

Diversité de la Parcelle 6 de Paracou

Eric Marcon

7 novembre 2020

Résumé

TD du cours sur les mesures de la biodiversité

Table des matières

1	Données	2
1.1	Lecture de la base de Paracou	2
1.2	Carte	2
2	Diversité neutre	3
2.1	Préparation des données	3
2.2	Richesse P6	3
2.3	Complétude	3
2.4	Sous-estimation	4
2.5	Intervalle de confiance	4
2.6	Taux de couverture	4
2.7	Profil de diversité	5
3	Diversité β	5
3.1	Création d'une métacommunauté	5
3.2	Partition de la diversité	6
4	Diversité phylogénétique	6
4.1	Création d'une phylogénie	6
4.2	Profil de diversité	7
5	Diversité fonctionnelle	7
5.1	Création d'une base de traits	7
5.2	Ajout des espèces manquantes	8
5.3	Remplissage des valeurs manquantes	8
5.4	Création d'une matrice de distance	9
5.5	Profil de diversité	9

1 Données

1.1 Lecture de la base de Paracou

Inventaire de 2016. La lecture de la base de Paracou est possible sur le réseau local de Kourou à condition d'avoir les droits suffisants. Si ce n'est pas le cas, les données de la parcelle 6 en 2016 sont retournées par défaut.

```
remotes::install_github("EcoFoG/EcoFoG", build_vignettes = TRUE)
```

```
## Skipping install of 'EcoFoG' from a github remote, the SHA1 (f3e04083) has not changed since 2020-08-10
## Use 'force = TRUE' to force installation
```

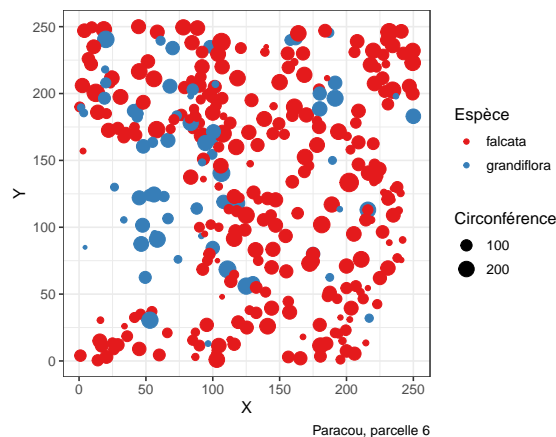
```
library("EcoFoG")
Paracou2df("Plot=6 AND CensusYear=2016") %>% # Année 2016
  # Arbres vivants seulement
  filter(CodeAlive == TRUE) %>%
  # Filtrage des colonnes utiles
  select(Plot, SubPlot:Yfield, -Project, -Protocole, Family:Species, CircCorr) %>%
  # Création d'une colonne contenant "Genre espèce".
  unite(col = spName, Genus, Species, remove = FALSE) -> Paracou
```

```
## Warning in QueryGuyafor(WHERE, UID, PWD, Driver, "WHERE (dbo.TtGuyaforShiny.Forest = N'p
##
## L'inventaire 2016 de la parcelle 6 de Paracou est retourné par défaut.
```

1.2 Carte

Carte des wapas de la P6.

```
Paracou %>% filter(Genus=="Eperua") %>%
  ggplot() +
  geom_point(aes(x = Xfield, y = Yfield, size = CircCorr, color=Species)) +
  coord_fixed() + scale_color_brewer(palette = "Set1") +
  labs(x="X", y="Y", caption="Paracou, parcelle 6", size="Circonférence", color="Espèce")
```



2 Diversité neutre

2.1 Préparation des données

Résumé des données à un nombre d'arbres par espèce et par parcelle

```
# Comptage
Paracou %>%
  group_by(spName) %>%
  summarize(Abondance = length(idTree)) ->
  AbondancesP6
```

```
## 'summarise()' ungrouping output (override with '.groups' argument)
```

```
# Fabrication d'un vecteur nommé
AbdP6 <- AbondancesP6$Abondance
names(AbdP6) <- AbondancesP6$spName
```

2.2 Richesse P6

Nombre d'espèces observées

```
library("entropart")
(AbdP6 %>% Richness(Correction="None") -> Sobserve)
```

```
## None
## 335
```

Estimation et validation

```
(AbdP6 %>% Richness(Correction="Jackknife") -> Sestime)
```

```
## Jackknife 2
## 473
```

2.3 Complétude

Taux de complétude entre 50% et 74%?

```
Sobserve/Sestime
```

```
## None
## 0.7082452
```

Comparaison avec Chao1

```
AbdP6 %>% Richness(Correction="Chao1")
```

```
## Chao1
## 417.7697
```

2.4 Sous-estimation

Comparaison avec Jackknife1

```
(Singletons <- sum(AbdP6==1))
```

```
## [1] 98
```

```
Sobserve + Singletons
```

```
## None
```

```
## 433
```

2.5 Intervalle de confiance

Validation de l'estimateur Jackknife 2.

Incertitude sur l'estimation : package SPECIES. Les données sont les fréquences des abondances.

```
AbondancesP6 %>%  
  group_by(Abondance) %>% summarise(Frequency=length(spName)) -> P6AbdFreqCount
```

```
## 'summarise()' ungrouping output (override with '.groups' argument)
```

```
library("SPECIES")  
P6AbdFreqCount %>% as.matrix %>% jackknife(k=2) %$% CI
```

```
##      lb  ub
```

```
## [1,] 425 521
```

2.6 Taux de couverture

Estimateur de Zhang et Huang :

```
Coverage(AbdP6)
```

```
## ZhangHuang
```

```
## 0.9723335
```

A comparer avec l'estimateur de Turing :

```
Coverage(AbdP6, Estimator="Turing")
```

```
## Turing
```

```
## 0.9723242
```

L'estimation rapide par le nombre de singletons (estimateur de Turing) est généralement suffisante :

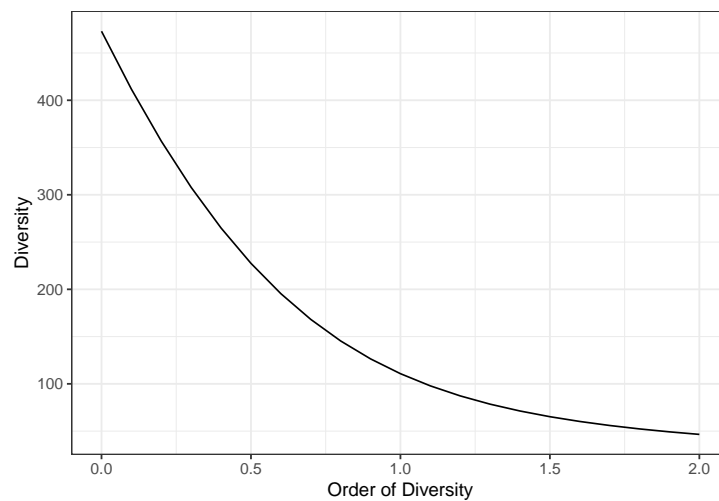
```
1-sum(AbdP6==1)/sum(AbdP6)
```

```
## [1] 0.9723242
```

2.7 Profil de diversité

Utilisation de l'estimateur Unveiled-Jackknife :

```
CommunityProfile(Diversity, AbdP6, Correction="UnveilJ") %>%
  autoplot
```



3 Diversité β

3.1 Création d'une métacommunauté

Chaque carré de la parcelle 6 est considéré comme une communauté locale issue de la méta-communauté constituéé par la parcelle entière.

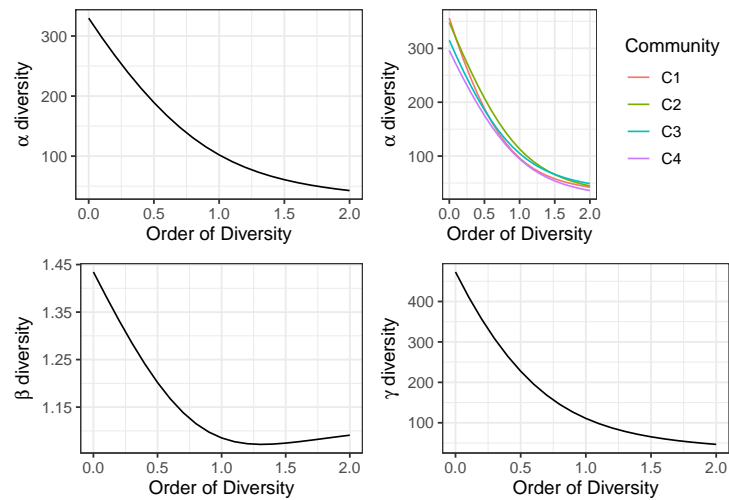
```
Paracou %>%
  group_by(SubPlot, spName) %>%
  summarize(Abondance = length(idTree)) %>%
  spread(key = SubPlot, value = Abondance, fill=0) %>%
  as.data.frame ->
  dfP6
```

```
## 'summarise()' regrouping output by 'SubPlot' (override with '.groups' argument)
```

```
# Préparation d'une métacommunauté
rownames(dfP6) <- dfP6$spName
dfP6 <- dfP6[, -1]
colnames(dfP6) <- paste("C", colnames(dfP6), sep="")
library("entropart")
ParacouMC <- MetaCommunity(dfP6, Weights = colSums(dfP6))
```

3.2 Partition de la diversité

```
dp <- DivProfile(, ParacouMC, Biased = FALSE, Correction="UnveilJ")
autoplot(dp)
```

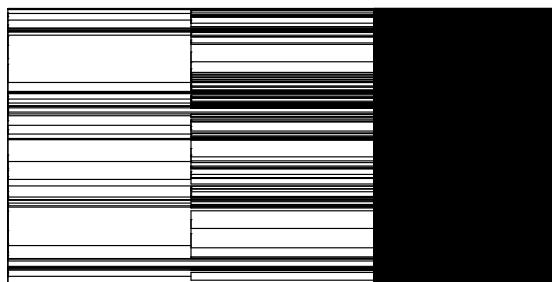


4 Diversité phylogénétique

4.1 Création d'une phylogénie

Phylogénie à partir de la taxonomie.

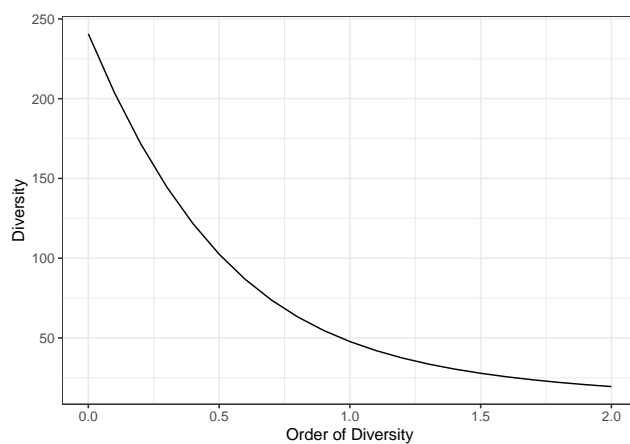
```
library("ape")
Paracou %>%
  select(Family:Species) %>%
  unite(col=spName, Genus, Species, remove=FALSE) %>%
  mutate_if(is.character, as.factor) %>%
  {as.phylo("Family/Genus/spName, data=., collapse=FALSE")} %>%
  compute.brlen(method=1) %>%
  collapse.singles %>%
  multi2di %T>%
  plot(show.tip.label = FALSE) -> p6Phylo
```



4.2 Profil de diversité

Utilisation de l'estimateur Unveiled-Jackknife :

```
dp <- CommunityProfile(function(Abd, q, CheckArguments)
  PhyloDiversity(Abd, q, Correction="UnveilJ", Tree=p6Phylo)$Total,
  AbdP6)
autoplot(dp)
```



5 Diversité fonctionnelle

5.1 Création d'une base de traits

Traits individuels (Bridge) et par espèces (Mariwenn).

```

read_csv(file="data/ind_traits_MICE.csv") %>%
  select(Family:Species, plot_code, sapwood_dens, log_SLA) %>%
  unite(col = spName, Genus, Species, remove = FALSE) %>%
  group_by(Family, Genus, spName) %>%
  summarize(DensiteBois = median(sapwood_dens), logSLA = median(log_SLA)) %>%
  ungroup ->
  TraitsBoisFeuilles

read_csv2(file="data/DataLifeTraits.csv") %>%
  select(Name, Hauteur, Masse) %>%
  rename(spName = Name) %>%
  mutate(MasseGraine = ordered(Masse)) %>%
  select(-Masse) ->
  TraitsVie

TraitsBoisFeuilles %>%
  left_join(TraitsVie)->
  Traits

```

5.2 Ajout des espèces manquantes

```

EspecesManquantes <- setdiff(AbondancesP6$spName, Traits$spName)
# Préparation des lignes supplémentaires
Paracou %>%
  filter(spName %in% EspecesManquantes) %>%
  select(Family:Genus) %>%
  distinct ->
  LignesManquantes
Traits %<>%
  bind_rows(LignesManquantes) %>%
  mutate(Family=as.factor(Family), Genus=as.factor(Genus))

```

Proportion des données de traits manquantes, pondérées par le nombre d'individus.

```

PartTraitsManquants <- data.frame(Traitsmanquants=apply(Traits, 1, function(x) sum(is.na(x))/(length(x)-3)))
Traits %>%
  bind_cols(PartTraitsManquants) %>%
  inner_join(AbondancesP6) ->
  TraitsP6

```

```
## Joining, by = "spName"
```

```
sum(TraitsP6$Traitsmanquants * TraitsP6$Abondance)/sum(TraitsP6$Abondance)
```

```
## [1] 0.2752753
```

5.3 Remplissage des valeurs manquantes

```

# Remplissage des valeurs manquantes (long calcul)
library("mice")
Traits %>%
  mice(print=FALSE) %>%
  complete ->
  Traits

```

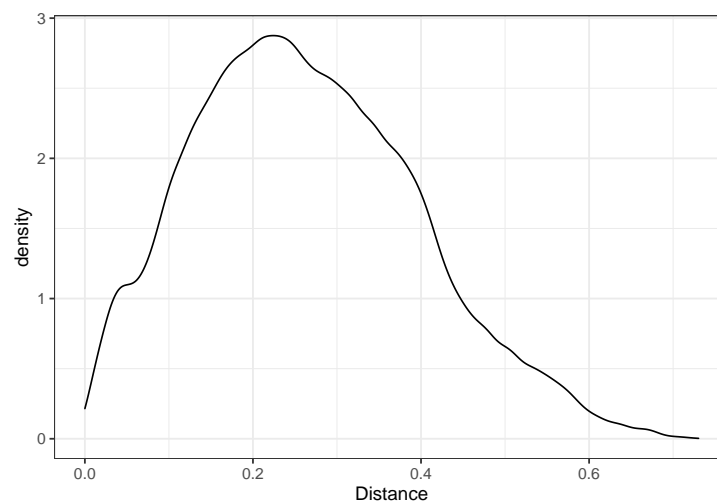
```
## Warning: Number of logged events: 186
```


5.4 Création d'une matrice de distance

Distance de Gower entre les espèces.

```
library("cluster")
rownames(Traits) <- Traits$spName
Traits %>%
  select(-(Family:spName)) %>%
  daisy(metric="gower") ->
  DistEspeces

# Distribution des distances
ggplot(data=data.frame(Distance=as.numeric(DistEspeces))) +
  geom_density(aes(x=Distance))
```



```
# Dissimilarités
DistEspeces %<>% as.matrix
Z <- 1 - DistEspeces/max(DistEspeces)
```

5.5 Profil de diversité

Diversité de Leinster et Cobbold.

```
# Suppression des lignes et colonnes inutiles de Z
Z <- Z[names(AbdP6), names(AbdP6)]
# Profil de diversité
CommunityProfile(Dqz, AbdP6, Z=Z) %>%
  autoplot
```

