20/03/2020

**BEF**.

🡪 **Complementarity** and **selection** effects can explain a positive relationship between SR and ecosystem functioning (in controlled experiments – use of Loreau-Hector partitioning).

🡪 Environmental heterogeneity should affect the BEF relationships, directly (abiotic filter reduces the number of species) and indirectly (biotic filter: interactions between species expand or reduce the niche, and can impact ecosystem properties).

🡪 **MRH Grime** / **Keystone species** (effect disproportionate relative to their biomass): two opposite kinds of expectations. Functionally rare species can have an important biomass (and consequently they cannot be keystone species), and hav a strong impact on ecosystem functioning. See the concept of “key” species (Eva Maire ?).

**Niche theory**. Coexistence (stabilizing niche differences and fitness differences). Depends on the traits – multi-functionality.

**Traits**: response, effect. Functional traits: effect on performance (morphology 🡪 performance 🡪 fitness).

What history can I tell?

BEF relationships have been shown in a variety of experimental (and observational?) settings. There is an effect of richness, but also of composition. Disentangle both. Grime MRH suggests that some species have a stronger effect than others, and that this is proportional to their abundance.

Not clear whether rare species can have a strong effect. Define functional rarity.

Interest of removal experiments to see the contribution of some species (papers cited in Turnbul, 2016).

Manipulative experiments: not enough environmental heterogeneity. On the contrary, real-world prevents from manipulating (particularly long-term removal experiments) 🡪 correlative (Eva Maire). Here we have a model which explicitly takes into account competitive interactions between species. Useful setting to test biotic interaction effects.

21/03/2020

Stress effects on BEF: stress modifies intra and interspecific interactions. Environmental variations must be taken into account for BEF studies. To be added to the assembly processes (CAFE). All of this is linked to niche theory.

Interestingly, when trying to explain BEF relationships, we have to go into the competition/facilitation literature. The underlying ideas are:

* Biotic interactions (either positive or negative) modify specific productivities (among other properties), and these properties sum up to ecosystem functions.
* Environmental heterogeneity modulates inter (and intra)specific interactions.
* Consequently, the traits of the species still matter for explaining BEF relationships, but this is theoretically expected to be context-dependent.
* This is what we observe in our simulations (i.e. different results for Bever and Bern).
* This context-dependency can be described using chain-rule decomposition, to analyze the effects of continuous (small) environmental changes on ecosystem functioning. In which cases might this framework be appropriate: global change seen as incremental changes in temperature? Local spatial heterogeneity in the field (but there is no reason why it should be continuous...)?
* In addition to a richness effect (which might or might not be a general rule), we thus expect that composition will affect ecosystem functioning, either by positively or negatively impacting species-level properties. These interactions need not be pairwise, but might be more accurately described as an “interaction milieu” (sensu McGill, 2006), i.e. a biotic background.
* We can quantify the effect of interspecific interactions using the comparison with monocultures. When we remove a given specie, if the amount of ecosystem property lost is higher in the mixture than in the artificial community made of aggregated monocultures, we can deduce that this specie positively affects the performance of the other species (and vice-versa). But how can we make these comparisons efficient? Quantify the drop in ecosystem property when we remove a given species, and see if it correlates between the mixture and the monocultures ? If it does, it means that when we remove a good performer, it reduces the ecosystem property accordingly. If it doesn’t, i) if the removal of a good performer is compensated by an increase of the property of other species, we can deduce that the good performer was also a good competitor; ii) if the removal of a poor performer (the quantification of “performance”, i.e. amount of ecosystem property, is made on the monocultures) reduces the ecosystem property more strongly than expected based on his amout of ecosystem property, we can deduce that this species acted as a facilitator.
* We can quantify the algebraic discrepancy between the amount of property expected to decrease when we remove a species based on its monoculture and the real decrease in the mixture. If this discrepancy is negative, it means the removal of this species reduced the ecosystem property more than expected. The species is thus important for ecosystem functioning (could it be considered as a facilitator? Maybe not, because we don’t know the effect it has on other species’ fitness, but it is clearly linked). We expect that this kind of species will be more common amongst the functionally rare species.
* Can we also use the CAFE framework? We could use it on both types of cultures (mixed monocultures and mixture), and see if the SIE.L correlates between the two cases (and the CDE too). First, I need to build the aggregated monoculture in a way that makes sense (see M. Chauvet’s PhD).
* What matters for ecosystem properties is individuals, more than species (🡪 Chris’ framework focuses on individuals). However, species, not individuals, are evolutionary units capable of allele transmission (at least for pluricellulars). 🡪 What then?

22/03/2020

Graphs with the same x scales (some species are thus lacking from the Mixture, i.e. right-side, panel).

C:\Users\Weemstra\Documents\Stage M2 Léo\Project 1_distinct sp_BEF\figures\Monocultures_Bern\Di~biomass_Mixture.tiffC:\Users\Weemstra\Documents\Stage M2 Léo\Project 1_distinct sp_BEF\figures\Monocultures_Bern\Di~biomass_Monocultures.tiff

Complete mixture (will all the species that remain at the end of the simulations):

C:\Users\Weemstra\Documents\Stage M2 Léo\Project 1_distinct sp_BEF\figures\Monocultures_Bern\Di~biomass_Mixture_Complete.tiff

So the relative biomasses are relatively continuously distributed in monocultures, whereas there are few dominant species in the mixture, and all the other species have a low biomass. There is a strong competition effect.

* Just to keep that point clear: we cannot predict how much the total biomass will be affected by removing a dominant species from a monoculture, because that species may be a good competitor whose niche, when left vacant, is filled by other species. (Consequently, we need to make another simulation without that species to know the new total ecosystem property level.) Can we say that this simulation framework provides a holistic way of considering a community?
* Some species perform well, and they are important for ecosystem functioning seen as an aggregate property (in this case because they have a hudge biomass). If removing such a species makes the ecosystem property drop, it means that no other species can use its niche (and thus its good “performance” was not due to competition, but rather to local adaptation, which can be checked in the monocultures). A theoretical prediction is that it will happen more often in stressful environments, in which performing well might require specific adaptations. If, in addition, this species is functionally rare, we are in the case “Dominant distinct traits”. 🡪 This is one important possible effect of functional rarity on ecosystem functioning: **some environments might require specific adaptations that are only borne by functionally rare species (such as Pinus cembra in Bever). In this case, rare species are important because they occupy a niche that would otherwise be empty.**
* But we also expect competition/facilitation effects. Are functionally rare species good competitors ? In this case, there would be no drop in the ecosystem property when we remove them, because their loss would be compensated for by an increase in other species’ property. (This is true for an additive property. In case of an emergent property... I have to think about it, but I guess the reasoning will be different. See the literature on the insurance hypothesis too).
* In the case of facilitation, removing a species would lead to a drop in biomass that would not be compensated. But how to separate this case from the “Dominant distinct traits” case explained above? We predict the same results for both. Here, the CAFÉ approach could be useful ,because it could tell us whether the species that was removed was a good performer (case “Dominant distinct traits” ) or not (species that acts as a facilitator to other species).

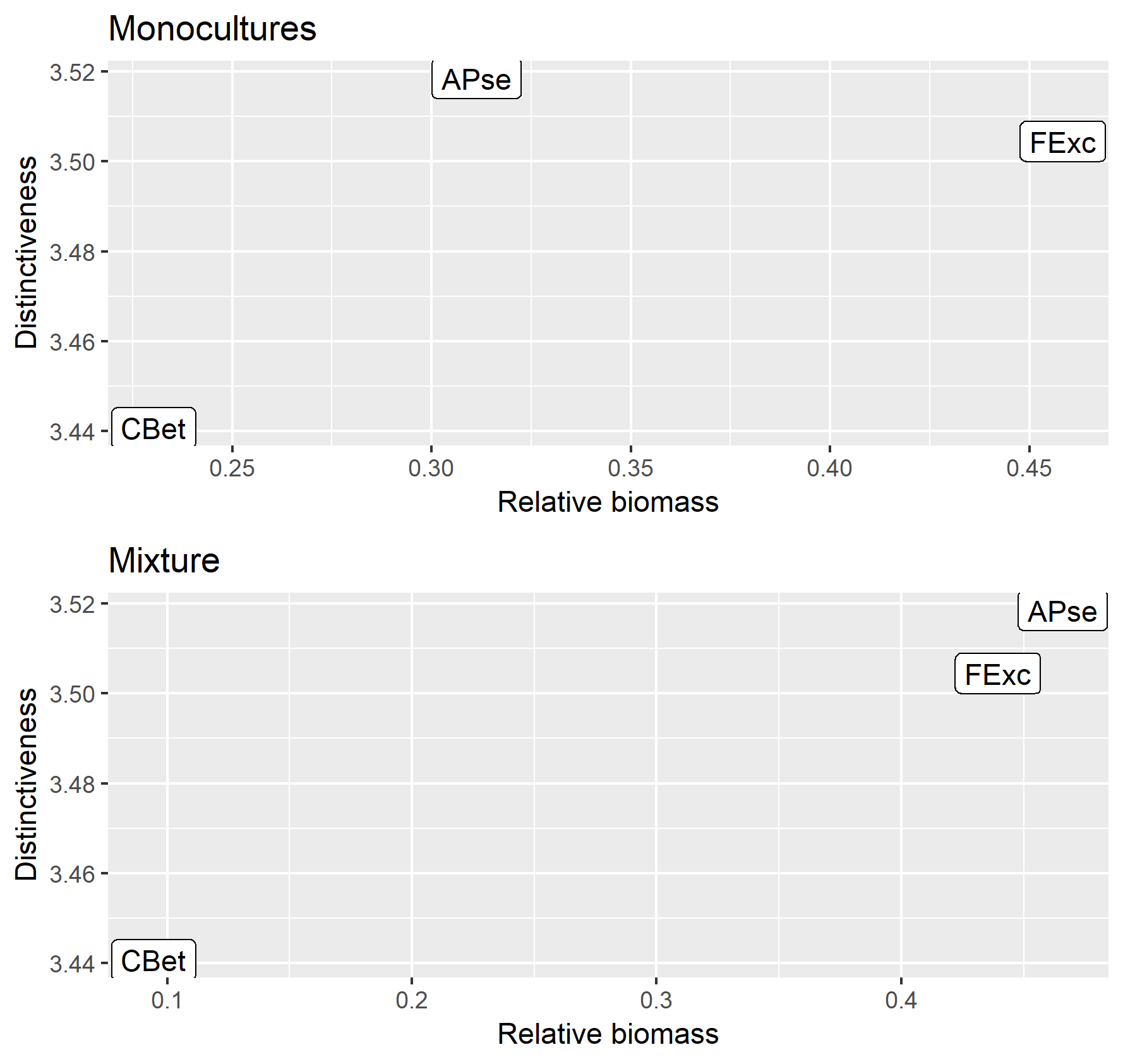
I should make the same graphs for both orders of species removal, and for all the numbers of species left. Should I then make pairwise comparisons? Or is there a more efficient way?

I could also look at which traits make some species good competitors, and how it correlates with the environment. How can I do it?

23/03/2020

All the reasoning was oriented towards a specific case of aggregate property: total biomass. Does it holds for other aggregate properties (such as productivity)? I need to have java installed to run other simulations with productivity as output, and with monocultures in all the environments.

I looked at the comparison between the monocultures and the mixtures for each number of species removed, when removing by decreasing order of distinctiveness. One interesting case is the following:



The relative biomass of Apse is higher in the mixture than in the monoculture. Might there be a phenomenon of facilitation? Or is it just that there is competition that reduces the biomass of Cbet, thus increasing Apse’s relative biomass?

I can look at the data for simulation 28 (this one).

species mixture(t/ha) mixture\_relative monoculture(t/ha) monoculture\_relative Di

1 APse 109.1468 0.46600911 155.4652 0.3113083 3.518458

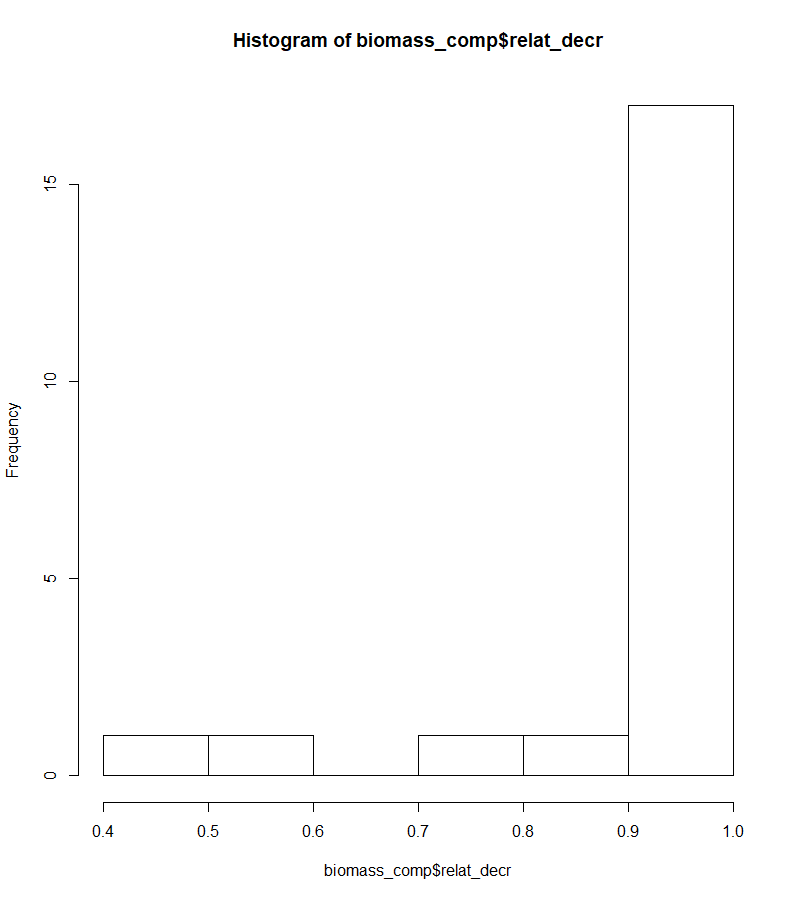
2 CBet 22.1321 0.09449436 114.9932 0.2302661 3.440727

3 FExc 102.9371 0.43949653 228.9345 0.4584256 3.504452

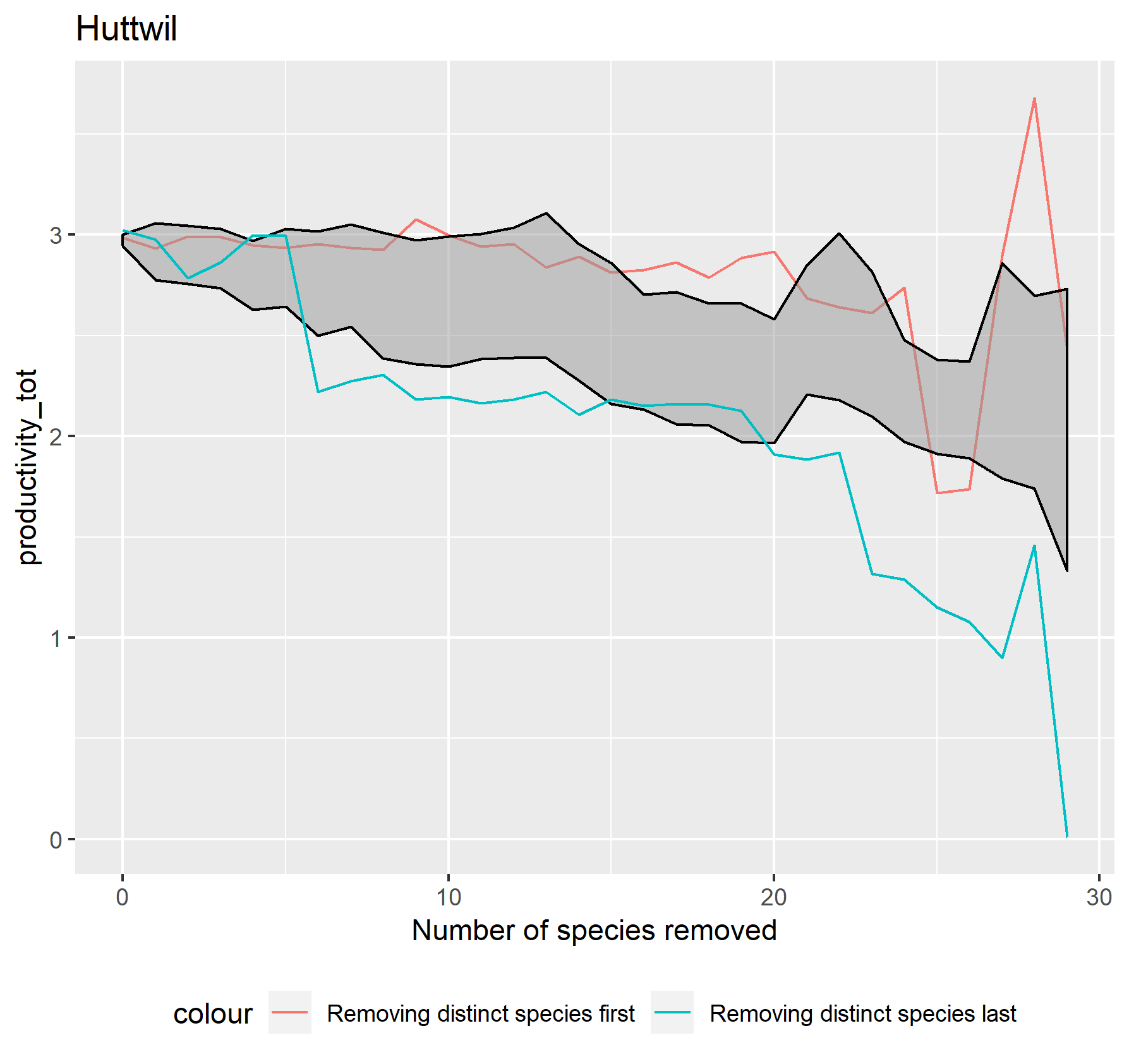
It’s the second option: Apse increases in relative biomass in the mixture because the reduction in the biomass of Cbet is higher than the reduction for the two other species.

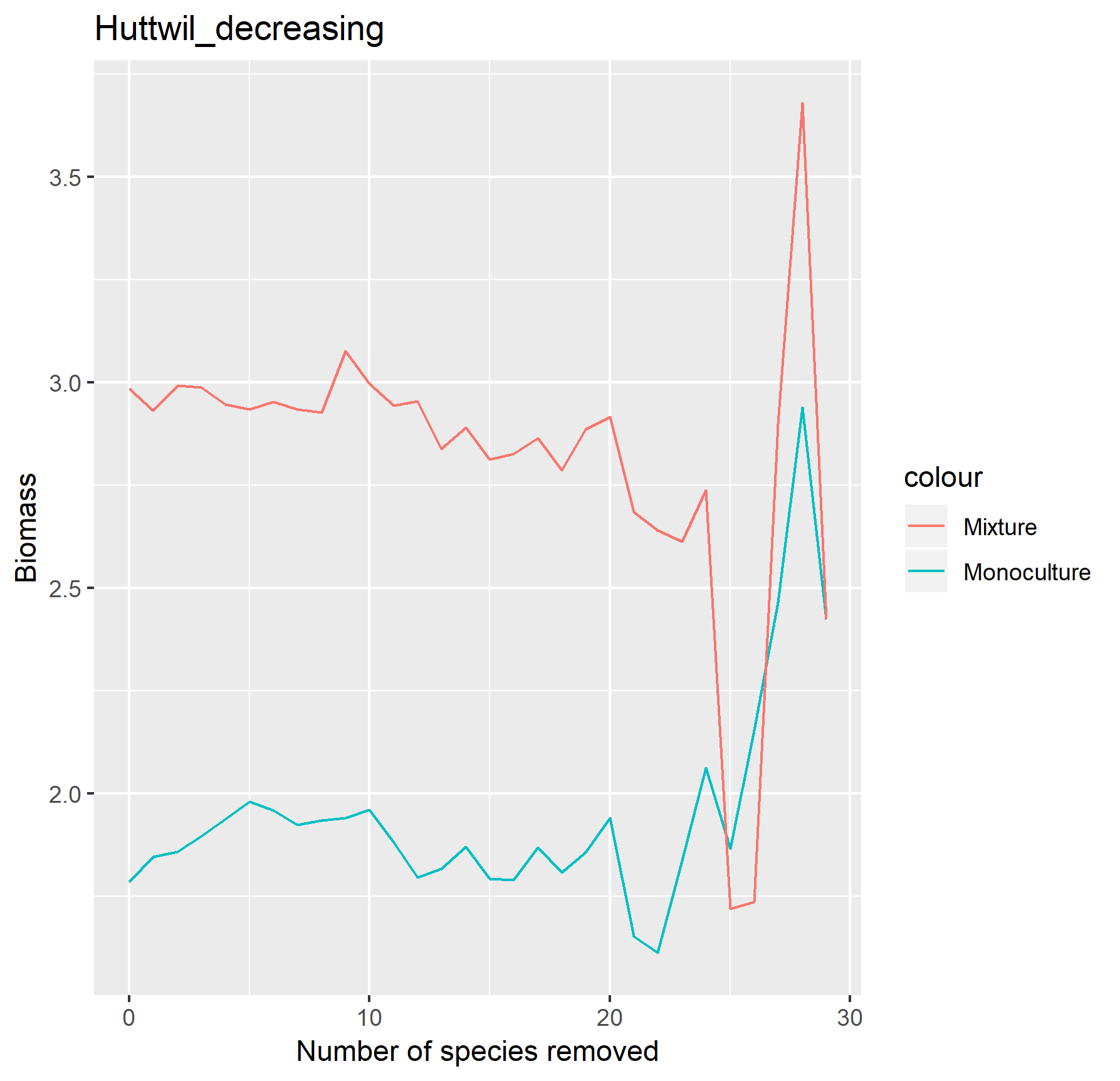
What can I say from these graphs? Should I look at the decrease in absolute biomass, to see which species fare better than average in mixture? I can make the ratio: (biomass in monoculture – biomass in mixture)/biomass in monoculture, for each species and for each simulation number.

When I do that, we see that most species loose almost all their biomass when put in a mixture (see the histogram below). The ones that loose less than average are... the ones that have the highest relative abundance in the mixture. But it doesn’t tell me much.

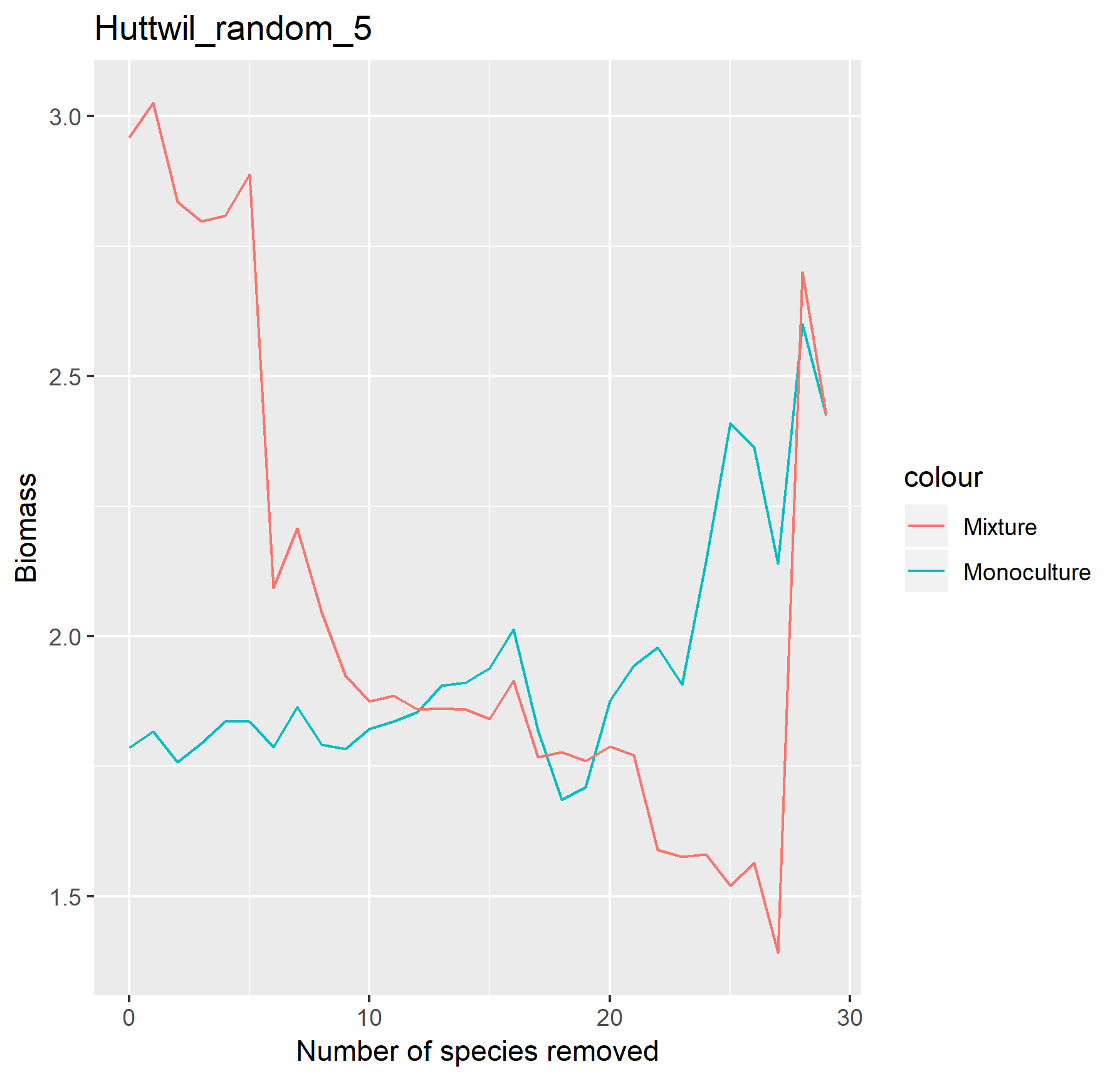


07/04/2020





Removing distinct species first (on the first graph) = decreasing order of distinctiveness for the removal of species.



On peut avoir plusieurs cas de figure sur les graphes où on superpose monoculture et mélange.

* Soit les variations des courbes faites sur les mélanges et les monocultures sont similaires. Dans ce cas, c’est l’environnement abiotique qui joue. Les espèces qui poussent bien en monoculture poussent aussi bien en mélange, et leurs biomasses ou productivités s’ajoutent.
* Soit les courbes ne sont pas parallèles. Si la courbe bleue (monoculture) est croissante, c’est qu’on a enlevé des espèces peu productives par rapport à celles qui restent (puisqu’on divise par le nombre total d’espèces, la courbe est croissante si la valeur de fonction écosystémique des espèces enlevées est inférieure, en monoculture, à celle des espèces restantes. Si la courbe rouge (mélange) est décroissante alors que la bleue est croissante, c’est que les interactions entre espèces, dans le mélange, inhibent la productivité (ici) des espèces restantes.

Ordre random\_5 :

6 19 25 7 2 17 12 18 21 27 5 9 28 22 4 3 24 11 29 16 8 23 1 26 0 20 **10 15** 13 14

Question Xavier additivité variance.

02/02/2020

Mail Pierre Gauzere :

Salut Leo,

Pourrais tu me rapeller si tu vires les espèces a partir du pool regional, ou a partir du pool local (site)? je crois que c'est le premiere mais pas sur.

Je pense que  la premiere couche d'interpretation reste simple et claire. Comme tu le dis, la perte d'espèces dominantes et adaptées aux conditions locales froides ont un effet fort sur la functionalite dans les sites froids (plus contraint par l'environment).    
Je pense que pour affiner ce résultat et avoir une deuxième couche d'interpretation, il pourrait être bon de réaliser la meme analyse, cette fois ci en **retirant les espèces selon leur dominance (i.e abondance relative) plutôt que leur distinctiveness** (a voir si tu as le temps et l'envie). Si tu te rappelles on avait pense faire ca des le debut : virer les espèces selon l'axe vertical (functional distinctiveness), horizontal (abundance), et diagonale (functional rarity). **Si tu vires les espèces depuis le pool regional ca va être dur**, mais il y a moyen **d'estimer soit l'abondance relative de chaque espèce du pool regional pour un site donne (certaines espèces étant = 0)**, **soit d'estimer l'abondance relative moyenne des espèces sur l'ensemble des sites/simulations (ce qui reviendrait a considérer l'abondance comme un trait d'espèce).**

**Je m'attend a ce que l'abondance relative ait un effet constant (i.e sur tout les sites), puisque dans notre cas l'effet est attendus par le fait que les espèces les plus abondantes participent numériquement le plus a la productivité.** Montrer ca nous permettrait néanmoins de remettre en perspective le résultat sur l'originalité fonctionnelle, cad montrer que l'interaction entre abondance relative et originalité fonctionnelle ne devient importante que dans les environnements contraignant.  

Je pense que l'idée d'**identifier les traits responsables de ces patrons en relation a l'environment** est une tres bonne idee. On peut s'attendre a ce que les trais de réponse (e.g DDmin ou drought resistance) soient les traits qui drivent l'effet de l'originalité fonctionnelle dans les environments froids (?).

Si tu montres ca, la boucle est bouclée, ou presque : l'effet de l'originalité fonctionnelle sur la relation biodiversite - fonctionnement des ecosystemes joue un role complémentaire a l'abondance relative. Cet effet n'est present que dans les environments contraignants car lorsque les traits de réponses des espèces adaptes a ces environments contraignants leur procure une originalité fonctionnelle par rapport au pool regional.

Salut tout le monde,

Merci Pierre pour ces suggestions !

- C'est bien ça : les espèces sont retirées à partir du pool régional : dans tous les sites, je pars d'une simulation avec les 30 espèces, et je les retire une à une.

- C'est vrai que ça pourrait être intéressant de refaire des simulations en retirant les espèces par abondance... Et ça peut ne pas être très long à condition que je ne refasse pas les simulations de retrait d’espèces en ordre aléatoire (et que je conserve celles que j’ai déjà, ce qui ne pose pas de problème, si ?). Du coup, je ne retirerais que par abondance décroissante (ou aussi par abondance croissante, éventuellement ?)

Pour résumer/voir si j'ai les idées claires, on s'attend à ce que :

1. Si la biomasse des espèces est le driver principal de la relation BEF (i.e. les espèces de forte biomasse sur un site donné – biomasse étant synonyme d’abondance dans ce mail – sont responsables du niveau de fonction écosystémique – biomasse ou productivité – de ce site, soit la *Mass ratio hypothesis* de Grime), alors on s’attend à ce que, en retirant les espèces par ordre de biomasse décroissant **sur ce site** (en classant selon les biomasses en monoculture ? Ou plutôt en mélange ? Quels sont les arguments en faveur de l’un et de l’autre ?), on perde bien plus vite de la fonction écosystémique qu’en retirant les espèces aléatoirement. J’aurais envie de dire que c’est ce qu’on attend en classant les espèces selon leur abondance en monoculture.

Remarque sur le choix des monocultures ou mélanges pour ordonner les espèces : voici une corrélation de rang (Spearman) entre les abondances des espèces en monoculture et mélange :

SITE COR

1 GrandeDixence 0.6647307

2 Bever 0.8942109

3 Davos 0.6060611

4 Adelboden 0.5817343

5 Huttwil 0.5361351

6 Schwerin 0.6874021

7 Bern 0.4884091

8 Cottbus 0.9331785

9 Basel 0.6852846

10 Schaffhausen 0.5859613

11 Sion 0.9318055

La corrélation est parfois très élevée (Sion), mais pas systématiquement (Bern). Donc on peut attendre des choses différentes selon qu’on choisit les monocultures ou les mélanges pour ordonner les espèces.

1. On peut aussi penser que les biomasses relatives des espèces sont affectées par la mise en mélange (cf les corrélations ci-dessus). Du coup, dans ce cas, est-ce qu’on s’attend à ce que retirer les espèces les plus abondantes en monoculture en premier ne fasse pas nécessairement chuter la fonction écosystémique vite ? Est-ce qu’on peut dégager des attentes un peu plus précises ?

En tout cas, ça fait une piste à creuser, merci !

A bientôt,

Léo

**Réponse Xavier :**

Je rebondis juste vite fait sur tes corrélations : elle s'expliquent très bien par les conditions de site. Les sites stressants ont des corrélations plus fortes que les sites moins stressants et plus productifs. Cela montre encore une fois **que le fonctionnement des forêts dans les sites stressants est très dépendant de certaines espèces, alors qu'en conditions plus favorables, le fonctionnement est beaucoup moins lié à une ou un groupe d'espèces.**

Refaire l'exercice en se basant sur les abondances peut être éclairant en effet, même si **d'expérience la Mass Ratio hyp ne se vérifie pas systématiquement (= certaines esp, notamment de fin de succession, accumule la biomasse au cours du temps, mais avec des taux de productivité pas nécessairement élevés).**

**Réponse Pierre**

***C'est vrai que ça pourrait être intéressant de refaire des simulations en retirant les espèces par abondance... Et ça peut ne pas être très long à condition que je ne refasse pas les simulations de retrait d'espèces en ordre aléatoire (et que je conserve celles que j'ai déjà, ce qui ne pose pas de problème, si ?).***

Non, ca ne pose pas de problèmes a priori. Oui, ca peut être vite fait maintenant tu as pris l'habitude (après, je sais que c'est facile de dire que c'est facile quand on le fait soi meme XD)

***Du coup, je ne retirerais que par abondance décroissante (ou aussi par abondance croissante, éventuellement ?)***

Oui, le contraire ne serait pas logique. Si je ne dis pas de bêtises la prediction générale est que les espèces les plus abondantes et les plus distinctes fonctionnellement drivent la productivité.

***Pour résumer/voir si j'ai les idées claires, on s'attend à ce que : Si la biomasse des espèces est le driver principal de la relation BEF (i.e. les espèces de forte biomasse sur un site donné – biomasse étant synonyme d'abondance dans ce mail – sont responsables du niveau de fonction écosystémique – biomasse ou productivité – de ce site, soit la Mass ratio hypothesis de Grime), alors on s'attend à ce que, en retirant les espèces par ordre de biomasse décroissant sur ce site (en classant selon les biomasses en monoculture ? Ou plutôt en mélange ? Quels sont les arguments en faveur de l'un et de l'autre ?), on perde bien plus vite de la fonction écosystémique qu'en retirant les espèces aléatoirement. J'aurais envie de dire que c'est ce qu'on attend en classant les espèces selon leur abondance en monoculture.***

Oui c'est bien cela. Pour le classement selon la biomasse monoculture VS melange, la difference qui nous intéresse c'est qu'en monoculture on ne prend en compte que le filtre environmental, en melange on prend en compte le filtre environmental et les interaction biotiques. **Je suggérerais de considérer la biomasse relative de l'espèce en melange dans le site en fin de simulation, car c'est la qu'on regarde la productivité**. Qu'en penses tu ?

***On peut aussi penser que les biomasses relatives des espèces sont affectées par la mise en mélange (cf les corrélations ci-dessus). Du coup, dans ce cas, est-ce qu'on s'attend à ce que retirer les espèces les plus abondantes en monoculture en premier ne fasse pas nécessairement chuter la fonction écosystémique vite ? Est-ce qu'on peut dégager des attentes un peu plus précises ?***

Oui on s'attend a une relation purement numérique : virer l'espèce la plus abondante du pool regional diminue la biomasse totale en fin de simulation. SAUF que a chaque fois tu refais la simulation. **Si on considere que la biomasse totale que peut supporter un site est déterminée a 100% par ses conditions environmentales , et non pas par la composition du pool regional, alors une autre espece que celle que tu as virer deviendra dominante et remplacera la biomasse de l'autre en son absence.** Dans ce cas pas de changement. Je sais pas si je suis tres clair.

DE PLUS, cela concerne la biomasse totale comme mesure du fonctionnement, amis la remarque de Xavier est interessante :  ***"la Mass Ratio hyp ne se vérifie pas systématiquement (= certaines esp, notamment de fin de succession, accumule la biomasse au cours du temps, mais avec des taux de productivité pas nécessairement élevés)."***. En effet, j'avais réfléchi seulement en considerant la biomass totale comme mesure du fontionnement, mais si on considere la productivité c'est autre chose ***"certaines esp, notamment de fin de succession, accumule la biomasse au cours du temps, mais avec des taux de productivité pas nécessairement élevés".***

***Est-ce qu'on peut dégager des attentes un peu plus précises ?***

Hummm...honnêtement c'est dur. D'autant plus que je connais peu la biblio sur le sujet. Je te conseille d'aller fureter sur les papiers BEF - mass ratio hypothesis, Tu peux commence avec les papiers de Xavier sur ce sujet, e.g <http://www.cbtm-moulis.com/fichiers_site/a2992ctm/contenu_pages/Morin%20et%20al%202014.pdf>

Le truc c'est qu'on aura dans tous les cas des billes pour interpreter les resulatst, et ca rend meme la chose intéressante a mon avis.

Dernière remarque, on avait aussi considérer regarder la stability du fonctionnement. Je pense toujours que ce serait tres intéressant, et pas forcement difficile car c'est "juste" une variable de plus a dériver de tes résultats de simulation (la aussi va voir les papiers de xavier sur le sujet). Une fois de plus je sais que c'est facile a dire depuis mon siege.

Beau travail en tout cas !

Tiens moi au jus. Et tu peux me contacter si tu as des soucis.

;)

**Réponse Léo**

1. Ok, je me base sur le classement des biomasses en mélange – et un argument de plus : c’est sur des données en mélange, et pas en monoculture, qu’on calcule l’abondance relative des espèces *in natura*, donc c’est plutôt logique de se baser dessus.
2. Comment est-ce que je pourrais faire pour classer les espèces qui ont une abondance finale nulle les unes par rapport aux autres… ?
3. J’avais commencé à regarder les données de stabilité temporelle de la biomasse et de la productivité. Je n’ai cependant fait mes exports que sur 10 années (espacées chacune de 100 ans, sur les 1000 dernières années des 2000 ans de simulation), pour économiser de l’espace de stockage (et rien que ça, ça pèse déjà 120 gigas en fichiers txt !). Du coup, j’ai simplement calculé le sd et le CV (en faisant le ratio sd/mean) de la biomasse totale sur ces années. Ça te semble correct ?

Je joins une ou deux courbes juste pour te donner une idée.

Par contre, c’est vrai qu’en commençant à rédiger une intro, j’ai parlé essentiellement de fonction type productivité, et pas de stabilité temporelle – mais ça peut se changer sans souci si des choses intéressantes sortent.

Merci !

Léo

**Réponse Pierre**

***Comment est-ce que je pourrais faire pour classer les espèces qui ont une abondance finale nulle les unes par rapport aux autres... ?***  
  
hummm... elle ne sont surement pas nulles dans les donnees brutes, mais relativement tres faibles jusqu'en en être négligeable car la pluie de graine fait toujours arriver de nouveaux individus. Donc avant de traiter les donnes en filtrant les abondances relatives négligeables (je sais pas si tu le fais, d'ailleurs je pense que ca n'a pas grande importance si tu ne t'intéresses pas just au nombre d'espece), tu dois surement pouvoir calculer les biomasses relative de toutes les espèces pour chaque site. Pas sur, cependant.  
  
***J'avais commencé à regarder les données de stabilité temporelle de la biomasse et de la productivité. Je n'ai cependant fait mes exports que sur 10 années (espacées chacune de 100 ans, sur les 1000 dernières années des 2000 ans de simulation), pour économiser de l'espace de stockage (et rien que ça, ça pèse déjà 120 gigas en fichiers txt !). Du coup, j'ai simplement calculé le sd et le CV (en faisant le ratio sd/mean) de la biomasse totale sur ces années. Ça te semble correct***

Ca me semble un peu light juste dix points sur les 1000 dernières années, mais de toute façon on peut pas faire mieux pour le moment.

A noter, dans son papier Morin et al,. 2014 Ecology (en PJ), Xavier discerne la "productivity predictability" calculée comme le coefficient de variation de la producitivite entre simulations (mais on pourrait faire la meme dans le temps bien sur), et la **"temporal stability" calculée comme moyenne/sd de la productivite  (voir Lehman & Tilman 2000)** annuelle sur 10 années tous les 100 ans (donc un peu la meme resolution que toi).  Je pense que Xavier aura des arguments pour utiliser cet index de temporal stability. Surtout, si tu as les complete\_export pour tous les 10 ans pour les 1000 derniers annees de simul, tu dois pouvoir calculer le meme temporal stability index TS  sans avoir a refaire tourner les simulations et faire de nouveau export. Qu'en pense tu Xavier ?

***c'est vrai qu'en commençant à rédiger une intro, j'ai parlé essentiellement de fonction type productivité, et pas de stabilité temporelle – mais ça peut se changer sans souci si des choses intéressantes sortent.***

A voir ce que sort des analyses. Je pense que ca peut être intéressant a intégrer si on a des résultats parlant. A voir aussi avec Cyrille/Xavier/Wilfried ce qu'ils en pensent. Je me rends pas trop compte de l'état d'avancement du projet, de combien de temps il te reste, etc... donc dur de me faire une idee de la faisabilité.

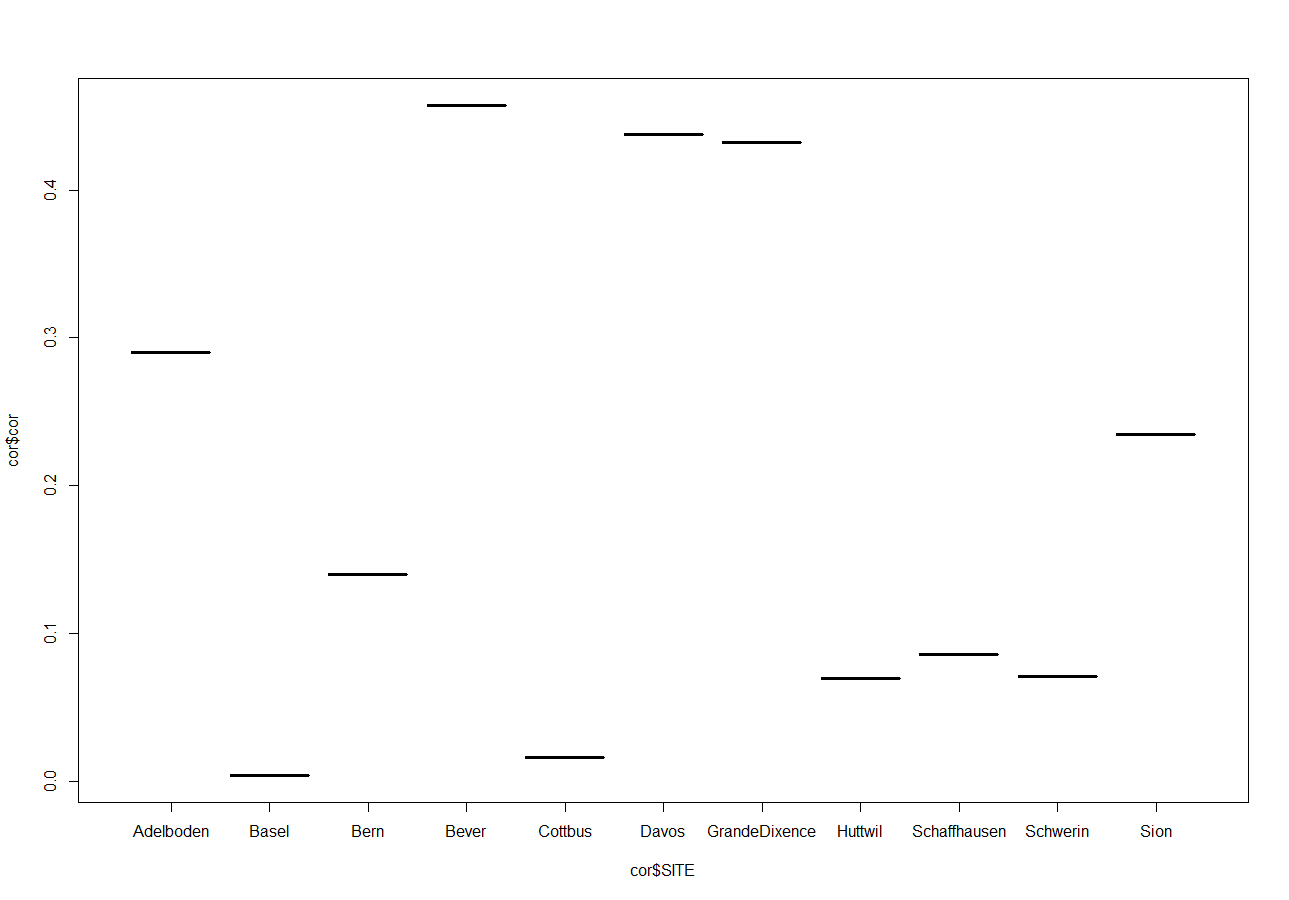
Apres on peut aussi commencer a penser a ce qu'on voudrait mettre dans un éventuel papier.

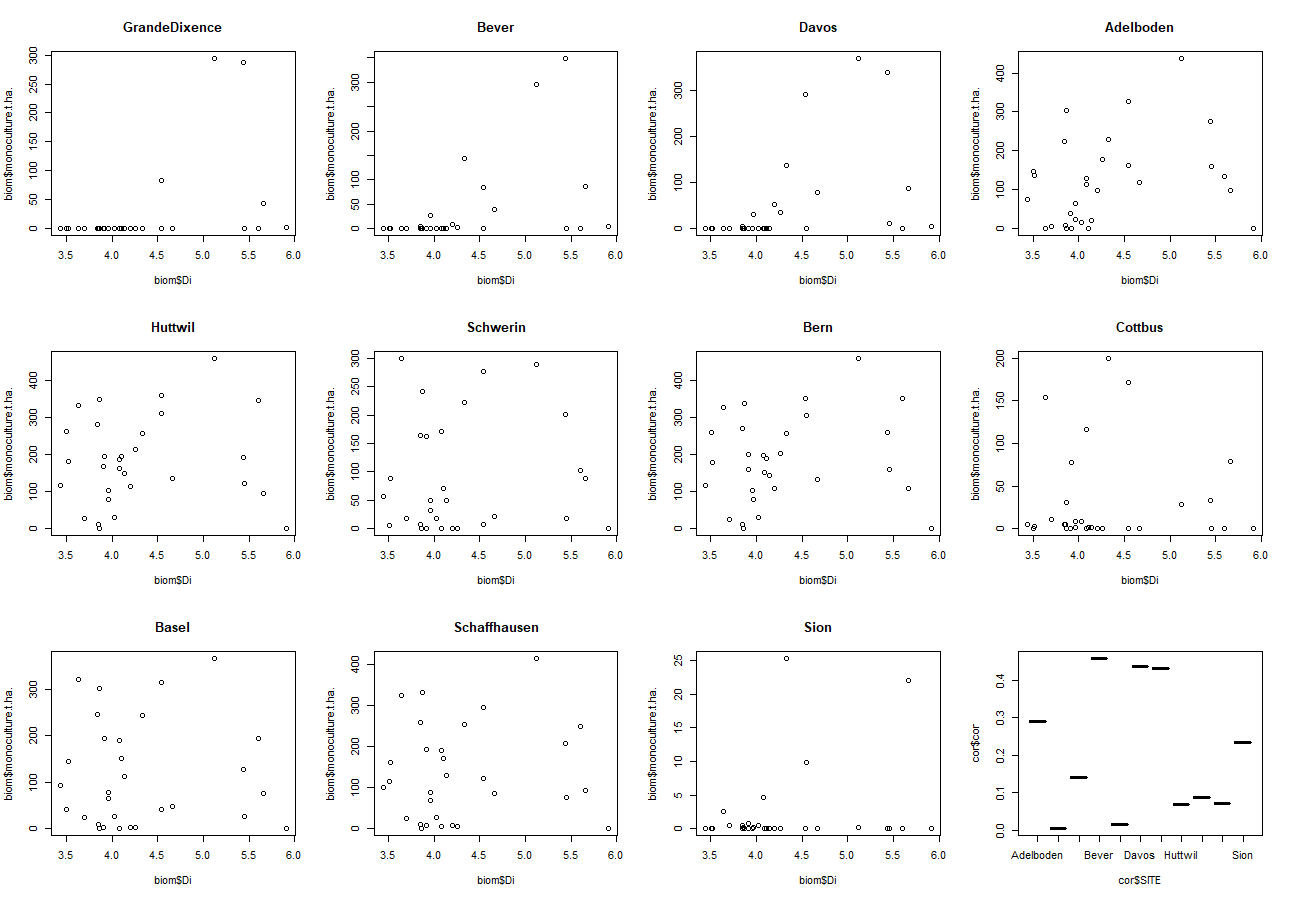
15/05/2020

Reasons of the drops in stressful environments: either I remove one species that was particularly well adapted to that environment, and no other can take its place, or I remove one species that made the others fare well, so they can’t without that first species. To see that, I just have to look at the biomass and productivity of each species

Question Xavier :

pendant que j'y pense, tu as fait les graphes de corrélations entre distinctiveness et biomasse en monoculture pour chaque site ?ça pourrait etre éclairant, à moindre coûtDonc des graphes par site, avec les 30 esp individuellement





Sur la distinctiveness de site, réponse de Cyrille :

Environmental distinctiveness. The environmental distinctiveness is calculated as the euclidean distance of environmental conditions in the environmental space from the center of the environmental space. Je ferais pareil pour toi

2020\_05\_25

Mails avec Eric Parent sur le modèle linéaire :

Rebonjour,

Merci pour cette réponse claire et rapide !

Tout va bien de mon côté (je suis simplement toujours en télétravail depuis mon lieu de confinement, et je n'ai pas pris avec moi mes notes de cours et de TD, ce qui m'handicape un peu...) ; j'espère que du vôtre également, et que le "déconfinement" s'est bien passé.

1) Les résidus de mon modèle me semblent bien normaux (ici le QQ plot issu du modèle complet, avant d'effectuer une sélection de variables avec la fonction "step" : c'est bien sur le modèle complet qu'il faut que je diagnostique les hypothèses ?)

2) En revanche, l'homoscédasticité n'est pas du tout vérifiée (ici le graphique 3 : amplitude des résidus) :

La linéarité du modèle n'est par ailleurs pas non plus vérifiée (graphique 1, résidus ~ valeurs ajustées) :

Je ne sais pas bien comment procéder. Inclure des termes supplémentaires (polynomiaux) dans le modèle, pour le problème de linéarité ? Transformer des variables (explicatives ou à expliquer) ?

Pour l'homoscédasticité : la variance ne suit pas une tendance monotone en fonction des valeurs fittées, et je ne vois donc pas bien quelle transformation peut être faite sur la variable à expliquer (pas avec une fonction monotone type log ou racine carrée, j'imagine...).

Bonsoir Léo,

Oui, il semble que tu rencontres un problème du au fait que **la productivité ne peut pas être négative et que tu utilises un prédicteur linéaire à qui rien n'interdit de prendre des valeurs négatives** ( et  qui en prend après ajustement de ton modèle.).  Sur le graphe 3, on  voit que quand ton prédicteur est idiotement négatif le résidu est forcément positif (sous estimation) et quand le prédicteur est positif, il surestime quasi-systématiquement!

Peut-être une transformation log ou **puissance d'exposant inférieur à 1 sur la variable à expliquer** te permettrait de **dilater l'échelle des valeurs proches de zéro**  et apporterait  un début de remède à ce pb.

Bon week-end.

EP

Salut Xavier,

J’espère que le retour à une vie un peu plus « normale » se passe bien.

J’ai quelques questions, si jamais tu as un petit moment pour y jeter un œil :

* Dans les traits du modèle, lesquels classerais-tu comme traits d’effet ? Les paramètres « intrinsèques » ? Parmi ceux-ci, Hmax, G et S me semblent l’être clairement, mais je ne sais pas trop pour f et Amax.
* Est-ce que tu crois que je pourrais jeter un œil à ces papiers, même s’ils sont encore en révision (et donc inaccessibles en ligne, apparemment) :

Morin X., Damestoy T., Jactel H., Castagneyrol B. Meredieu C. 2020. Using forest gap models and experimental data to explore long-term effects of tree diversity on the productivity of mixed planted forests. Annals of Forest Science.

Morin X., de Coligny F., Bugmann H., Limousin J.-M., Ourcival J.-M., Martin-StPaul N., Simioni G. Cailleret M., Prevosto B., Vennetier M., Guillemot J. Offering more than forest succession: a gap model to study ecosystem functioning and tree community composition under climate change. In revision.

* Est-ce que tu t’es déjà amusé à essayer de prédire la productivité des espèces en function de leurs traits (avec des modèles de type linéaire) ? Je bute un peu sur ça : les hypothèse (normalité des résidus, homoscédasticité, linéarité) ne sont pas respectées, et j’ai essayé plusieurs transformations sans grand succès. Notamment, mon prédicteur de productivité peut prendre des valeurs négatives, alors que la productivité ne l’est jamais dans mes données, ce qui augmente les résidus pour ces valeurs du prédicteur. Et puis j’ai beaucoup de valeurs de productivité qui sont nulles, et quelques-unes qui sont très élevées, donc la variable à prédire a une distribution assez bimodale. Aurais-tu des conseils, soit directs, soit de refs pour m’attaquer à ces problèmes un peu mieux armé ?

Merci d’avance, et bonne continuation !

Léo

Le 08/06/2020

A partir de Cadotte, 2017, réflexion sur ce que j’attends en termes d’effet de sélection et de complémentarité.

Selection effect is max in plots with low functional dispersion and tall plants. Complementarity effect is max in plot with high FDis and across multiple trait axes.

So when I remove the distinct species first, I decrease FDis quite much, which is not the case in the other order. Consquently, I complementarity should decrease more in the first scenario. However, selection effect can also occur, and depends on some traits of the plants, which might, or might not, be those of the distinct species, depending on the environmental conditions. Consequently... it is hard to make predictions. At least, in sites where the functionnaly common species fare better, I should have, in the first scenario, a strong complementarity effect at the beginning, and a strong selection effect at the end... and it should be reversed in the second scenario (removing dictinct species last).

Je mesure cette décomposition par rapport aux monocultures des espèces restantes. Du coup, il faudrait que je regarde

Le 15/06/2020

Il faut que je questionne méthodiquement ce que j’ai fait – sinon, on s’en chargera pour moi au moment de la revue, et ce sera d’autant plus difficile que ça ne viendra pas de moi.

* Question initiale, discutée avec Pierre : pourquoi repart-on de zéro à chaque simulation ?
* Pourquoi est-ce que je calcule une distinctiveness globale ?

A faire pour s’assurer de la robustesse de l’étude (NB : à ce stade, je ne peux pas vraiment être amené à dire « ce qu’on a fait ne sert à rien, il faut tout refaire ». Enfin peut-être, mais avant cette extrémité, ce que je chercher à faire, c’et circonscrire le cadre de validité et la portée de ce qu’on a fait. C’est peut-être très restreint ; dans ce cas, il faut clairement le dire, et préciser, en passant en revue tous les défauts, quelles sont les éventuelles forces restantes) :

* Etudier la sensibilité de l’ordre de fct distinctiveness aux traits étudiés
* Etudier la sensibilité de l’ordre de fct distinctiveness aux espèces prises en compte