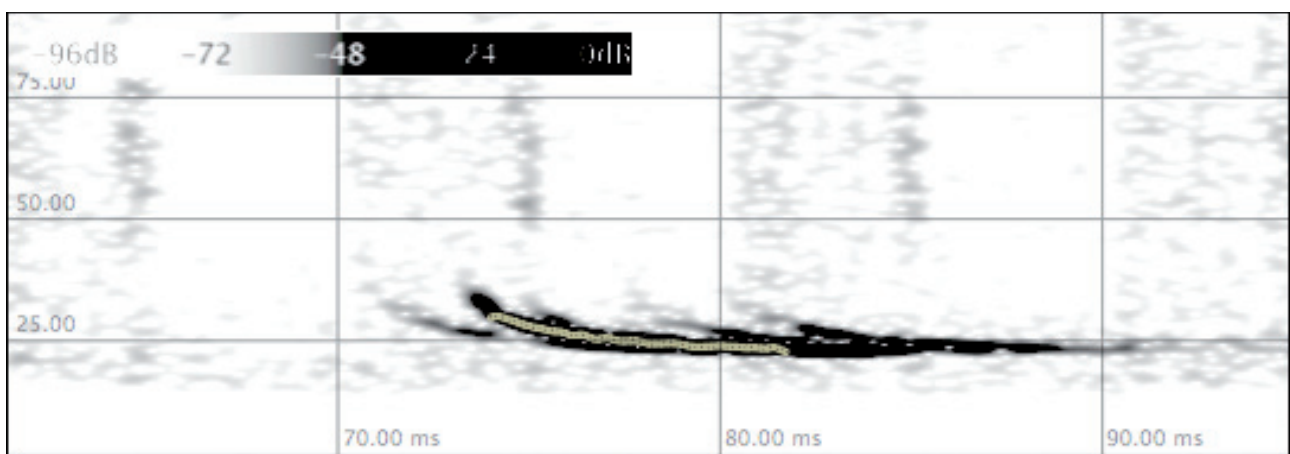


Illustration: Sonagramme d'un signal ne pouvant être intégralement traité par la mesure automatique en raison des échos qui le recouvrent. Les points blancs à l'intérieur du signal représentent le tracé de la mesure.

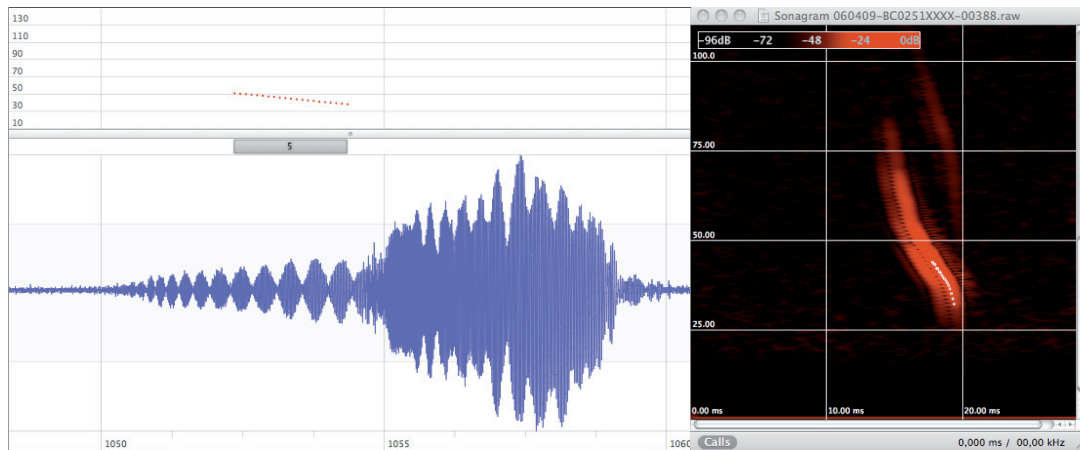


Illustration: Oscillogramme et sonagramme d'un cri de Murin de Daubenton chassant au dessus d'un étang. On observe dans l'oscillogramme les variations d'amplitude, appelées battements. Ceux-ci apparaissent lorsque l'écho recouvre en grande partie le cri. On observe également dans le sonagramme que cri et écho „fusionnent“ pratiquement. Au dessus de l'oscillogramme, et sous forme de points blancs dans le sonagramme, on voit le signal que bcAdmin a déchiffré. On voit nettement que seul un fragment a été identifié et mesuré.

### 8.3.3. Volume sonore

En règle générale, plus un son est fort, mieux il peut être mesuré. En particulier pour les sons fm (par exemple ceux du genre des *Myotis*), l'amorce est la plupart du temps très faible, et n'est pas recon- nue dans les séquences où le volume de l'enregistrement est faible. Les paramètres comme par exemple la fréquence d'attaque et la longueur du signal changent donc. Le volume est par conséquent un critère potentiel de qualité et de qualité de la mesure. Le contrôle peut être effectué dans bcAnalyse dans le d'affichage de l'oscillogramme. Lorsqu'une séquence ne comporte que quelques signaux, de faible volume, le résultat est en moyenne moins fiable.

### 8.3.4. Cris sociaux

L'analyse automatique, conformément à la description du procédé décrite dans ce document, ne peut traiter que les signaux pour lesquels elle a été formée. Les signaux absents de l'échantillon de référence posent un problème à l'algorithme. Si un échantillon très complet de sons d'écholocation a servi à former l'analyse, les cris sociaux sont eux

pratiquement inexistant (à l'exception de ceux des pipistrelles à partir de batldent). Sur certains sites (gîtes) et à certaines périodes de l'année (phase nuptiale) cependant, ces cris peuvent être enregistrés en grande quantité.

Il convient de distinguer différents types de cris en fonction de leur complexité. Outre les cris sociaux simples, qui ne comportent qu'un élément, il existe plusieurs types de cris complexes et constitués de plusieurs éléments. Les premiers peuvent en général être bien mesurés, la superposition d'échos posant le seul problème réel. D'autres sont constitués d'éléments articulés les uns avec les autres dans différentes combinaisons et répétitions. Il est très difficile d'effectuer leur mesure automatique. L'analyse statistique est là aussi plus difficile, puisque des paramètres complètement différents (en particulier l'ordre temporel) sont mobilisés pour procéder à l'analyse.

La structure ou syllabe que l'observateur humain reconnaît comme caractéristique ne peut souvent pas être extraite automatiquement. Les cris entrecoupés de longs intervalles sont eux encore plus difficilement représentables et identifiés seule-

ment comme des sons isolés.

De plus, certains cris sociaux présentent une extrême variabilité intraspécifique. D'autres cris sociaux sont utilisés sous une forme similaire par un très grand nombre d'espèces (les „triller“, par exemple). Tout ceci contribue en général à rendre difficile l'analyse. Le contrôle manuel est donc la plupart du temps nécessaire. La dimension temporelle des enregistrements décrite ci-avant (succession temporelle des enregistrements) est à cet effet d'une aide particulièrement précieuse pour attribuer les cris à une espèce. Si des séquences répétées, dispersées au sein d'enregistrements réalisés au cours d'une même session, sont justement déterminées grâce aux sons d'écholocation enregistrés, les signaux situés entre ces séquences pourront plus facilement être attribués à une espèce.

Les cris sociaux ne sont cependant que rarement enregistrés en grand nombre lors des études. Le travail mené sur deux ans par le Dr. Volker Runkel pendant sa thèse est un exemple d'étude utilisant l'enregistrement et l'analyse automatiques. Les cris sociaux de pipistrelles pygmées atteignaient ici 75% des sons enregistrés au mois d'août, tandis que leur pourcentage se situait bien en deçà des 25% durant les autres mois.

Les enregistrements comportaient également la plupart du temps suffisamment de sons d'écholocation pour que la détermination ne soit pas problématique. Pour le genre des *Myotis*, la part des enregistrements comportant des cris sociaux était inférieure à 1%. Les cris sociaux ne jouent la plupart du temps qu'un rôle mineur dans la détermination des espèces par ces procédés automatiques. Les erreurs ne représentent pas un véritable problème en raison de cette très faible proportion.

### 8.3.5. Détermination manuelle en fonction de la forme du signal et de différents paramètres mesurables

Dans l'analyse informatique des sons, différentes valeurs, par exemple dans un sonagramme, sont extraites manuellement ou de manière semi-automatique pour analyser l'espèce. Les valeurs transmises par différentes publications spécialisées et l'expérience personnelle servent là de référence. La forme du signal, saisie et décrite de manière plutôt subjective, est également un critère important. Les signaux de la presque totalité des espèces sont toutefois variables et s'adaptent à l'environnement, à l'activité et au type de vol. Les paramètres isolés, comme par exemple la fréquence finale, ne sont donc en général pas suffisants pour pouvoir les analyser. Il faut mettre en oeuvre plusieurs paramètres, dont l'interaction est alors prise en compte. Une personne humaine effectuant cette analyse se retrouve là rapidement limitée. Si les signaux sont bien dimensionnés, l'analyse statistique des espèces est bien préférable à l'analyse manuelle. La détermination manuelle est praticable afin de vérifier les sons automatiquement analysés de certaines espèces faciles à repérer. On peut également procéder à l'analyse manuelle de séquences mal mesurées ou comportant des sons sociaux. Lors du contrôle manuel, c'est essentiellement l'expérience personnelle (et dans une certaine mesure le « talent ») qui est décisive quant à la nature des espèces déterminées et la fiabilité des attributions. Il est important de ne pas se surestimer et, dans le doute, de ne déterminer les séquences qu'à un niveau moindre ou ne pas les déterminer.

Le tableau ci-après présente une estimation des degrés de difficulté pour l'analyse manuelle des signaux de chauves-souris d'Europe centrale.

*tableau et en preparation !*

Ce texte ne prétend pas livrer une synthèse des paramètres sonores et des caractéristiques des signaux pour les espèces de chauves-souris d'Europe centrale. Différentes sources bibliographiques abordent précisément ce sujet. En particulier la publication intitulée „Critères pour l'évaluation des enregistrements sonores attestant la

présence d'espèces“ établie par le centre de coordination pour la protection des chauves-souris en Bavière en collaboration avec ecoObs et NycNoc, et abordant en particulier la vérification manuelle des enregistrements réalisés par batcorder. Ce document est téléchargeable à l'adresse suivante: „[http://www.ecoobs.de/downloads/Kriterien\\_Lautzuordnung\\_10-2009.pdf](http://www.ecoobs.de/downloads/Kriterien_Lautzuordnung_10-2009.pdf)“

## 9. Synthèse des conseils pour le contrôle des enregistrements

- Contrôler par principe les déterminations reposant sur une séquence ou un nombre restreint de séquences .
- Toujours contrôler les espèces rares ou inattendues.
- Identifier les signaux mal mesurés, les cris sociaux ou les signaux parasites dans le mode d'affichage des signaux de bcAdmin.
- Si les valeurs mesurées affichées dans bcAdmin n'apportent aucune explication, les séquences peuvent être expertisées sous forme de sonagrammes à l'aide d'autres logiciels.
- Les séquences problématiques peuvent être déterminées isolément grâce à bcDiscriminator afin de disposer de résultats d'analyse détaillés.
- En cas de doute, ignorer les attributions de séquences à une espèce à l'intérieur d'un bloc d'enregistrements d'espèces aux émissions sonores similaires.
- Moins il y a de cris, plus l'erreur est probable.
- Plus le volume des signaux est faible, plus l'erreur est probable.
- Plus le nombre des espèces déterminées pour une séquence est élevé, plus l'erreur est probable.
- Evaluer de manière réaliste son niveau de connaissance lors du contrôle manuel.

## 9.1. Sources d'erreurs habituelles

Problèmes survenant fréquemment :

- les signaux très brefs de *Pipistrellus pipistrellus* et de *P. pygmaeus* sont régulièrement déterminés comme signaux de *Myotis alcaethoe* (souvent comme deuxième espèce!)
- Ce n'est pas le cas pour les signaux des différentes espèces de *Myotis* mesurés jusqu'à la fin.
- Les fragments finaux de signaux de *Myotis* ayant un faible volume sont parfois attribués à la Barbastelle. C'est également le cas de différents courts fragments d'autres signaux.
- L'espèce *Myotis bechsteinii* est mal identifiée et n'est la plupart du temps déterminée que jusqu'au groupe „Mkm“ (petit/moyen *Myotis*)
- Les cris sociaux du genre *Pipistrellus* ne sont pas identifiés et la plupart du temps déterminés comme „Spec.“, „nyctaloid“ ou „Nnoc“ (en particulier lorsque l'on utilise bcDiscriminator 1)
- Les émissions sonores de chauves-souris situées au dessus d'un point d'eau ne sont en général pas mesurées intégralement en raison du fort écho. Les fragments qui en résultent peuvent conduire à différentes déterminations erronées.

## 10. Bibliographie

- Ahlén, I. & H. J. Baagoe (1999). „Use of ultrasound detectors for bat studies in Europe: experiences from field identification, surveys, and monitoring.“ *Acta Chiropterologica* 1(2): 137-150.
- Ahlén, I. (1981). Identification of Scandinavian Bats by their sounds. Uppsala, Dept. Wildlife.
- Ahlén, I. (1990). Identification of bats in flight, Swedish society for conservation of nature.
- Barclay, R. M. R. (1999). „Bats are not birds - a cautionary note on using echolocation calls to identify bats: a comment.“ *Journal of Mammology* 80(1): 290-296.
- Breiman, L. (2001). „Random Forests.“ *Machine Learning* 45(1): 5-32.
- Fenton, M. B. (1988). Detecting, recording, and analyzing vocalizations of bats. Ecological and behavioral methods for the study of bats. T. H. Kunz. Washington D.C., Smithsonian Institution Press.
- Fenton, M. B. & G. P. Bell (1981). „Recognition of insectivorous bats by their echolocation calls.“ *Journal of Mammology* 62(2): 233-243.
- Herr, A., N. I. Klomp & J. S. Atkinson (1997). „Identification of Bat Echolocation Calls Using a Decision Classification System.“ *Complexity* 4: 11.
- Jones, G., N. Vaughan & S. Parsons (2000). „Acoustic identification of bats from directly sampled and time expanded recordings of vocalizations.“ *Acta Chiropterologica* 2(2): 155-

170.

O'Farrell, M. J. & B. W. Miller (1999). „Use of vocal signatures for the inventory of free-flying neotropical bats.“ *Biotropica* 31(3): 507-516.

O'Farrell, M. J., B. W. Miller & W. L. Gannon (1999). „Qualitative Identification of free-flying Bats using the Anabat Detector.“ *Journal of Mammalogy* 80(1): 11-23.

Obrist, M. K., R. Boesch & P. F. Flückiger (2004). „Variability in echolocation call design of 26 Swiss bat species: consequences, limits and options for automated field identification with a synergetic pattern recognition approach.“ *Mammalia* 68(4): 307 - 321.

Parsons, S. & G. Jones (2000). „Acoustic identification of twelve species of echolocating bat by discriminant function analysis and artificial neural networks.“ *Journal of Experimental Biology* 203(17): 2641-2656.

Russo, D. & G. Jones (2002). „Identification of twenty-two bat species (Mammalia: Chiroptera) from Italy by analysis of time-expanded recordings of echolocation calls.“ *Journal of Zoology London* 258(1): 91-103.

Rydell, J., H. T. Arita & J. Granados (2002). „Acoustic identification of insectivorous bats (order Chiroptera) of Yucatan, Mexico.“ *Journal of Zoology London* 257: 27-36.

Tibbels, A. (1999). „Do Call Libraries Reflect Reality?“ *Bat Research News* 40(4): 153-155.

Vaughan, N., G. Jones & S. Harris (1997). „Identification of british bat species by multivariate analysis of echolocation call parameters.“ *Bioacoustics* 7: 189-207.

Weid, R. (1988). „Bestimmungshilfe für das Erkennen europäischer Fledermäuse - insbesondere anhand ihrer Ortungsrufe.“ *Schriftenreihe Bayr. Landesamt für Umweltschutz* 81: 63-72.

Weid, R. & O. v. Helversen (1987). „Ortungsrufe europäischer Fledermäuse beim Jagdflug im Freiland.“ *Myotis* 25: 5-27.

Zingg, P. E. (1990). „Akustische Artidentifikation von Fledermäusen (Mammalia: Chiroptera) in der Schweiz.“ *Revue suisse Zool.* 97(2): 263-294.