

Diversité autour des Arbres du POSL

Florence Puech

Eric Marcon

March 16, 2022

Abstract

Diversité à distance.

Ce code crée des cartes en 2D et 3D du Parc Omnisport Suzanne Lenglen.

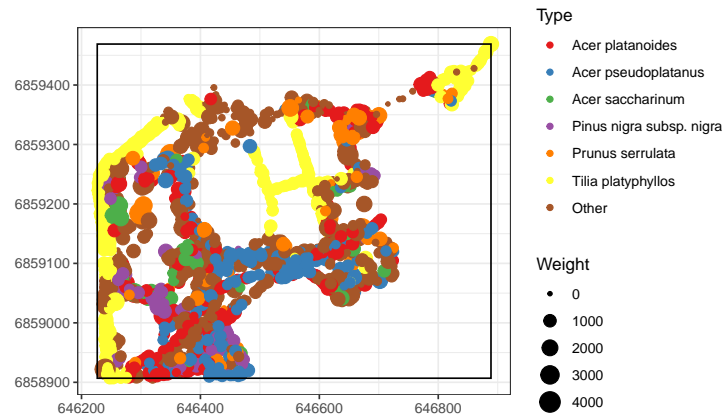
1 Données

```
load("data/POSL.RData")
```

2 Jeux de points

2.1 Tous les arbres de 2021

```
library("dbms")
BDD_Vivants_et_Abattus_renseignes_POSL %>%
  # Le poids est la surface terrière
  mutate(PointWeight = Circonference^2/4/pi) %>%
  rename(PointType = GenrEsp) %>%
  as.wmppp(unitname = c("meter", "meters")) ->
  POSL_VA_wmppp
autoplot(POSL_VA_wmppp)
```



3 Diversité

3.1 A distance

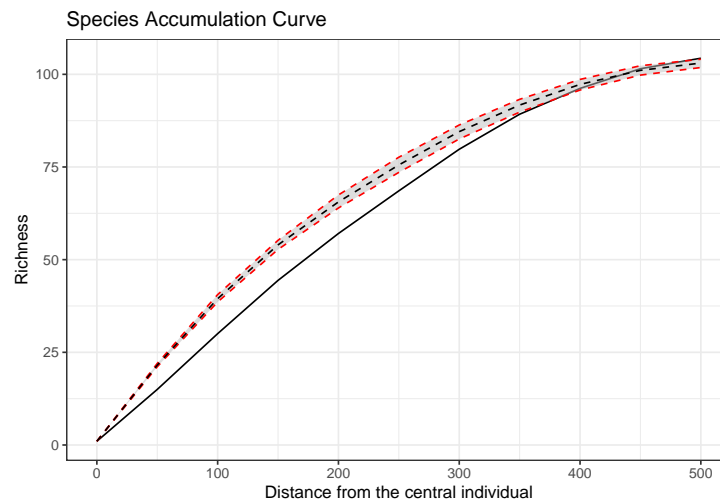
Accumulation de la diversité de 0 à 500 m pour $q=0$, 1 et 2 (Richesse, Shannon, Simpson) avec hypothèse nulle de localisation aléatoire.

```
library("SpatDiv")
# Calcul avec H0 tous les 50 m pour ne pas avoir de NA (limite de SpatDiv à corriger)
Accum <- DivAccum(POSL_VA_wmppp,
#               r.seq=c(0, seq(from=25, to=50, by=5), seq(from=100, to=500, by=50)),
#               r.seq=seq(from=0, to=500, by=50),
#               q.seq = 0:2,
#               H0 = "RandomLocation",
#               NumberOfSimulations = 100,
#               Individual = TRUE)
# Calcul à 25m, sans H0
Accum25 <- DivAccum(POSL_VA_wmppp,
#               r.seq=c(0, 25),
#               q.seq = 0:2,
#               Individual = TRUE)
```

3.1.1 Richesse : $q=0$

Courbe d'accumulation

```
autoplot(Accum, q = 0)
```



La valeur asymptotique est celle du parc entier

```
Richness(POSL_VA_wmppp, Correction = "None")
```

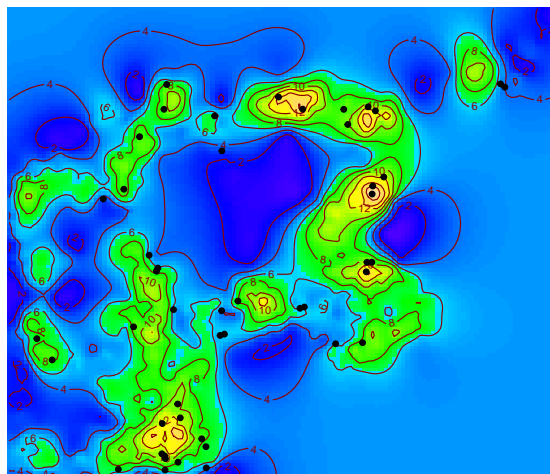
```
## None
## 109
```

Carte de la richesse à 25 m:

```
par(mar = c(0, 0, 0, 0))
MapPlot(Accum25, Order = 0, NeighborHood = 25)
```

```
## [using ordinary kriging]
```

```
# Arbres abattus
BDD_Vivants_et_Abattus_renseignes_POSL %>%
  filter(Etat == "Abattu") -> Abattus
with(Abattus, points(x = X, y = Y, pch = 20))
```



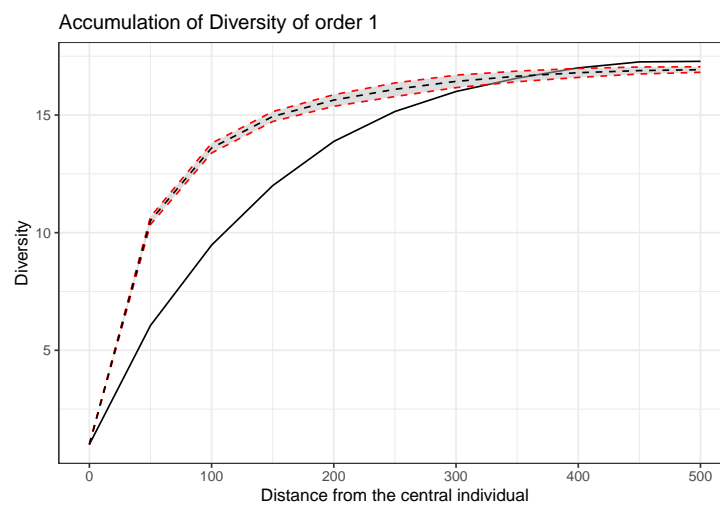
A faire : traiter les valeurs manquantes dans SpatDiv pour que la courbe d'accumulation commence avant 25m. Idem pour Mapplot (erreur à $r < 25m$)

A faire : Ajouter une option à Mapplot pour afficher les points sans avoir besoin de `points()`.

3.1.2 Shannon : $q=1$

Courbe d'accumulation

```
autoplot(Accum, q = 1)
```



La valeur asymptotique est celle du parc entier

```
Diversity(POSL_VA_wmppp, q = 1, Correction = "None")
```

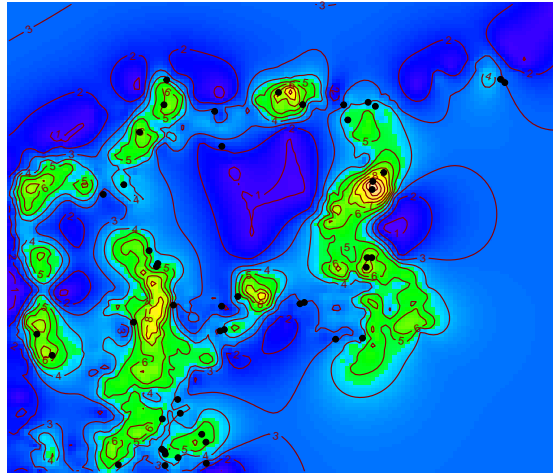
```
##      None
## 21.52368
```

Carte de la diversité d'ordre 1 à 25 m:

```
par(mar = c(0, 0, 0, 0))
MapPlot(Accum25, Order = 1, NeighborHood = 25)
```

```
## [using ordinary kriging]
```

```
# Arbres abattus
BDD_Vivants_et_Abattus_renseignes_PO SL %>%
  filter(Etat == "Abattu") -> Abattus
with(Abattus, points(x = X, y = Y, pch = 20))
```



3.1.3 Simpson : $q=2$

Courbe d'accumulation

```
autoplot(Accum, q = 2)
```



La valeur asymptotique est celle du parc entier

```
Diversity(POSL_VA_wmppp, q = 2, Correction = "None")
```

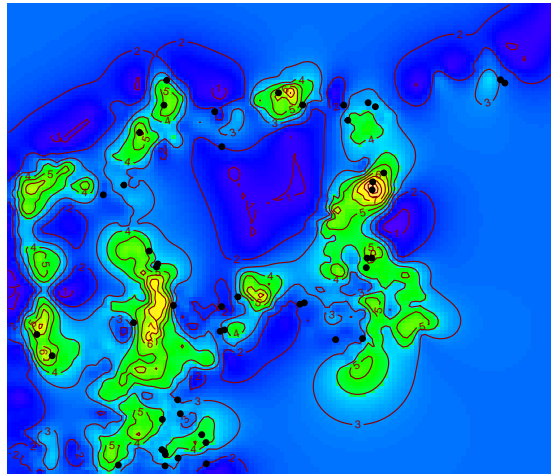
```
##      None
## 10.15975
```

Carte de la diversité d'ordre 2 à 25 m:

```
par(mar = c(0, 0, 0, 0))
MapPlot(Accum25, Order = 2, NeighborHood = 25)
```

```
## [using ordinary kriging]
```

```
# Arbres abattus
BDD_Vivants_et_Abattus_renseignes_POSL %>%
  filter(Etat == "Abattu") -> Abattus
with(Abattus, points(x = X, y = Y, pch = 20))
```



4 Comparaison de la diversité

Diversité d'ordres 0, 1 et 2 à 25m autour des arbres:

```
Distance <- 2 # 25 m
Accum25$Neighborhoods[, Distance, ] %>%
  t %>%
  as_tibble %>%
  # Les lignes sont les arbres, les colonnes
  # l'ordre de la diversité
print -> DivLocale
```

```
## # A tibble: 1,450 x 3
##   `0` `1` `2`
##   <dbl> <dbl> <dbl>
## 1     2  1.75  1.59
## 2     4  2.04  1.63
## 3    10  5.18  4.43
## 4     7  2.21  1.69
## 5     2  2.00  2.00
## 6     5  3.32  2.77
## 7    11  6.23  4.24
## 8     1  1     1
## 9     5  4.39  4.05
## 10    6  3.88  3.36
## # ... with 1,440 more rows
```

A faire : écrire dans SpatDiv une fonction qui extraie les valeurs de diversité locale (arguments : q et r) pour remplacer ce code.

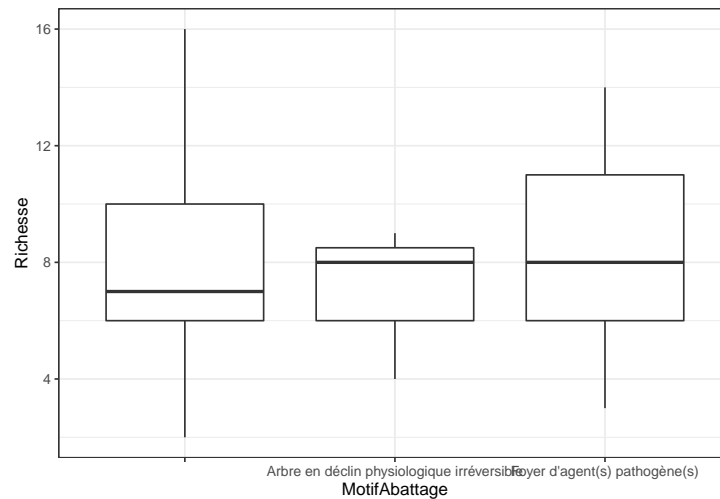
Intégration de la diversité locale au jeu de données:

```
BDD_Vivants_et_Abattus_renseignes_POSL %>%
  bind_cols(DivLocale) %>%
  filter(EspeceFrancais == "Erable") -> BDD_Erables_Div
```

Diversité locale autour des arbres abattus.

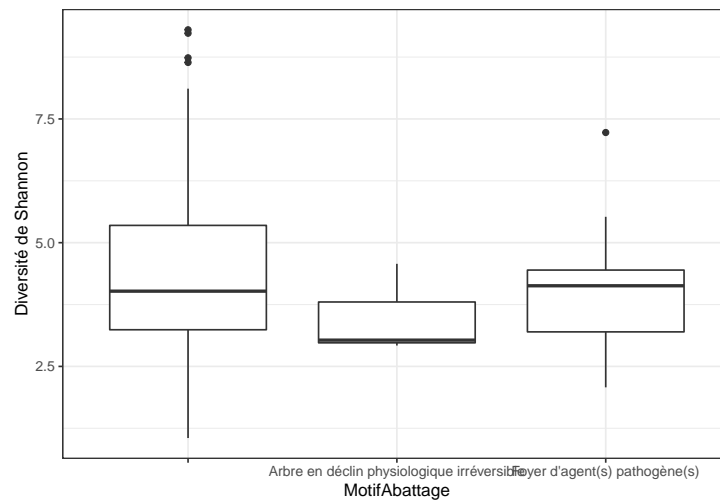
4.1 Richesse

```
BDD_Erables_Div %>%
  ggplot() + geom_boxplot(aes(x = MotifAbattage,
    y = `0`)) + labs(y = "Richesse")
```



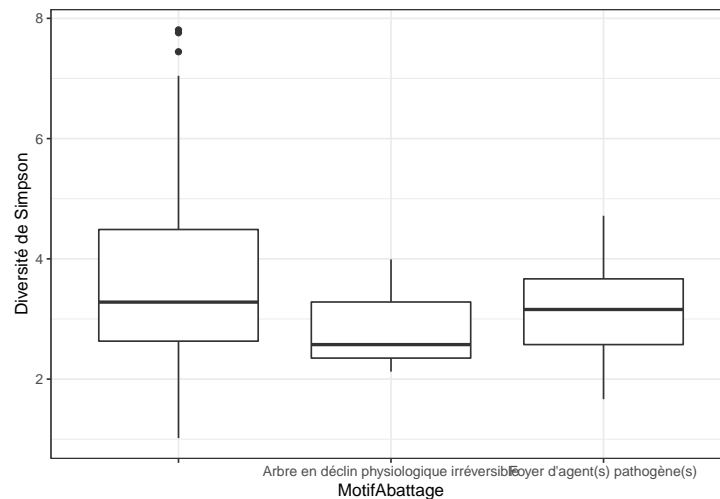
4.2 Shannon

```
BDD_Erables_Div %>%
  ggplot() + geom_boxplot(aes(x = MotifAbattage,
    y = `1`)) + labs(y = "Diversité de Shannon")
```



4.3 Simpson

```
BDD_Erables_Div %>%
  ggplot() + geom_boxplot(aes(x = MotifAbattage,
    y = `2`)) + labs(y = "Diversité de Simpson")
```



4.4 Conclusion

La diversité à 25m est la même pour les victimes de la maladie de la suie que pour tous les érables. Les érables en déclin ne sont que 3, donc pas de conclusion.

Conclusion générale : - Les érables malades sont concentrés (même si le faible volume de données limite la puissance des tests), ce qui est attendu pour

une maladie contagieuse, - L'hypothèse de vulnérabilité à cause d'une moindre diversité locale est rejetée, supportée par la littérature, est clairement rejetée.