

Diversité autour des Arbres du POSL

Florence Puech

Eric Marcon

February 14, 2022

Abstract

Diversité à distance.

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

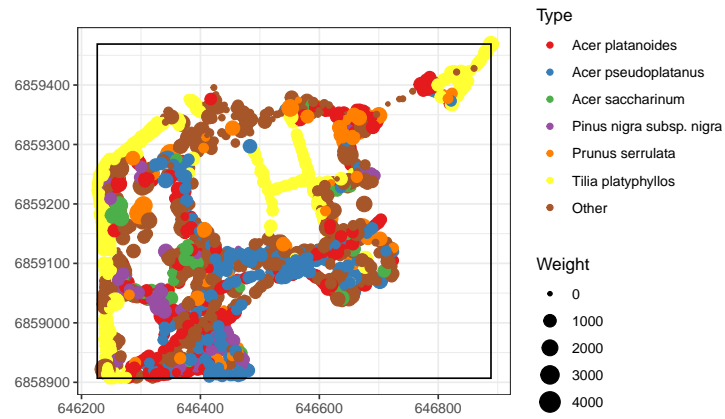
1 Données

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

2 Jeux de points

2.1 Tous les arbres de 2021

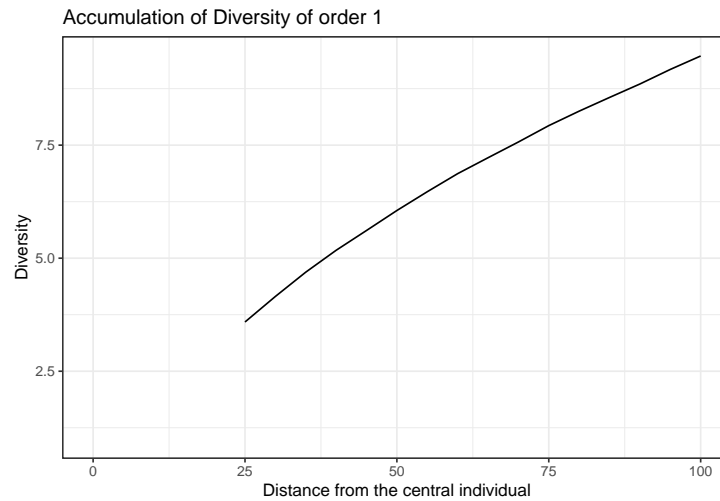
```
library("dbms")
BDD_Vivants_et_Abattus_renseignes_POSL %>%
  # Le poids est la surface terrière
  mutate(PointWeight = Circonference^2/4/pi) %>%
  rename(PointType = GenrEsp) %>%
  as_wmppp(unitname = c("meter", "meters")) ->
  POSL_VA_wmppp
autoplot(POSL_VA_wmppp)
```



3 Diversité

3.1 A distance

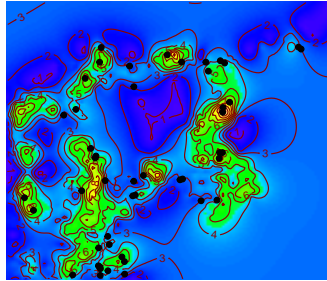
```
library("SpatDiv")
Accum <- DivAccum(POSL_VA_wmppp, r.seq = seq(from = 0,
  to = 100, by = 5), q.seq = 0:2, Individual = TRUE)
autoplot(Accum, q = 1)
```



```
MapPlot(Accum, Order = 1, 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.

4 Comparaison de la diversité

Diversité autour des arbres:

```
Ordre <- 2 # q=1
Distance <- 6 # 25 m
DivLocale <- Accum$Neighborhoods[Ordre, Distance, ]
```

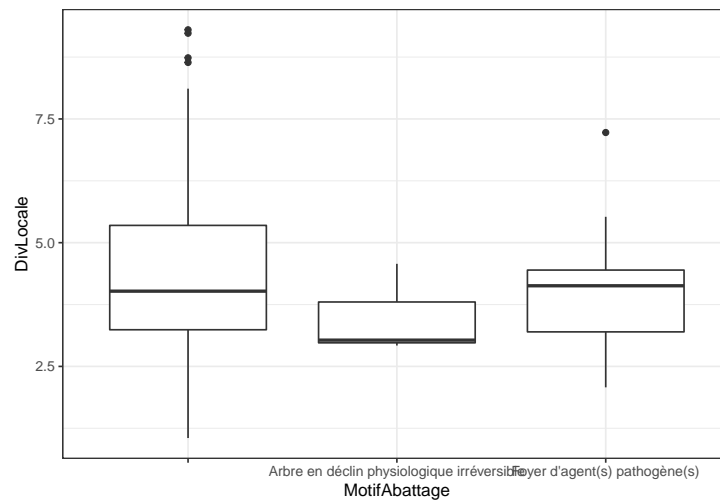
A faire : écrire dans SpatDiv une fonction qui extraie les valeurs de diversité locale (arguments : q et r) pour remplacer ce code.

Intégration de la diversité locale au jeu de données:

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

Diversité locale autour des arbres abattus.

```
BDD_Erables_Div %>%
  ggplot() + geom_boxplot(aes(x = MotifAbattage,
    y = DivLocale))
```



La diversité de Shannon 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.