

REPUBLIQUE DU SENEGAL

Un peuple- un But- une Foi



Agence nationale de la Statistique et de la Démographie



Ecole nationale de la Statistique et de l'Analyse économique Pierre Ndiaye

TP7 : Package sdmApp



Réalisé par :

Alioune Abdou Salam KANE

Khadidiatou DIAKHATE

Ange Emilson Rayan RAHERINASOLO

Awa DIAW

Sous la supervision de :

M. Aboubacre HEMA

ISE1-Cycle long – Décembre 2024

Table des matières

Table des matières	i
Décharge.....	ii
Les auteurs du package	1
Installation de l'application.....	1
Fonctionnalités principales.....	3
Objectifs de sdmApp.....	3
Types de données utilisées : les inputs	4
Résultats produits : les outputs.....	4
Insuffisances.....	4
Comparaison avec d'autres outils	4
Présentation d'autres outils moins connus	5
Bases de données pour tester l'application	5
Références webographiques.....	6

Décharge

Les informations présentées dans ce document proviennent exclusivement de sources externes, en particulier de la documentation officielle et des publications associées au package *sdmApp*. Cependant, nous n'avons pas encore reçu de cours spécifiques sur la modélisation des distributions d'espèces dans notre formation actuelle. Ainsi, toutes les informations véhiculées dans ce document doivent donc être prises dans le contexte d'une simple synthèse des ressources disponibles, sans garantie d'expérience pratique ni d'expertise approfondie.

sdmApp ou Species Distribution Models Application est un package R qui propose une application Shiny pour la modélisation de la distribution des espèces (*Species Distribution Modeling-SDM*). Il est conçu pour simplifier ce processus en regroupant un flux de travail reproductible et une interface utilisateur interactive, accessible même aux non-experts. Le package accepte des données de type raster (formats pris en charge par le package raster) ainsi que des données d'occurrence des espèces, permettant une analyse complète.

Les auteurs du package

Le package est cité ainsi : **HEMA A, NDAO B, LEROUX L, DIOUF A (2021)**. *sdmApp: A User-Friendly Application for Species Distribution Modeling*. Version 0.0.2, [CRAN](#).

Ce tableau ci-après présente le créateur ainsi que les auteurs du package.

Prénom	NOM	Nationalité	Rôle	Adresse mail
Aboubacar	HEMA	Burkinabé	Créateur et auteur	aboubacarhema94@gmail.com
Babacar	NDAO	Sénégalais	Auteur	babacar.ndao@cse.sn
Louise	LEROUX	Français	Auteur	louise.leroux@cirad.fr
Abdoul Aziz	DIOUF	Sénégalais	Auteur	aziz.diouf@cse.sn

Installation de l'application

- Depuis GitHub

```
remotes::install_github("Abson-dev/sdmApp", dependencies = TRUE)
library(sdmApp)
sdmApp()
```

L'installation de **sdmApp** à partir de GitHub peut être un défi. Le processus nécessite l'installation préalable de Java et la configuration correcte de certains éléments avant d'exécuter les scripts sur R.

Step1/ Installation de Java et configuration de l'environnement

Avant d'utiliser sdmApp, il est nécessaire d'installer Java téléchargeable à partir de <https://www.oracle.com/java/technologies/downloads/#jdk23-windows>

Une fois Java installé, configurer son chemin dans R et vérifier que la variable JAVA_HOME a bien été définie

```
Sys.setenv(JAVA_HOME = "C:/Program Files/Java/jdk-23")  
Sys.getenv("JAVA_HOME")
```

Il reste alors 5 autres étapes :

```
Step2/ : Installation et chargement du package `rJava`  
#Le package `rJava` permet à R d'interagir avec Java.  
Voici comment l'installer et le configurer :  
install.packages("rJava")  
# Charge rJava et initialiser dans R  
library(rJava)  
.jinit() # pour vérifier que Java s'initialise correctement
```

```
Step3/ Configuration de `maxent.jar`  
# Définit le chemin vers le fichier maxent.jar  
Sys.setenv(MAXENT_PATH = "C:/sdmApp/maxent.jar")
```

```
Step4/ Installation des outils pour GitHub  
# Installe les outils nécessaires pour l'installation depuis GitHub  
install.packages("remotes")  
install.packages("devtools")
```

```
Step5/ Installation du package CENFA  
library(devtools)  
library(remotes)  
# Installe CENFA depuis GitHub  
devtools::install_github("rinnan/CENFA")
```

```
Step6/ Installation de `sdmApp` et de ses dépendances  
# Installe le package sdmApp et ses dépendances  
remotes::install_github("Abson-dev/sdmApp", dependencies = TRUE, force = TRUE)
```

Il ne reste plus qu'à charger et lancer l'application

```
library(sdmApp)
sdmApp()
```

NB : Il a fallu également installer Rtools dans [Rtools44 installer](#).

Fonctionnalités principales

L'interface graphique (GUI) de **sdmApp** est organisée autour de 5 fenêtres principales, accessibles via une barre de navigation. Les fonctionnalités incluent :

1. **Téléchargement des données** : Importation des fichiers raster et des données d'occurrence.
2. **Analyse des corrélations** : Visualisation des corrélations entre variables raster.
3. **Sélection des prédicteurs** : Utilisation de la méthode CENFA pour identifier les variables pertinentes.
4. **Validation croisée spatiale** : Basée sur le package blockCV, intégrant une stratégie de blocage spatial.
5. **Modélisation SDM** : Application de modèles de distribution avec ou sans validation spatiale.
6. **Exportation des résultats** : Rasters prédictifs, cartes, et rapports générés.
7. **Reproductibilité** : Possibilité de télécharger le code R sous-jacent pour réexécuter les analyses.

Objectifs de sdmApp

Le package cible les écologistes et gestionnaires de la biodiversité cherchant un outil simplifié pour la modélisation SDM.

Les objectifs de l'application incluent : (i) la modélisation prédictive des habitats d'espèces (identifier les zones de répartition potentielles des espèces et aider à la conservation et à la gestion des ressources naturelles) ; (ii) l'automatisation des flux de travail SDM par l'intégration de plusieurs étapes, y compris l'importation des données, la préparation des

modèles, la validation et la visualisation et (iii) l'interface interactive en fournissant une application Shiny pour simplifier l'exploration des données et des résultats.

L'interface conviviale, les flux reproductibles, exportation facile des résultats sont citées comme des avantages du package.

Types de données utilisées : les inputs

Le package prend en charge deux types principaux de données : les données d'occurrence des espèces (présence/absence ou uniquement présence) et des données environnementales (ex. : température, précipitations, usage des sols).

Résultats produits : les outputs

Le package permet la création de rasters des probabilités de présence des espèces, une estimation des habitats, une évaluation de la biodiversité, des études sur les impacts du changement climatique et la planification de la conservation.

Insuffisances

- Dépendance à R et à Java

Il est difficilement exploitable dans un autre logiciel. Par exemple dans Python, il faut une couche d'interface comme rpy2.

- Nécessité d'une configuration spécifique du fait de cette dépendance

La configuration est très lente, complexe et pose beaucoup de problèmes avec certains ordinateurs.

Comparaison avec d'autres outils

Dans Python, des outils comme scikit-learn, GeoPandas, Rasterio, et MaxEnt permettent d'effectuer des tâches similaires. Cependant, sdmApp reste avantageux pour les utilisateurs d'R qui recherchent une approche intégrée et interactive.

Avec QGIS ou ArcGIS, les interfaces sont puissantes mais complexes. De plus, ces derniers ne sont pas Open source même si QGIS est gratuit. Ce qui n'est pas le cas de ArcGIS qui est plutôt coûteux. Enfin, ces deux logiciels ne sont pas directement axés sur les SDM (Species Distribution Modeling) bien que très puissants pour l'analyse spatiale.

Présentation d'autres outils moins connus

Des logiciels comme MaxEnt (Maximum Entropy Modeling) [MaxEnt](#) et autres packages de R comme [BIOMOD2](#), [ENMeval](#), [Dismo](#), [Wallace](#) et [ecospat](#) sont couramment utilisés pour la construction et l'analyse des modèles de répartition des espèces (Species Distribution Modeling).

Bases de données pour tester l'application

- **BIEN (Botanical Information and Ecology Network)** : Base de données axée sur les espèces végétales. [BIEN](#)
- **CHELSEA** : Données climatiques haute résolution. [CHELSA](#)
- **GBIF (Global Biodiversity Information Facility)** : Une base de données principale pour les données d'occurrence des espèces. [GBIF](#)
- **iNaturalist** : Plateforme de sciences citoyennes pour l'observation des espèces. [iNaturalist](#)
- **NASA Earthdata** : Données de télédétection pour les variables environnementales [Earthdata](#)
- **WorldClim** : Données climatiques mondiales pour la modélisation bioclimatique. [WorldClim](#)

Références webographiques

[Results for 'sdmapp' - RDocumentation](#)

[Abson-dev/sdmApp: species distribution models application](#)

<https://cran.r-project.org/bin/windows/Rtools/rtools44/rtools.html>

<https://www.oracle.com/java/technologies/downloads/#jdk23-windows>