

Model Selection Report

Loïc Pages

2025-04-14

Introduction

IPM

$$N(y, t + 1) = \int N(x, t)(F_a(x, y, t) + P_a(x, y, t))dx$$

avec x la taille à t , y la taille à $t + 1$, a l'âge et N la taille de la population

La probabilité qu'un individu d'âge a et de taille x au temps t devienne un individu d'âge $a + 1$ et de taille y à $t + 1$ est :

$$P_a(x, y, t) = s_a(x)(1 - f_a(x))G_a(x, y)$$

et la densité d'individus de taille y à t et d'âge 1 (plantules) issus d'un individu de taille x et d'âge a à t est :

$$F_a(x, y, t) = f_a(x)C_a(x)w(y)Estb$$

Sélection de modèles

Méthode utilisée: Créer l'ensemble des combinaisons possibles d'effets fixes et aléatoires. Puis utiliser le package spaMM pour fit les modèles. On calcule ensuite leur AIC (ou leur BIC) qu'on compare entre eux. On obtient un classement des (5) meilleurs modèles pour chaque trait d'histoire de vie, pour l'AIC et pour le BIC.

Paramètres à modéliser :

Survival Probability

Flowering Probability

Growth

Fecundity (Number of capitula)

Seedling Size Distribution

Initialisation

```
rm(list=ls())  
library(knitr)  
library(spaMM)  
library(tidyverse)  
library(splines)
```

```

library(foreach)
library(doParallel)

setwd("/media/loic/Commun/0Travail/Stage 2025 ISEM/Models")

centauree_data <- read.csv("donneesIPM_short.csv")
centauree_data_complet <- read.csv("donneesIPM.csv")

#Supprimer plantes dont l'age est inconnu
centauree_data <- centauree_data[!is.na(centauree_data$age0), ]

#Ajouter valeur de l'age à t+1
centauree_data$age1 <- ifelse(centauree_data$Stage1=="V",centauree_data$age0+1,NA)

#Forcer l'age maximal à 8
centauree_data$age0[centauree_data$age0 > 8] <- 8
centauree_data$age1[centauree_data$age1 > 8] <- 8

spaMM.options(separation_max=70)

```

Mise en place

Survival Probability

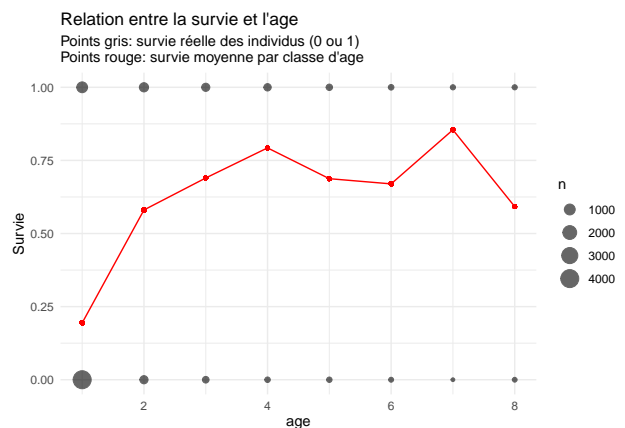
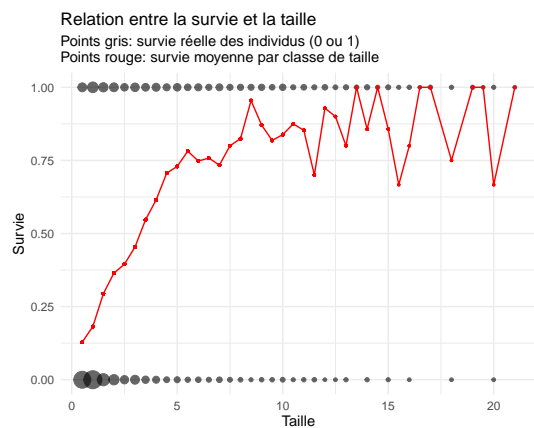
Pour le probabilité de survie, on a divisé le jeu de données en deux:

- 1- les plantules (individus d'âge 1)
- 2- les rosettes (individus d'âge 2 ou plus)

(La somme des AIC des meilleurs modèles de survie des plantules et des rosettes est inférieure à l'AIC des modèles de survie comprenant tous les âges)

On utilise un modèle binomial pour fit les données de survie (0 ou 1).

Affichage des données brutes de la survie pour tous les âges.

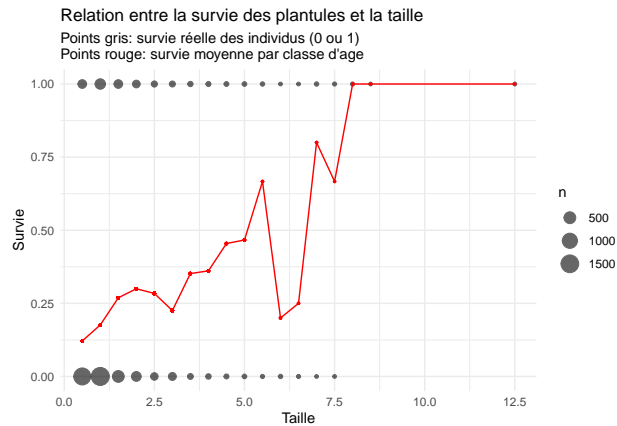


Age 1 - Plantules

Pour la survie des plantules, les effets explorés sont :

fixe : taille (polynomes et splines)

aléatoire : population, année (effet sur l'intercept ou la taille)

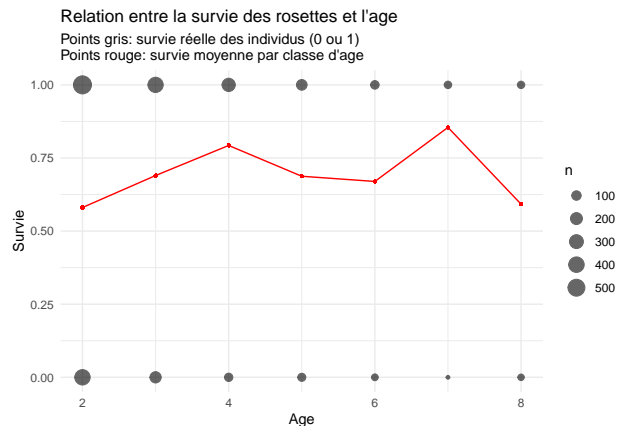
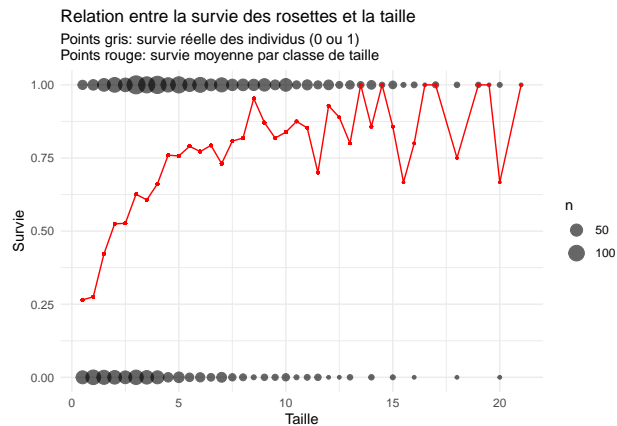


Age +2 - Rosettes

Pour la survie des rosettes, les effets explorés sont :

fixe : taille (polynomes et splines) et age (polynome et splines)

aléatoire : population, année (effet sur l'intercept ou la taille), hétérogénéité individuelle (intercept)



Flowering Probability

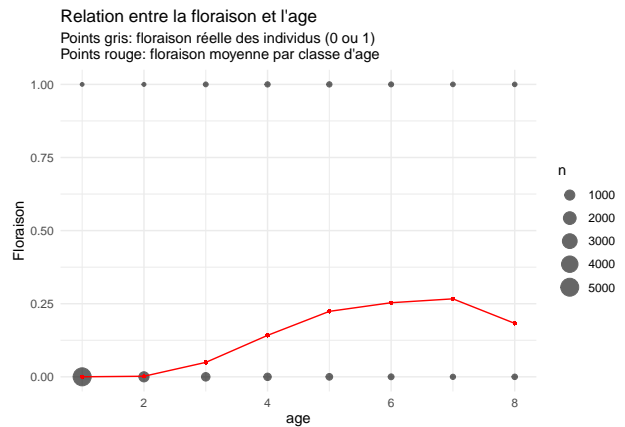
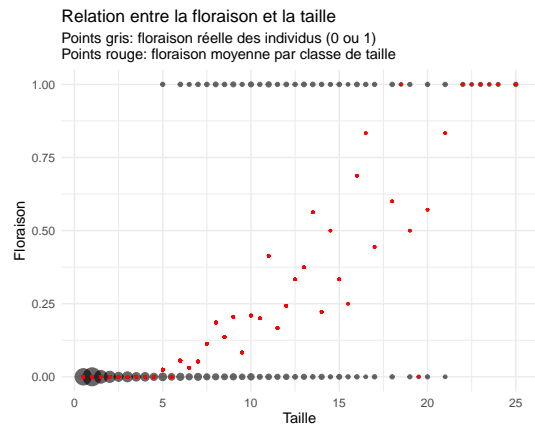
On utilise un modèle binomial pour fit les données de floraison (0 ou 1).

Pour les modèles de floraison, les possibilités de combinaisons d'effets fixes et aléatoires ont été réduit pour simplifier les calculs de sélection.

Les effets d'hétérogénéité entre individus ont été retirés par soucis de temps de calcul et de convergence des modèles.

Les effets fixes de l'age ont été simplifiés en retirant les splines.

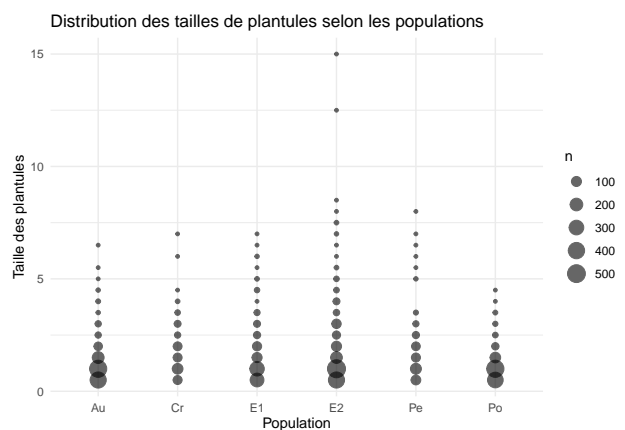
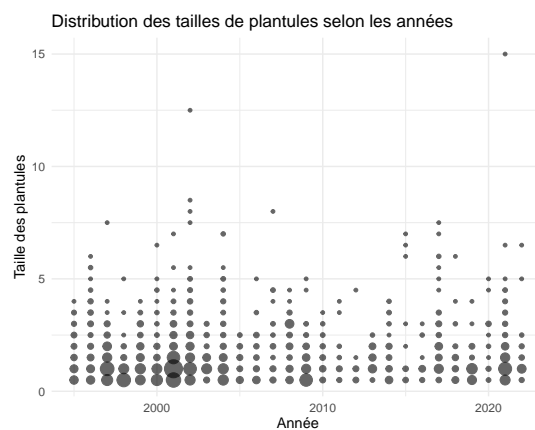
D'autres combinaisons (notamment contenant les splines de la taille) ont été retirés par un algorithme détectant si le modèle subit des effets de séparation qui empêchent la convergence du modèle.



Seedl Size

Pour fit les données de taille de plantules, on utilise un modèle qui suit une distribution log-Gamma.

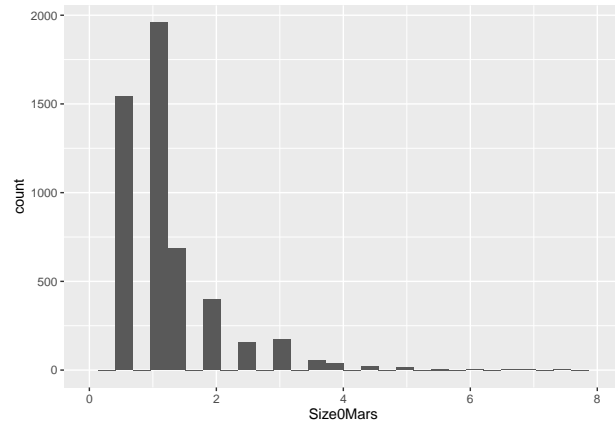
On y fait varier les effets aléatoires années, population et l'interaction année:population.



```
## 'stat_bin()' using 'bins = 30'. Pick better value with 'binwidth'.
```

```
## Warning: Removed 3 rows containing non-finite outside the scale range
## ('stat_bin()').
```

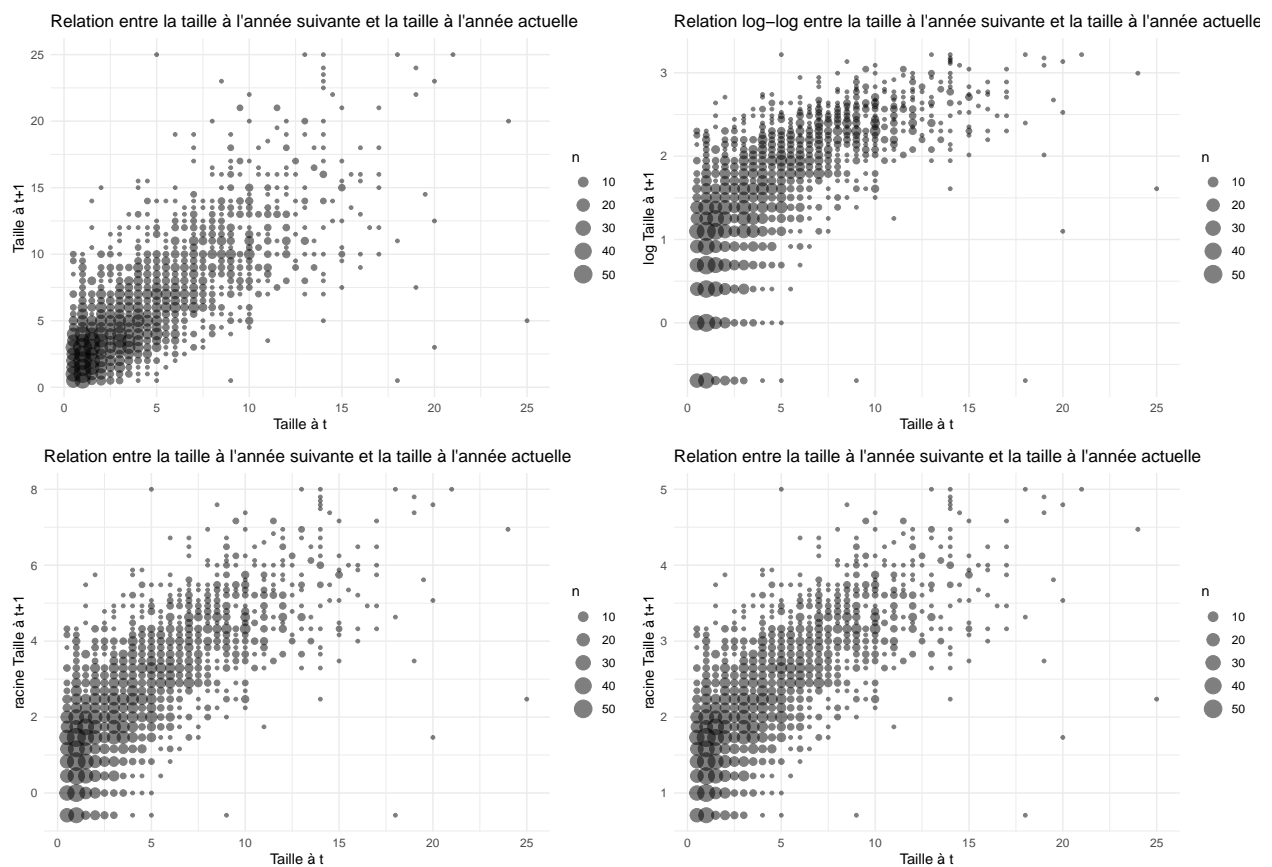
```
## Warning: Removed 2 rows containing missing values or values outside the scale range
## ('geom_bar()').
```



Growth

Pour la croissance des plantes, on a choisi de fit le log de la taille à l'année $t + 1$ en fonction des effets fixes log de la taille à l'année t et age, et des effets aléatoires population, année et hétérogénéité individuelle.

La taille à l'année $t + 1$ suit une distribution logNormale.

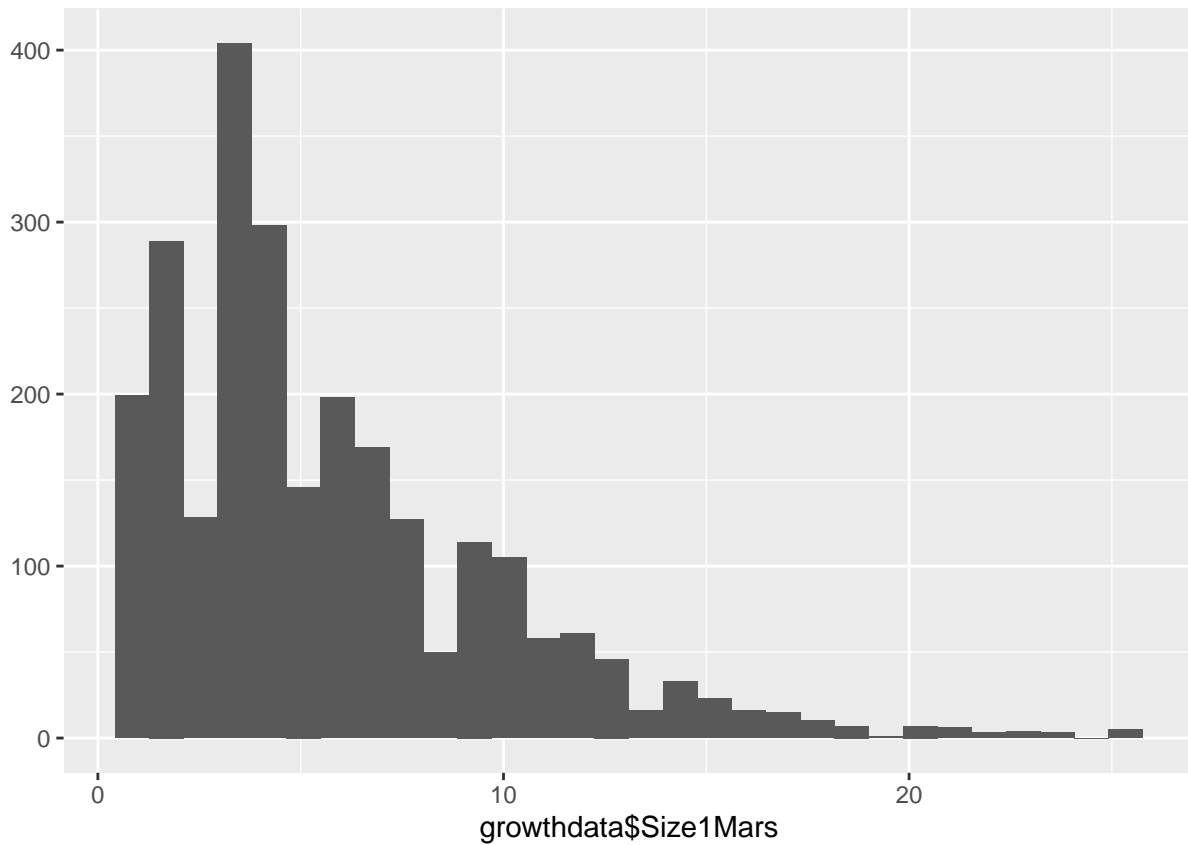


```
qplot(growthdata$Size1Mars)
```

```
## Warning: 'qplot()' was deprecated in ggplot2 3.4.0.
## This warning is displayed once every 8 hours.
```

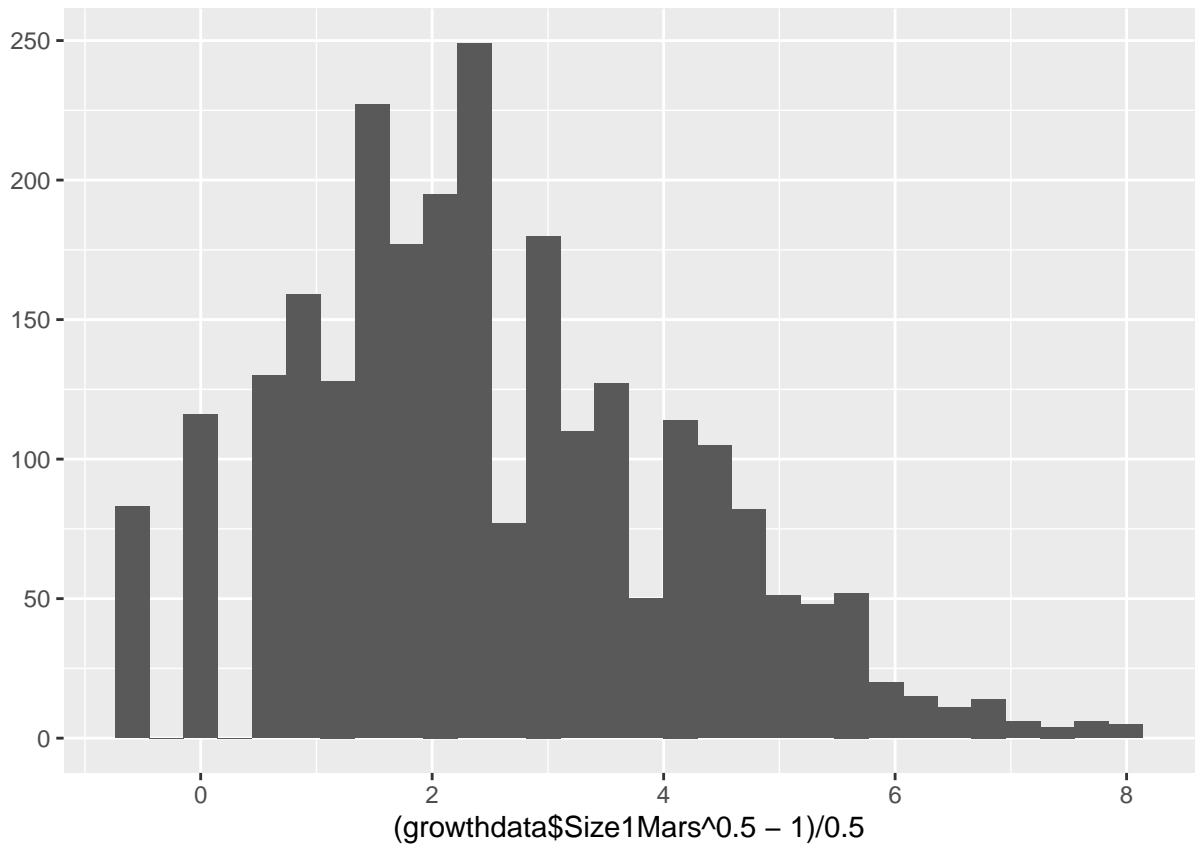
```
## Call 'lifecycle::last_lifecycle_warnings()' to see where this warning was  
## generated.
```

```
## 'stat_bin()' using 'bins = 30'. Pick better value with 'binwidth'.
```



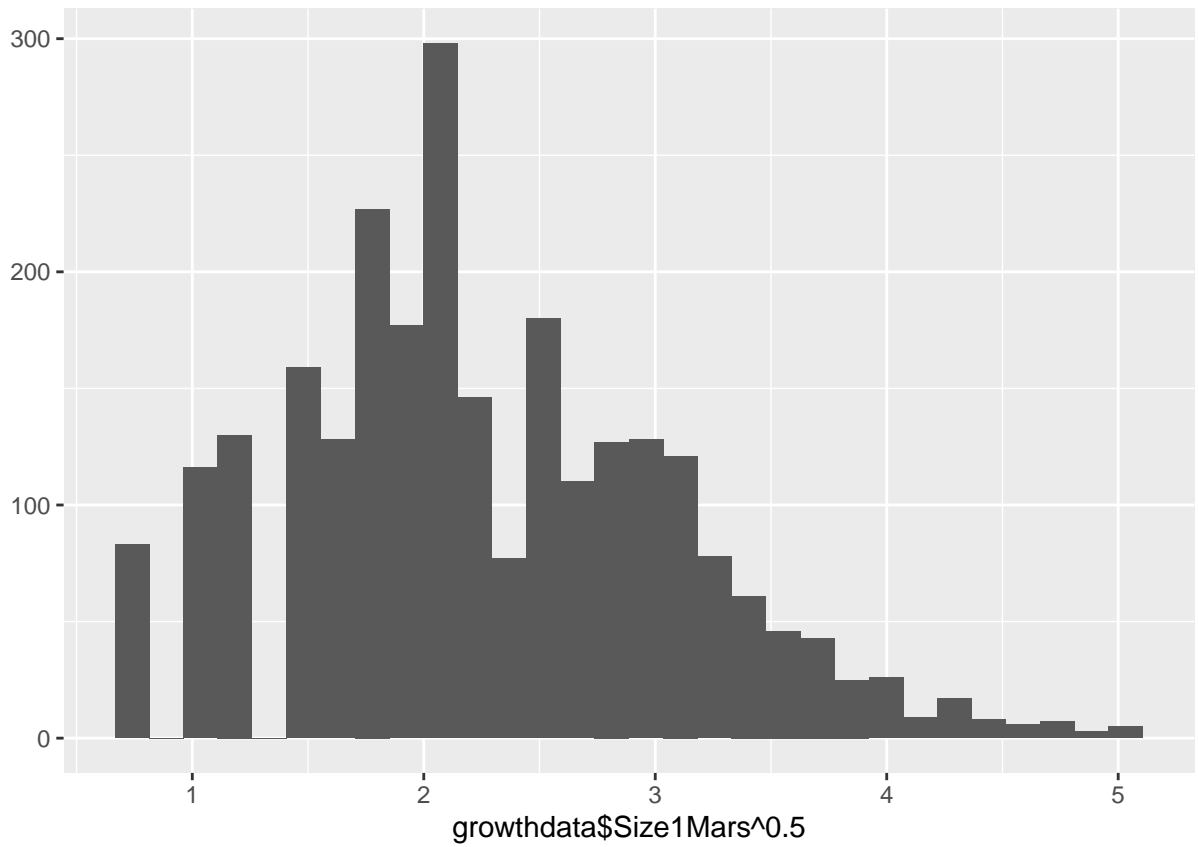
```
qplot((growthdata$Size1Mars**0.5 - 1)/0.5)
```

```
## 'stat_bin()' using 'bins = 30'. Pick better value with 'binwidth'.
```



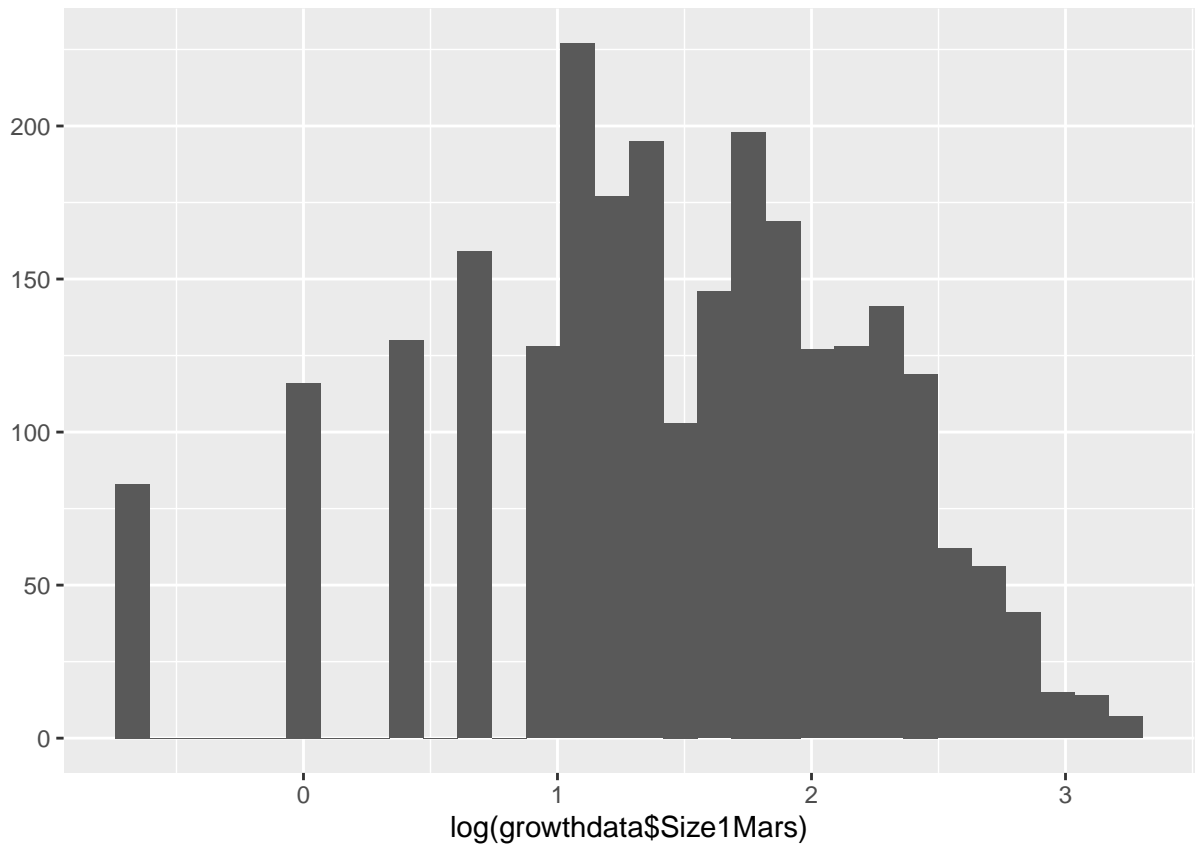
```
qplot(growthdata$Size1Mars**0.5)
```

```
## 'stat_bin()' using 'bins = 30'. Pick better value with 'binwidth'.
```

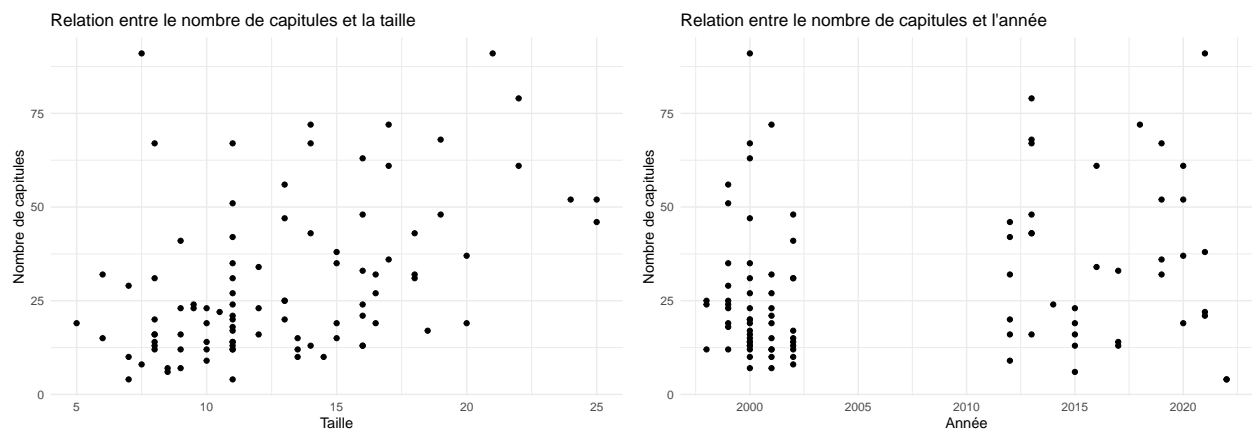


```
qplot(log(growthdata$Size1Mars))
```

```
## 'stat_bin()' using 'bins = 30'. Pick better value with 'binwidth'.
```

Fecondity



Modèles par AIC

```
Survglm11 <- fitme(SurvieMars ~ 1 + poly(Size0Mars,3) +
  (Size0Mars|year) + (1|Pop),
  family=binomial,
```

```

        data=survdata1,
        method="PQL/L")
extractAIC(Survglm11)

##      edf      AIC
##  4.000 4373.984

Survglm12 <- fitme(SurvieMars ~ 1 + bs(Size0Mars,df=4,degree=2) +(bs(age0,degree=3,knots=6.5)) +
                    (age0|year) + (1|Pop),
                    family=binomial,
                    data=survdata2,
                    method="PQL/L")
extractAIC(Survglm12)

##      edf      AIC
##  9.000 2309.076

Flowglm1 <- fitme(Flowering0 ~ 1 + poly(Size0Mars,3) + poly(age0,2) +
                  (age0|Pop),
                  family=binomial,
                  data=centauree_data, method="PQL/L")
extractAIC(Flowglm1)

##      edf      AIC
##  6.000 843.909

Pltglm1 <- fitme(Size0Mars ~ 1 + (1|year) + (1|Pop) + (1|Pop:year),
                 data=plantule_data,
                 family = Gamma(log))
extractAIC(Pltglm1)

##      edf      AIC
##  1.000 8442.641

Growthglm1 <- fitme(log(Size1Mars) ~ 1 + poly(log(Size0Mars),4) + poly(age0,3) +
                  (log(Size0Mars)|year) + (log(Size0Mars)|Pop),
                  data=growthdata)

extractAIC(Growthglm1)

##      edf      AIC
##  8.000 4074.761

Growthglm12 <- fitme(log(Size1Mars) ~ 1 +
                    poly(Size0Mars,3) + poly(age0,3) +
                    (Size0Mars+age0|year) + (Size0Mars|Pop),
                    data=growthdata, resid.model = ~log(Size0Mars))
extractAIC(Growthglm12)

```

```
##      edf      AIC
##    7.000 3877.645
```

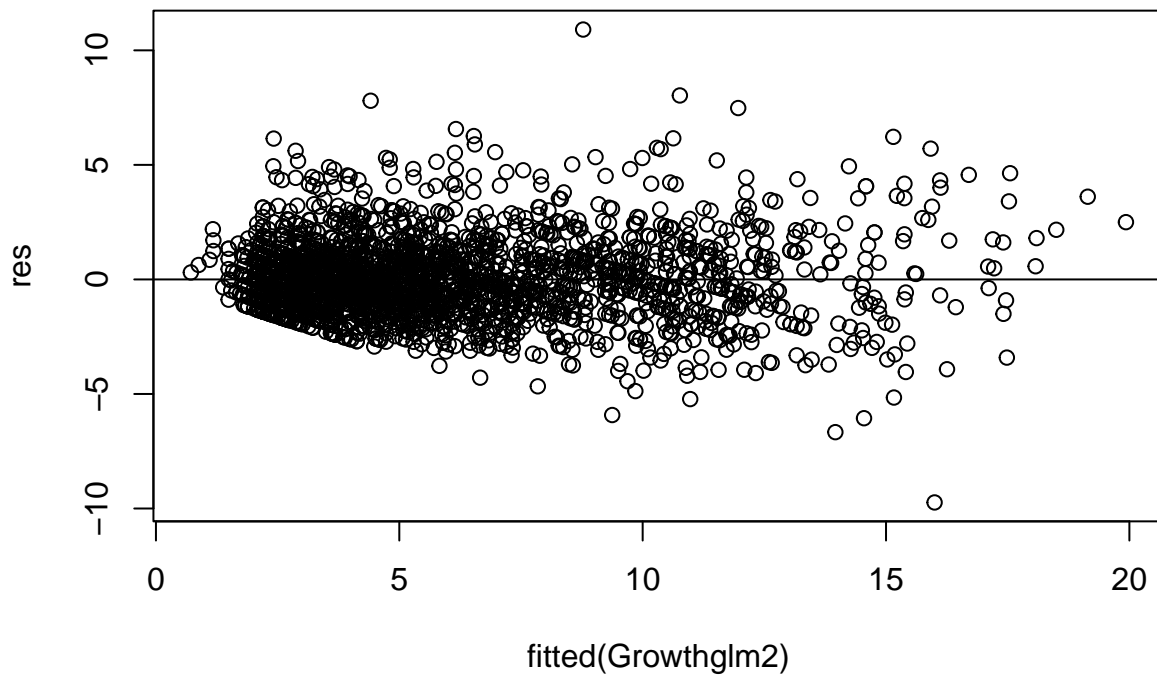
```
Growthglm2 <- fitme(Size1Mars ~ 1 +
                    bs(Size0Mars,degree=3,df=5) + bs(age0,degree=2,knots=6.5) +
                    (Size0Mars+age0|year) + (Size0Mars|Pop),
                    resid.model = ~ log(Size0Mars),
                    data=growthdata)

Cptlglm1 <- fitme(log(Cptl0) ~ 1 + Size0Mars + (age0|year),
                  data=cptldata)
extractAIC(Cptlglm1)
```

```
##      edf      AIC
##    2.0000 177.9251
```

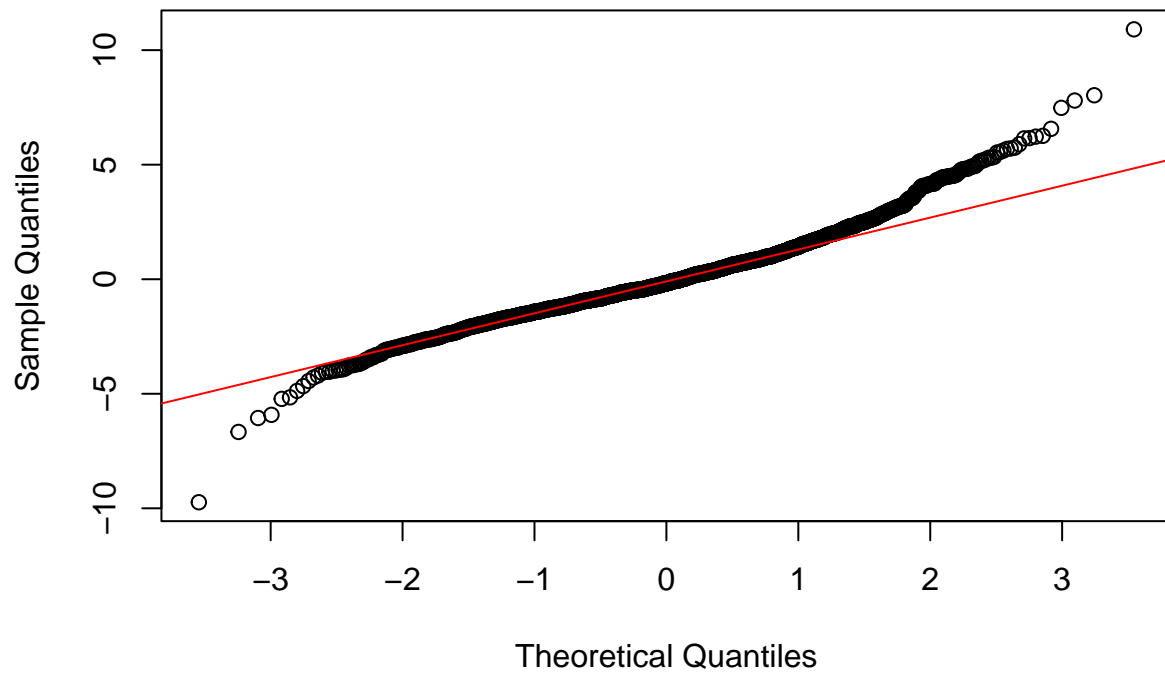
```
# Growth
# sizet+1 ~ sizet

res <- resid(Growthglm2)/sqrt(1.0462608+0.5367287*log(predict(Growthglm2)))
plot(fitted(Growthglm2),res);abline(0,0)
```

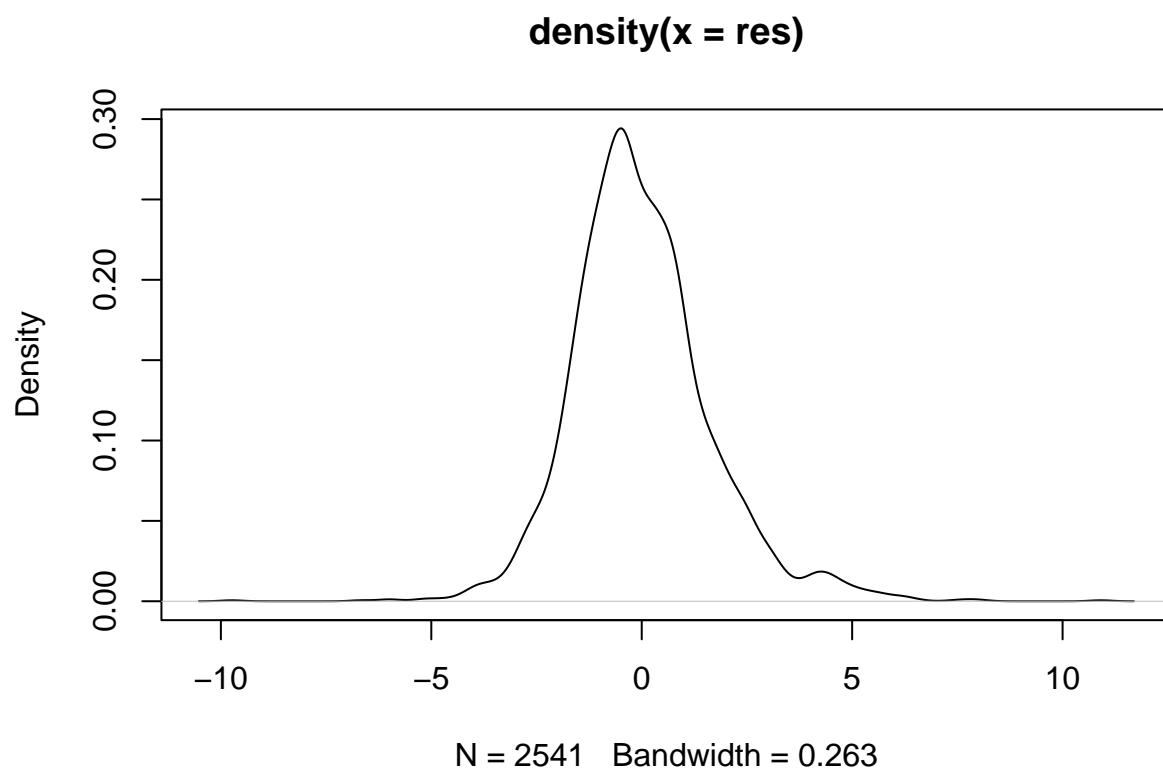


```
qqnorm(res);qqline(res,col="red")
```

Normal Q-Q Plot



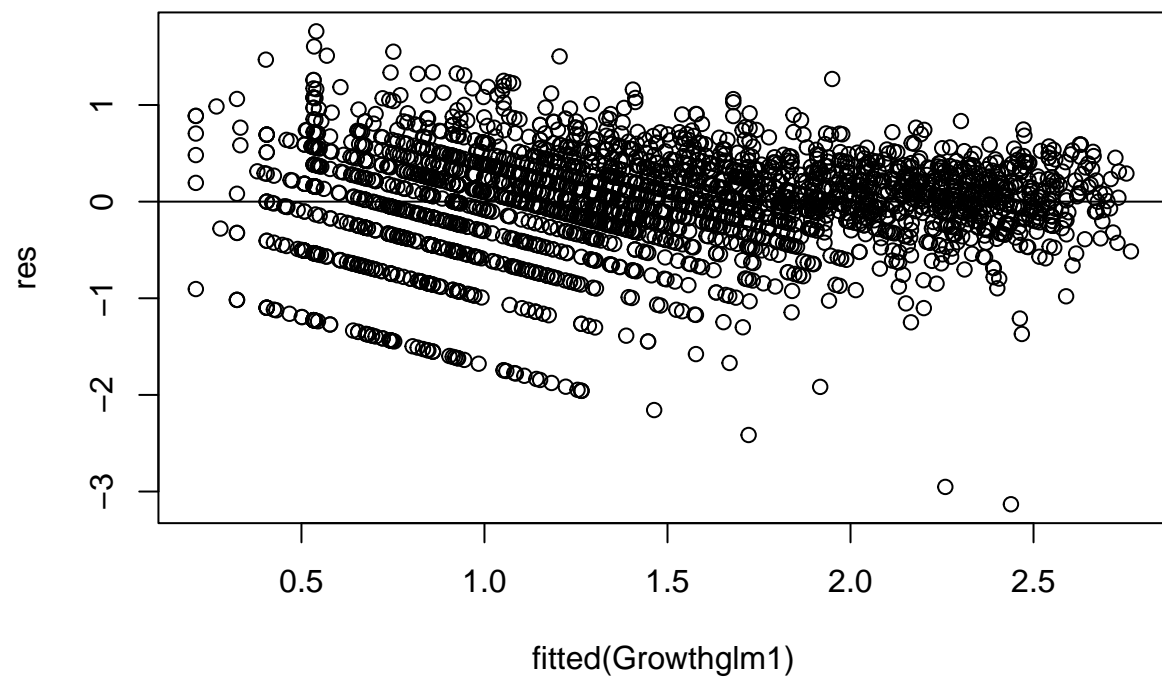
```
plot(density(res))
```



```
summary(res)
```

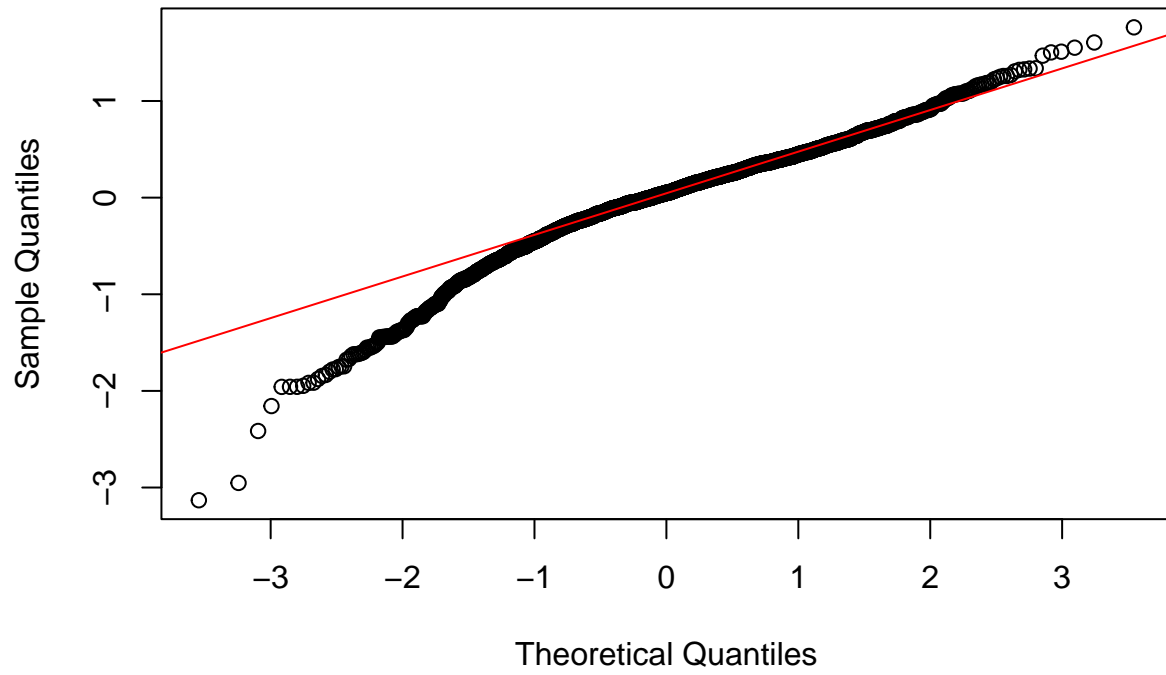
```
##          V1
##  Min.   :-9.735023
## 1st Qu. :-1.034707
## Median :-0.175775
## Mean   :-0.001276
## 3rd Qu.: 0.843471
## Max.    :10.907326
```

```
# Growth
# log
res <- resid(Growthglm1)
plot(fitted(Growthglm1),res);abline(0,0)
```

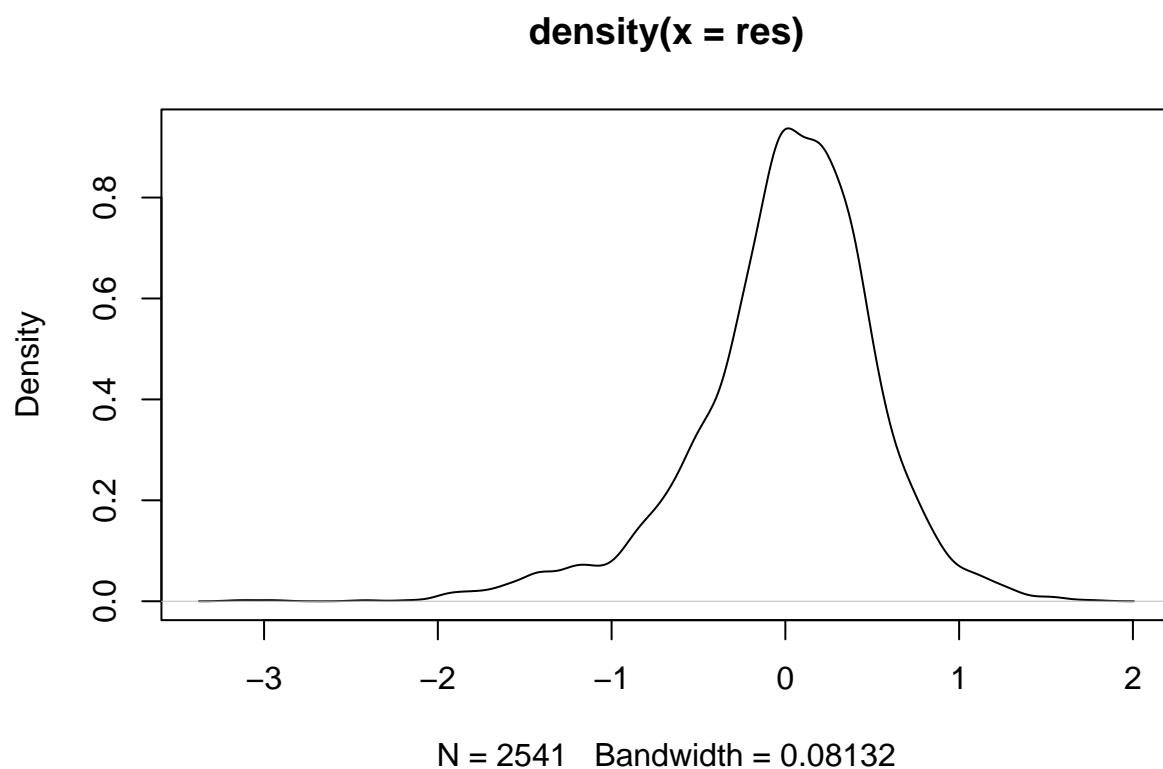


```
qqnorm(res);qqline(res,col="red")
```

Normal Q-Q Plot



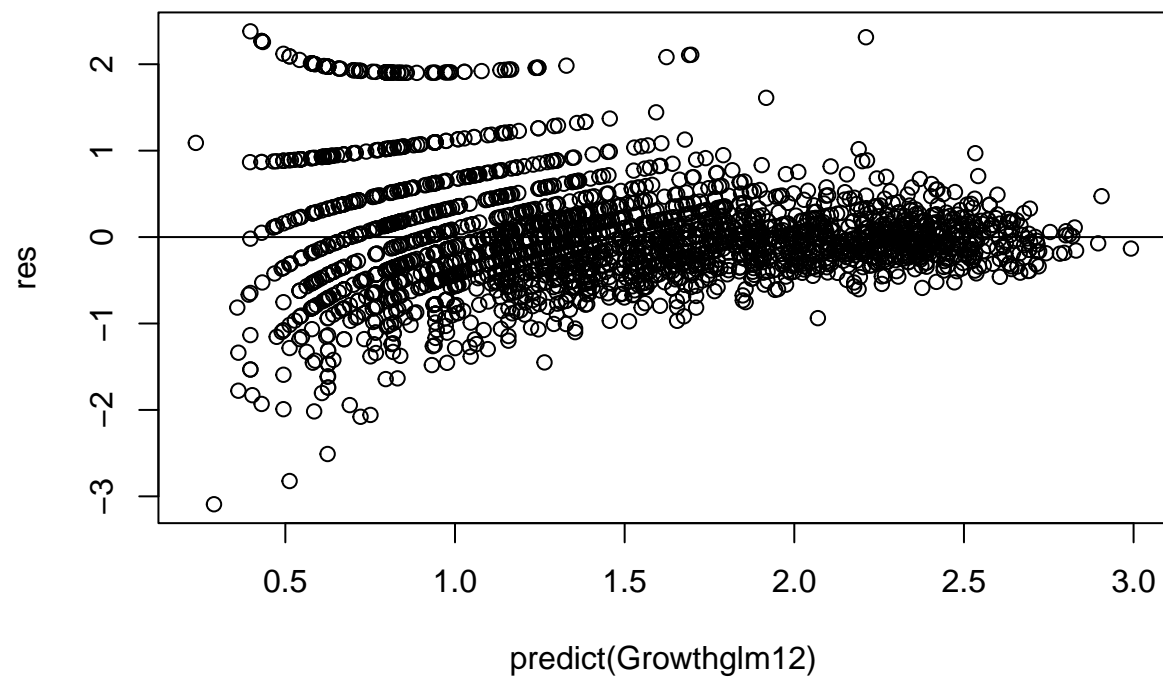
```
plot(density(res))
```



```
summary(res)
```

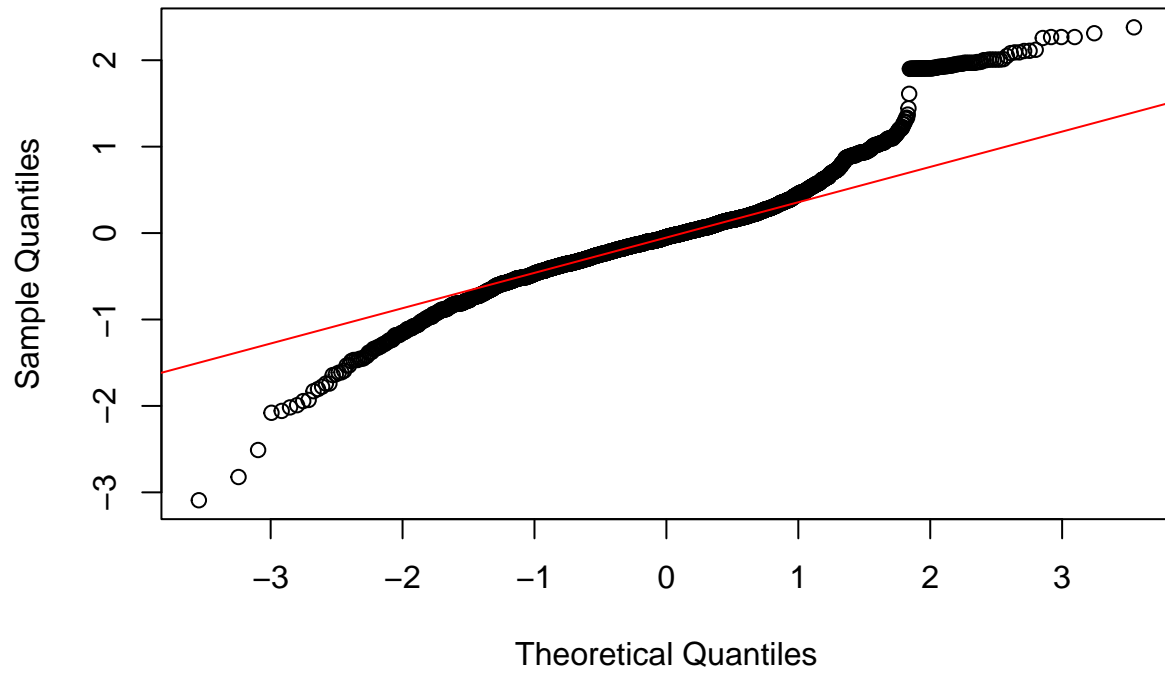
```
##      Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
## -3.13141 -0.24524  0.04932  0.00000  0.33564  1.76209
```

```
res <- resid(Growthglm12)/(-0.8872301-0.4646620*log(predict(Growthglm12)))
plot(predict(Growthglm12),res);abline(0,0)
```

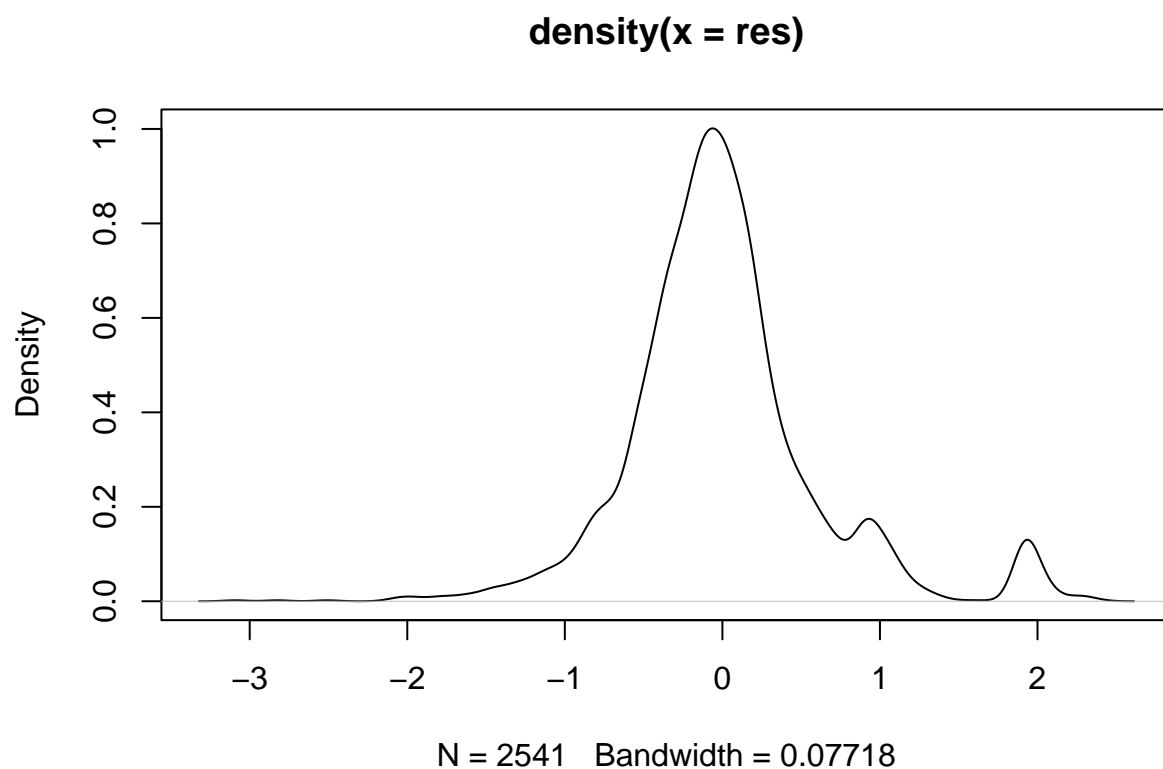



```
qqnorm(res);qqline(res,col="red")
```

Normal Q-Q Plot



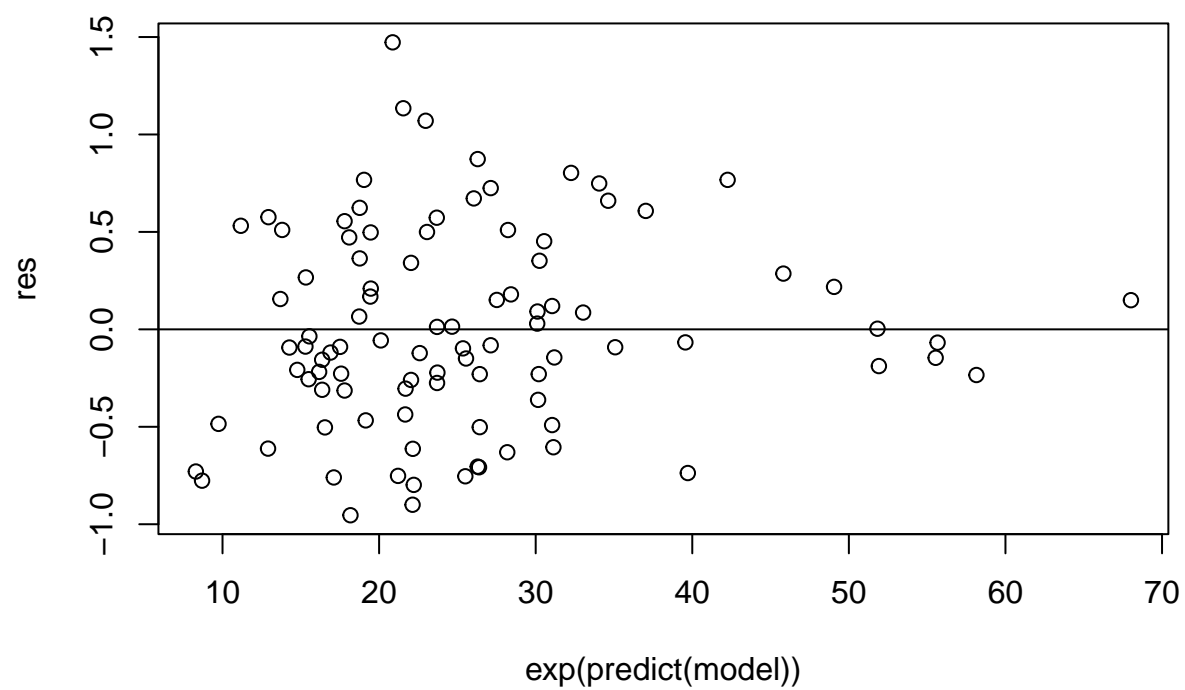
```
plot(density(res))
```



```
summary(res)
```

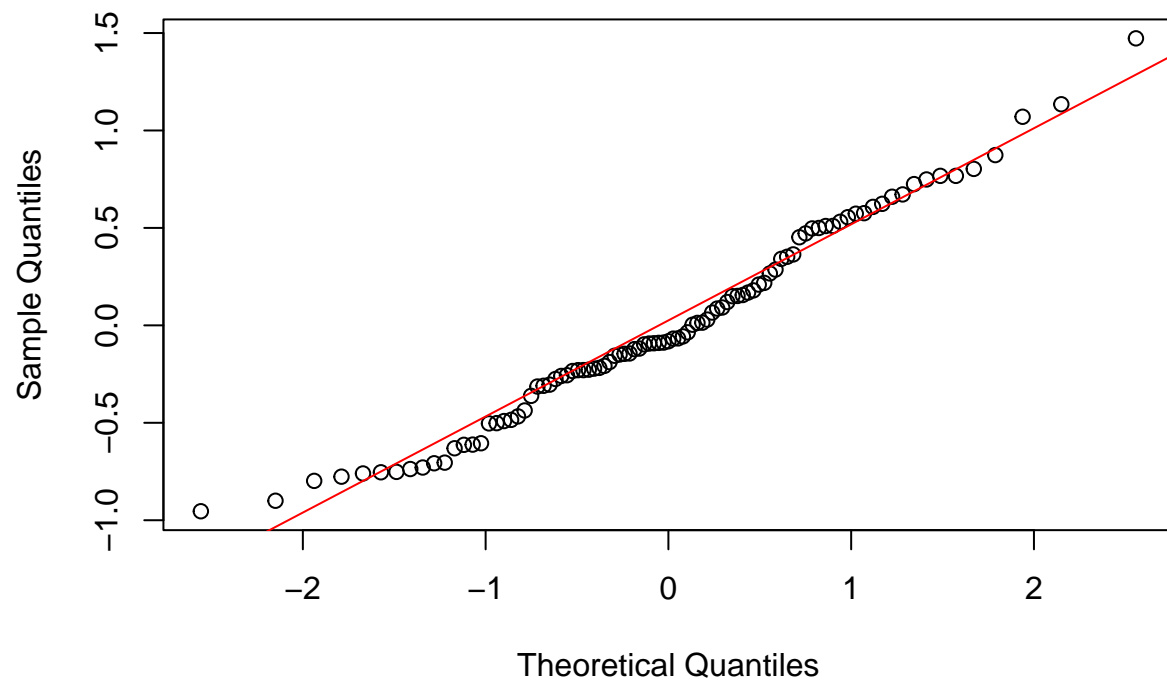
```
##          V1
##  Min.   :-3.091332
## 1st Qu. :-0.327508
## Median :-0.046857
## Mean   : 0.003367
## 3rd Qu.: 0.223782
## Max.   : 2.380508
```

```
model <- Cptlglm1
res <- resid(model)
plot(exp(predict(model)),res);abline(0,0)
```

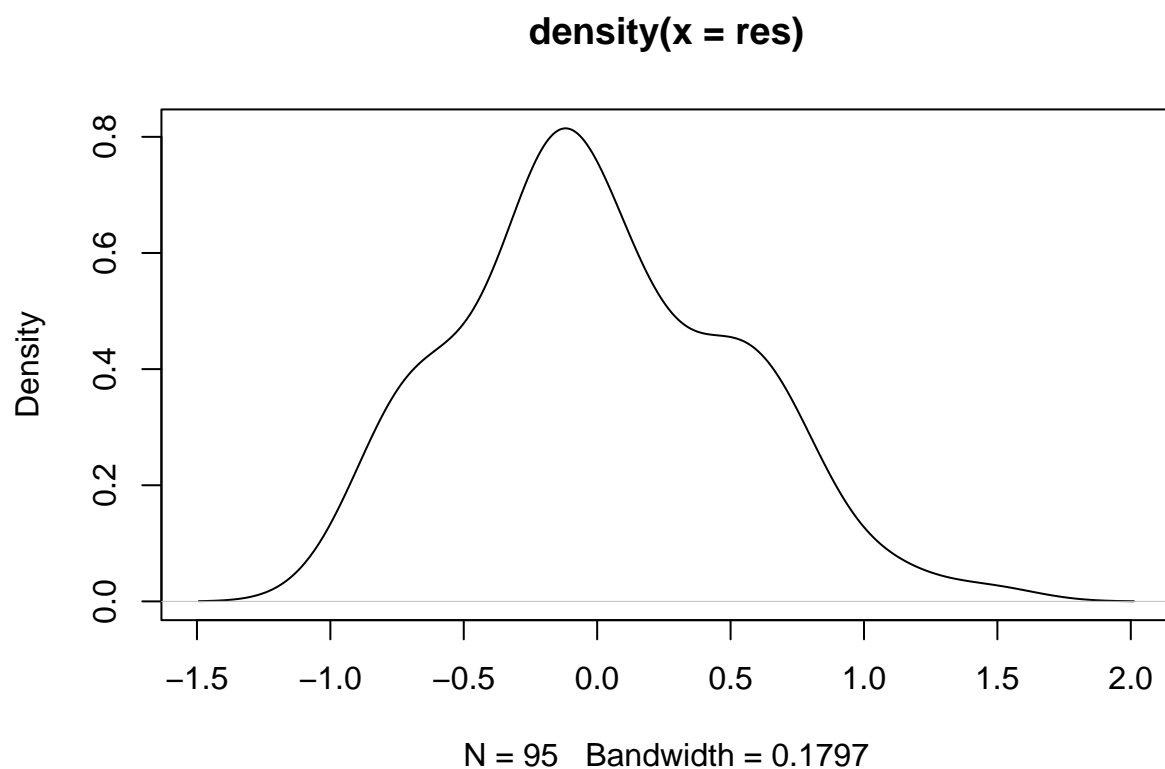


```
qqnorm(res);qqline(res,col="red")
```

Normal Q-Q Plot



```
plot(density(res))
```



```
summary(res)
```

```
##      Min.   1st Qu.   Median     Mean  3rd Qu.     Max.
## -0.95386 -0.30717 -0.08167  0.00000  0.35798  1.47276
```

```
library(SplinesUtils)
```

```
#Pour un exemple :
```

```
# RegModel <- fitme(SurvieMars ~ 1 + bs(SizeOMars, df = 4, degree = 2) + (bs(age0, degree = 3, knots = 6
#
#           family=binomial,
#           data=survdata2,
#           method="PQL/L")
# SplineTerm <- "bs(SizeOMars, df = 4, degree = 2)"
```

```
# La fonction d'origine est RegSplineAsPiecePoly
```

```
SplinesAsPolySpaMM <- function (RegModel, SplineTerm, shift = TRUE) {
```

```
  #Extrait les données du spline (position dans les effets fixes, degrés des polynomes, knots)
  RegSpline <- SplinesUtils:::ExtractSplineTerm(terms(RegModel), SplineTerm)
  pos <- RegSpline$pos
```

```
  #Permet de sortir les coefficients de chaque bout de splines
```

```
  ind0 <- attr(RegModel$X.pv, "namesOri") #Noms des coefficients
```

```

ind <- integer(0)
pattern <- paste0("^", gsub("\\(", "\\((", gsub("\\)", "\\))", SplineTerm)), "\\d+$")
#C'est pas très propre mais pas le choix car les noms des bouts de splines finissent avec un indice 1
ind <- grep(pattern, ind0) #Détection si le nom du coefficient correspond au spline voulu
RegSplineCoef <- RegModel$fixef[ind] #Sort l'estimation des coeffs

RegSplineCoef <- unname(RegSplineCoef)
na <- is.na(RegSplineCoef)
if (any(na)) {
  warning("NA coefficients found for SplineTerm; Replacing NA by 0")
  RegSplineCoef[na] <- 0
}

#Recalcule le polynome avec la méthode d'origine, je n'y ai pas touché
PiecePolyCoef <- SplinesUtils:::PiecePolyRepara(RegSpline, RegSplineCoef, shift)
structure(list(
  PiecePoly = list(coef = PiecePolyCoef, shift = shift),
  knots = RegSpline$knots,
  class = c("PiecePoly", "RegSpline"))
)
```

```
SplinesAsPolySpaMM(Survglm12, "bs(Size0Mars, df = 4, degree = 2)")
```

```

## 3 piecewise polynomials of degree 2 are constructed!
## Use 'summary' to export all of them.
## The first 3 are printed below.
## 2.56e-16 + 1.28 * (x - 0.5) - 0.142 * (x - 0.5) ^ 2
## 2.31 + 0.569 * (x - 3) - 0.0708 * (x - 3) ^ 2
## 3.38 + 0.144 * (x - 6) - 0.00504 * (x - 6) ^ 2
```

```
SplinesAsPolySpaMM(Growthglm2, "bs(Size0Mars, degree = 3, df = 5)")
```

```

## 3 piecewise polynomials of degree 3 are constructed!
## Use 'summary' to export all of them.
## The first 3 are printed below.
## 2.19e-15 + 0.257 * (x - 0.5) + 0.609 * (x - 0.5) ^ 2 - 0.135 * (x - 0.5) ^ 3
## 1.3 + 1.17 * (x - 2) + 0.000897 * (x - 2) ^ 2 - 0.00156 * (x - 2) ^ 3
## 4.78 + 1.14 * (x - 5) - 0.0131 * (x - 5) ^ 2 - 0.00182 * (x - 5) ^ 3
```

```
SplinesAsPolySpaMM(Growthglm2, "bs(age0, degree = 2, knots = 6.5)")
```

```

## 2 piecewise polynomials of degree 2 are constructed!
## Use 'summary' to export all of them.
## The first 2 are printed below.
## 0 - 0.768 * (x - 1) + 0.104 * (x - 1) ^ 2
## -1.07 + 0.379 * (x - 6.5) - 0.661 * (x - 6.5) ^ 2
```

```

f <- function(x){
  return((2.56e-16 + 1.28 * (x - 0.5) - 0.142 * (x - 0.5) ^ 2)*I(x<3)+(2.31 + 0.569 * (x - 3) - 0.0708 * (x - 3) ^ 2)*I(x<=3)+
  (3.38 + 0.144 * (x - 6) - 0.00504 * (x - 6) ^ 2)*I(x>=3))
}
```

Détails des modèles

Survie des plantules

$$\text{logit}(s_1(x)) = \beta_0 + b_{0,pop} + b_{0,year} + (\beta_1 + b_{1,pop})x + \beta_2 x^2 + \beta_3 x^3$$

$$\text{logit}(s_1(x)) = -1.51 + b_{0,pop} + b_{0,year} + (36.02 + b_{1,pop})x + 12.04x^2 + 29.46x^3$$

avec :

x : taille au temps t

$\beta_i, i \in \{0, 1, 2, 3\}$: coefficients du polynome de la taille

$b_{0,pop} \sim \mathcal{N}(0, 0.89)$: contribution de l'effet aléatoire Population sur l'intercept

$b_{j,year}, j \in \{0, 1\}$: contribution de l'effet aléatoire Année sur l'intercept et la taille ($b_{0,year}, b_{1,year}$) $\sim \mathcal{N}(0, \Sigma)$
with

$$\Sigma = \begin{bmatrix} 1.57 & -0.08 \\ -0.08 & 0.066 \end{bmatrix}$$

Correlation term: $\rho = -0.78$

Survie des rosettes

$$\text{logit}(s_a(x)) = s_1(x) + s_2(a)$$

$$f_1(x) = \begin{cases} b_{0,pop} + b_{0,year} + 1.28(x - 0.5) - (0.142 + b_{0,year})(x - 0.5)^2 & \text{si } x \leq 2 \\ b_{0,pop} + b_{0,year} + 2.31 + (0.569 + b_{0,year})(x - 3) - 0.0708(x - 3)^2 & \text{si } x \in [2; 6] \\ b_{0,pop} + b_{0,year} + 3.38 + (0.144 + b_{0,year})(x - 6) - 0.00504(x - 6)^2 & \text{si } x \geq 6 \end{cases}$$

$$f_2(a) = \begin{cases} b_{0,pop} + 0.612(a - 2) - 0.416(a - 2)^2 + 0.0617(a - 2)^3 & \text{si } a \leq 6.5 \\ b_{0,pop} - 0.0382 + 0.621(a - 6.5) + 0.418(a - 6.5)^2 - 0.844(a - 6.5)^3 & \text{si } a \geq 6.5 \end{cases}$$

avec :

x : taille au temps t

a : age au temps t

$b_{0,pop} \sim \mathcal{N}(0, 0.073)$: contribution de l'effet aléatoire Population sur l'intercept

$b_{j,year}, j \in \{0, 1\}$: contribution de l'effet aléatoire Année sur l'intercept et l'age ($b_{0,year}, b_{1,year}$) $\sim \mathcal{N}(0, \Sigma)$
with

$$\Sigma = \begin{bmatrix} 1.39 & -0.01 \\ -0.01 & 0.0097 \end{bmatrix}$$

Correlation term: $\rho = -0.91$

Floraison

$$\text{logit}(f_a(x)) = \beta_0 + b_{0,pop} + \beta_{1,1}x + \beta_{1,2}x^2 + \beta_{1,3}x^3 + (\beta_{2,1} + b_{1,pop})a + \beta_{2,2}a^2$$

$$\text{logit}(f_a(x)) = 11.49 + b_{0,pop} + 258.56x - 86.88x^2 + 42.73x^3 + (148.26 + b_{1,pop})a - 57.46a^2$$

avec :

a : age au temps t

x : taille au temps t

β_0 : intercept des effets fixes

$\beta_{1,i}, i \in \{1, 2, 3\}$: coefficients du polynome de la taille

$\beta_{2,i}, i \in \{1, 2\}$: coefficients du polynome de l'age

$b_{0,pop}$: contribution de l'effet aléatoire Population sur l'intercept

$b_{1,pop}$: contribution de l'effet aléatoire Population sur l'age

$(b_{0,pop}, b_{1,pop}) \sim \mathcal{N}(0, \Sigma)$ with

$$\Sigma = \begin{bmatrix} 2.17 & -0.19 \\ -0.19 & 0.09 \end{bmatrix}$$

Correlation term:

$$\rho = -0.98$$

Taille des plantules

$$y \sim \text{Gamma}(\mu, \sigma)$$

avec $\mu = \exp(\beta_0 + \gamma_0 + \varepsilon_0 + \delta_0)$ et $\sigma = \phi \times \mu^2 = 0.32$

y : taille de la plantule

$$\beta_0 = 0.21,$$

$\gamma_0 \sim \mathcal{N}(0, 0.022)$: effet année

$\varepsilon_0 \sim \mathcal{N}(0, 0.026)$: effet population

$\delta_0 \sim \mathcal{N}(0, 0.079)$: effet d'interaction population:année

Residual variation : $\phi = 0.26$

Croissance

log-log

$$y \sim \mathcal{N}(\mu(x, a), \sigma(x))$$

avec $\mu(x, a) = \beta_0 + b_{0,1} + b_{0,2} + (\beta_{1,1} + b_{1,1} + b_{1,2})x + \beta_{2,1}x^2 + \beta_{3,1}x^3 + \beta_{4,1}x^4 + \beta_{2,1}a + \beta_{2,2}a^2 + \beta_{3,2}a^3$
 $\sigma(x) = -0.9 - 0.45 \log(x)$

1-1

$$\mu(x, a) = \mu_1(x) + \mu_2(a)$$

$$\mu_1(x) = \begin{cases} b_{0,1,year} + b_{0,pop} + (0.257 + b_{1,1,year} + b_{1,pop})(x - 0.5) + 0.609(x - 0.5)^2 - 0.135(x - 0.5)^3 & \text{si } x \leq 2 \\ b_{0,1,year} + b_{0,pop} + 1.3 + (1.17 + b_{1,1,year} + b_{1,pop})(x - 2) + 0.000897(x - 2)^2 - 0.00156(x - 2)^3 & \text{si } x \in [2; 5] \\ b_{0,1,year} + b_{0,pop} + 4.78 + (1.14 + b_{1,1,year} + b_{1,pop})(x - 5) - 0.0131(x - 5)^2 - 0.00182(x - 5)^3 & \text{si } x \geq 5 \end{cases}$$

$$\mu_2(a) = \begin{cases} -0.768(x - 1) + 0.104(x - 1)^2 & \text{si } a \leq 6.5 \\ -1.07 + 0.379(x - 6.5) - 0.661(x - 6.5)^2 & \text{si } x \geq 6.5 \end{cases}$$

$K_{year} \sim \mathcal{N}(0, \Sigma)$ with

$$\Sigma_{year} = \begin{bmatrix} 0.34 & 0.29 & -0.74 \\ 0.29 & 0.35 & -0.42 \\ -0.74 & -0.42 & 0.042 \end{bmatrix}$$

$K_{Pop} \sim \mathcal{N}(0, \Sigma)$ with

$$\Sigma_{Pop} = \begin{bmatrix} 0.49 & -0.49 \\ -0.49 & 0.0041 \end{bmatrix}$$

Fécondité (nombre de capitules)

$$C(x) = \beta_0 + \beta_1 x$$

$$C(x) = 2.95 + 2.07x$$

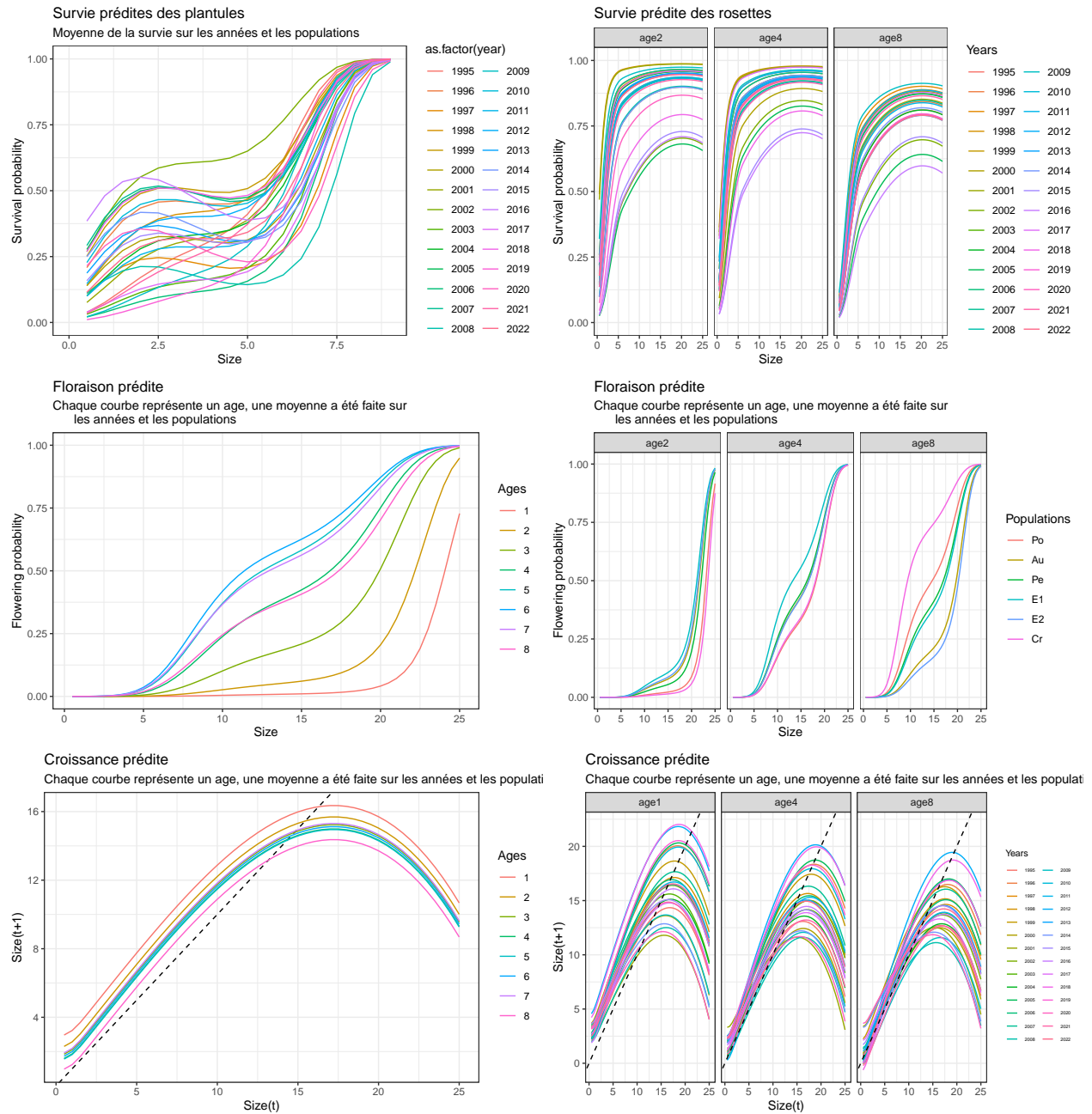
x : taille au temps t

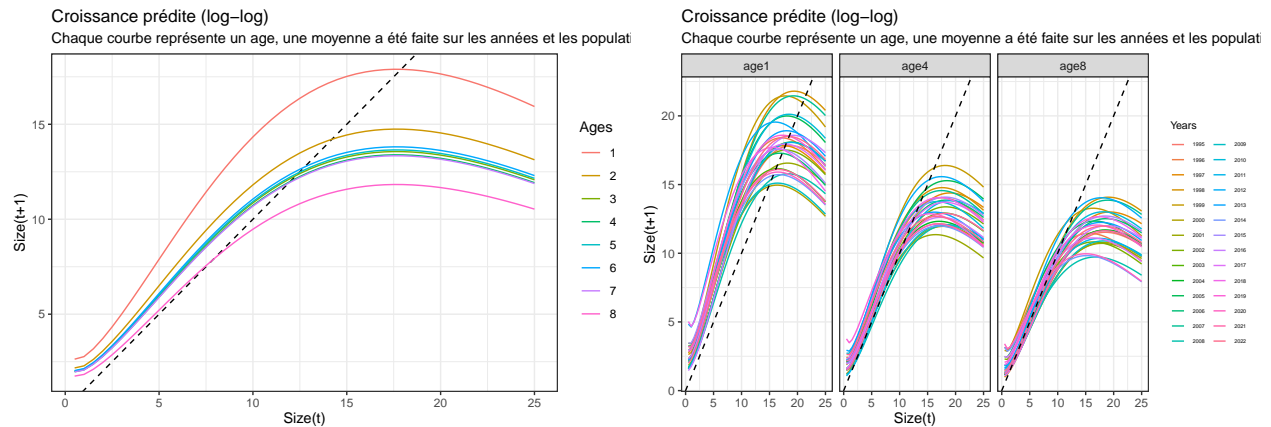
β_0 : intercept

β_1 : coefficients de la taille

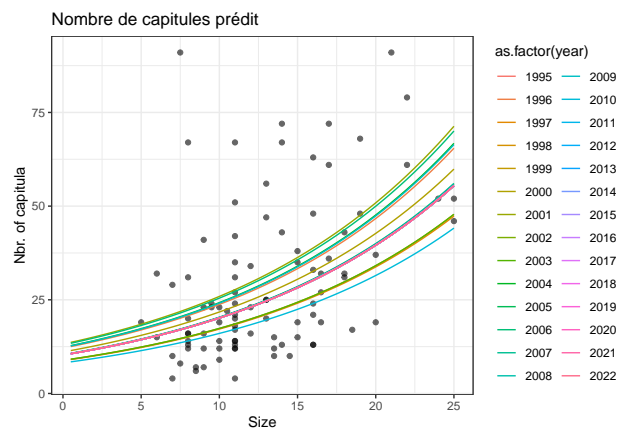
```
resSurv1 <- get_residVar(Survglm11,newdata = fake_data1)
#
# fake_data1 %>%
#   mutate(surv = Survpredict11,
#           var = resSurv1)%>%
#   group_by(SizeOMars) %>%
#   mutate(var = mean(var)) %>%
#   group_by(SizeOMars,year) %>%
#   mutate(surv_predi = mean(surv, na.rm = TRUE)) %>%
#   ggplot(aes(x = SizeOMars, y = surv_predi)) +
#   geom_ribbon(aes(ymin=surv_predi-var,ymax=surv_predi+var))+
#   geom_line(aes(color=as.factor(year))) +
#   theme_bw()+
#   ylim(0, 1) +
#   xlim(0,9)+
#   labs(title = "Survie prédites des plantules",
#         subtitle = "Moyenne de la survie sur les années et les populations",
#         x = "Size",
#         y = "Survival probability")
```

Plots en fonction de la taille





'summarise()' has grouped output by 'Size0Mars'. You can override using the
'.groups' argument.



On voit clairement que la probabilité de survie augmente quand la plante grandit, jusqu'à atteindre un plateau pour les rosettes. La survie d'une plante de petite taille est assez basse, peu importe qu'elle soit d'âge 1 ou plus. On ne peut pas vraiment conclure sur la survie des plantules de grande taille (>5) du fait de la très faible quantité de données pour ces classes de tailles (27 observations).

On voit que la probabilité de floraison augmente fortement avec la taille. De même que pour la survie, on ne peut rien dire de la floraison des plantules de grandes tailles.

Plot de la croissance à côté de la floraison

```
fake_data %>%
  mutate(s1_predi = exp(Growthpredict1),
         flow_predi = Flowpredict1) %>%
  group_by(Size0Mars) %>%
  mutate(flow_predi = mean(flow_predi)) %>%
  group_by(Size0Mars, age0) %>%
  mutate(s1_predi = mean(s1_predi),
         .groups = "drop") %>%
  ggplot(aes(x = Size0Mars, y = s1_predi)) +
  geom_abline(lty="dashed") +
  geom_line(aes(y = 17.5*flow_predi), color="red") +
  scale_y_continuous("Size(t+1)",
```

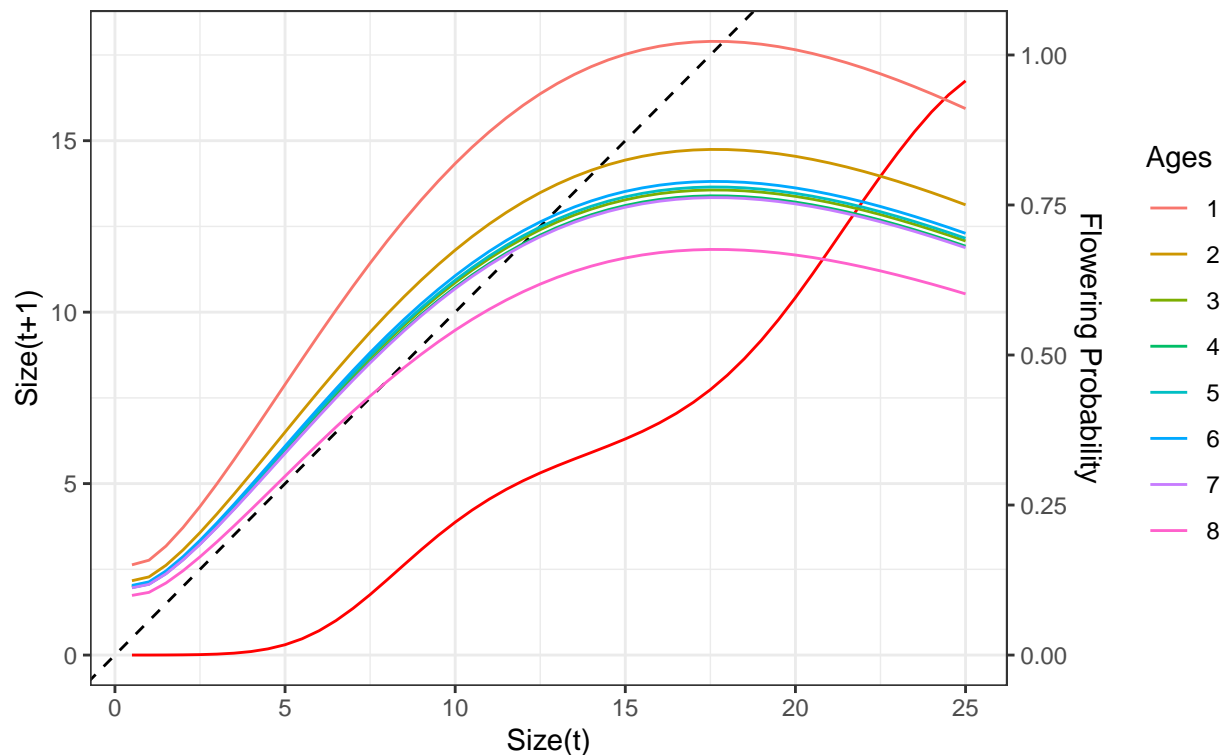
```

sec.axis = sec_axis(~ . /17.5, name = "Flowering Probability"))+
geom_line(aes(color = as.factor(age0))) +
theme_bw()+
labs(title = "Croissance prédite (log-log)",
      subtitle = "Chaque courbe représente un age, une moyenne a été faite sur les années et les popula",
      x = "Size(t)",
      y = "Size(t+1)",
      fill = "Ages",
      color = "Ages")

```

Croissance prédite (log-log)

Chaque courbe représente un age, une moyenne a été faite sur les années et les popula



```

fake_data %>%
  mutate(s1_predi = exp(Growthpredict1),
         flow_predi = Flowpredict1) %>%
  group_by(Size0Mars, age0) %>%
  mutate(s1_predi = mean(s1_predi),
         flow_predi = mean(flow_predi),
         .groups = "drop") %>%
  ggplot(aes(x = Size0Mars, y = s1_predi)) +
  geom_abline(lty="dashed")+
  geom_line(aes(y = 17.5*flow_predi, color = as.factor(age0))) +
  scale_y_continuous("Size(t+1)",
    sec.axis = sec_axis(~ . /17.5, name = "Flowering Probability"))+
  geom_line(aes(color = as.factor(age0))) +
  theme_bw()+
  labs(title = "Croissance prédite (log-log)",

```

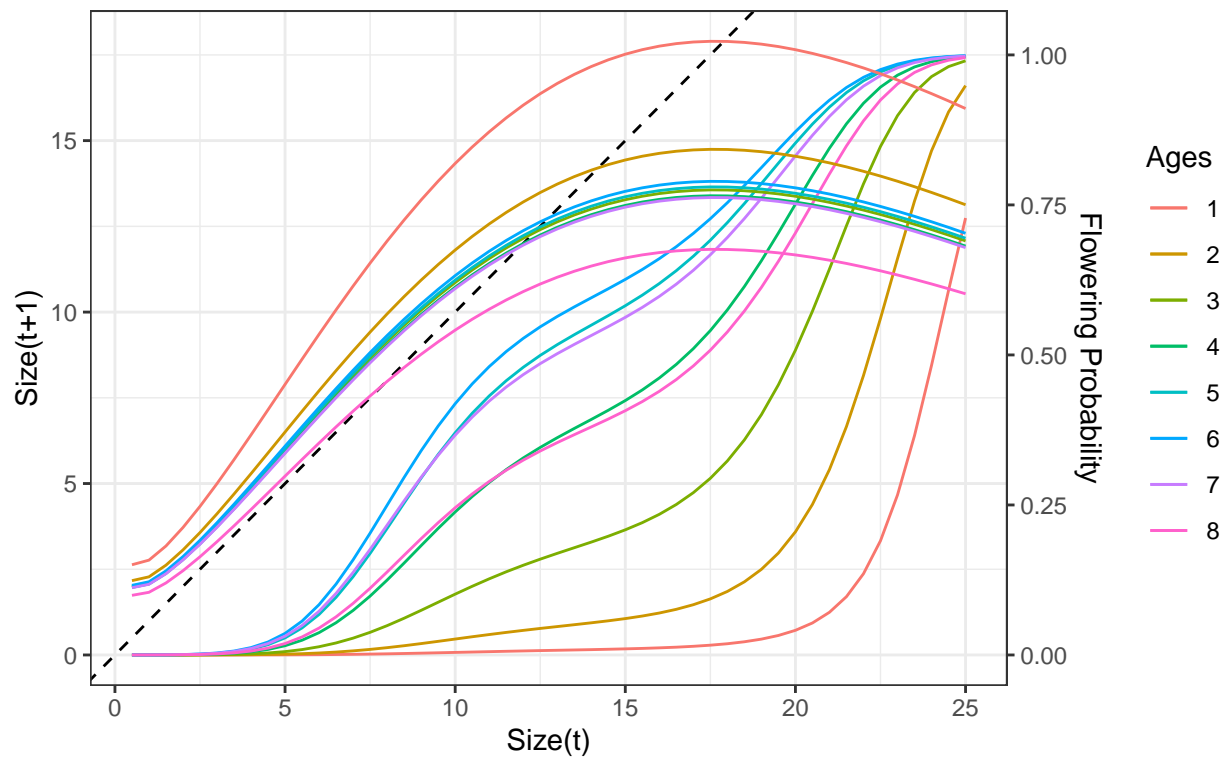
```

subtitle = "Chaque courbe représente un age, une moyenne a été faite sur les années et les popula
x = "Size(t)",
y = "Size(t+1)",
fill = "Ages",
color = "Ages")

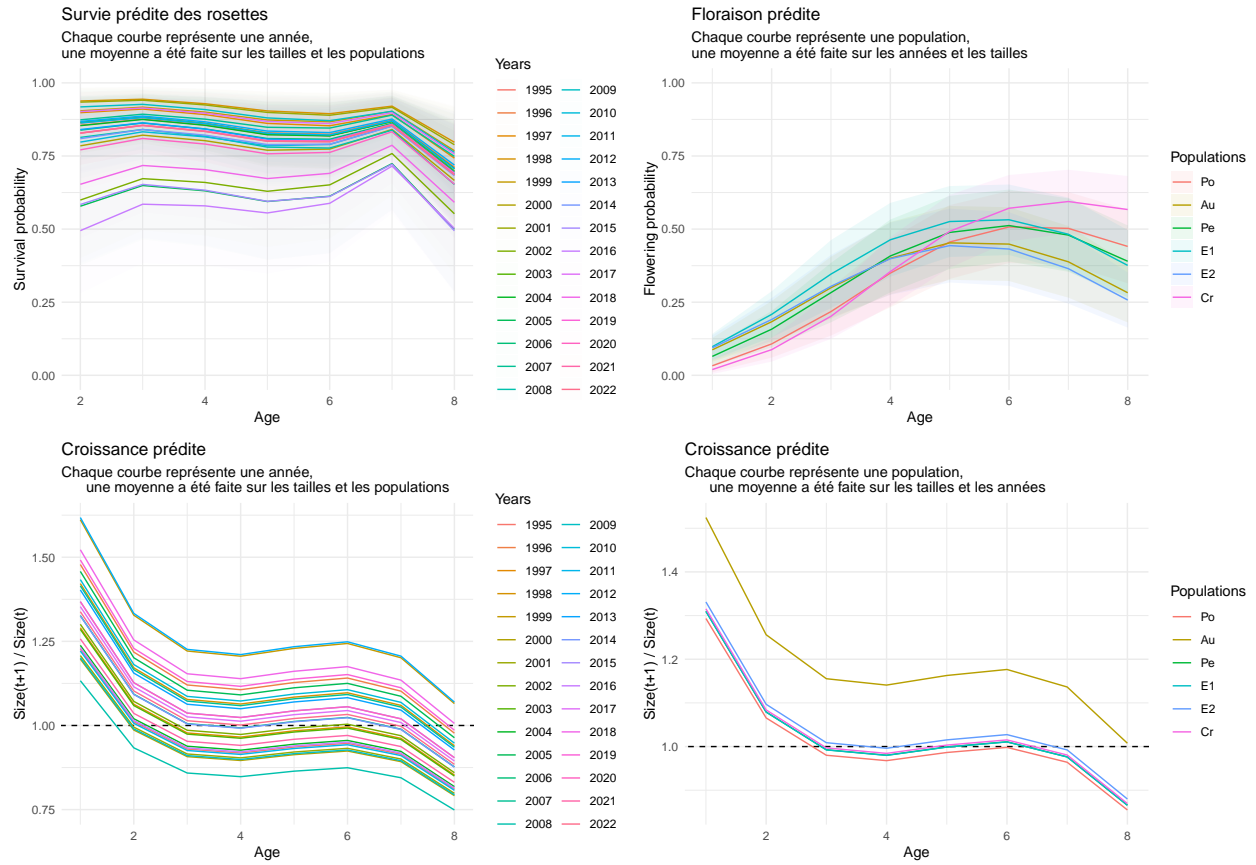
```

Croissance prédite (log-log)

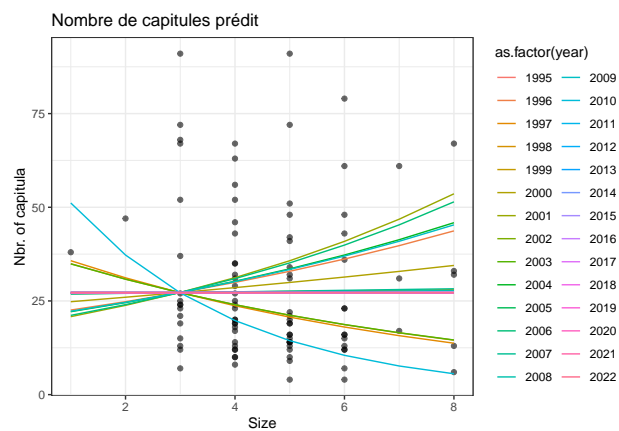
Chaque courbe représente un age, une moyenne a été faite sur les années et les popula



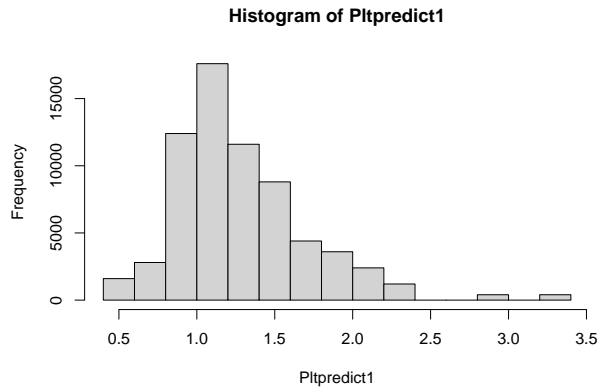
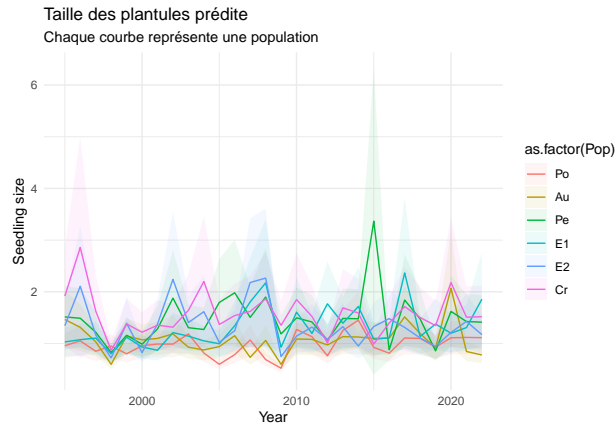
Plots en fonction de l'âge



'summarise()' has grouped output by 'year'. You can override using the
'.groups' argument.



Autres plots



Histoire de vie de la croissance d'une plante

```
nbofind <- 100
Grow <- function (x, a) {
  fake_data <- expand.grid(
    year = annees,
    Pop = populations,
    Size0Mars = unique(x),
    age0 = a)
  mu <- predict(Growthglm2, fake_data, allow.new.levels = T, residVar=TRUE) #Prédit les log(taille) à t
  mu2 <- aggregate(mu, list(fake_data$Size0Mars), mean) #Calcule la moyenne des log(taille)t+1
  usd <- sqrt(exp(1.0462608+0.5367287*log(unique(x))))
  return(rnorm(nbofind, mean = mu2$V1, sd = usd)) #Proba qu'un individu soit de taille y à t+1 sachant
}

fake_growth <- expand.grid(
  Ind = 1:nbofind,
  year = annees[1:8],
  Size = NA)

start <- 2

fake_growth$Size[fake_growth$year==annees[1]] <- start

for (t in 2:8){
  size1 <- Grow(fake_growth$Size[fake_growth$year==annees[t-1]],t-1)
  fake_growth$Size[fake_growth$year==annees[t]] <- size1
  fake_growth$Size <- ifelse(fake_growth$Size<0,0L,fake_growth$Size)
}
```

```
## Warning in bs(Size0Mars, degree = 3L, knots = c(2, 5), Boundary.knots = c(0.5,
## : some 'x' values beyond boundary knots may cause ill-conditioned bases
## Warning in bs(Size0Mars, degree = 3L, knots = c(2, 5), Boundary.knots = c(0.5,
## : some 'x' values beyond boundary knots may cause ill-conditioned bases
## Warning in bs(Size0Mars, degree = 3L, knots = c(2, 5), Boundary.knots = c(0.5,
## : some 'x' values beyond boundary knots may cause ill-conditioned bases
## Warning in bs(Size0Mars, degree = 3L, knots = c(2, 5), Boundary.knots = c(0.5,
```



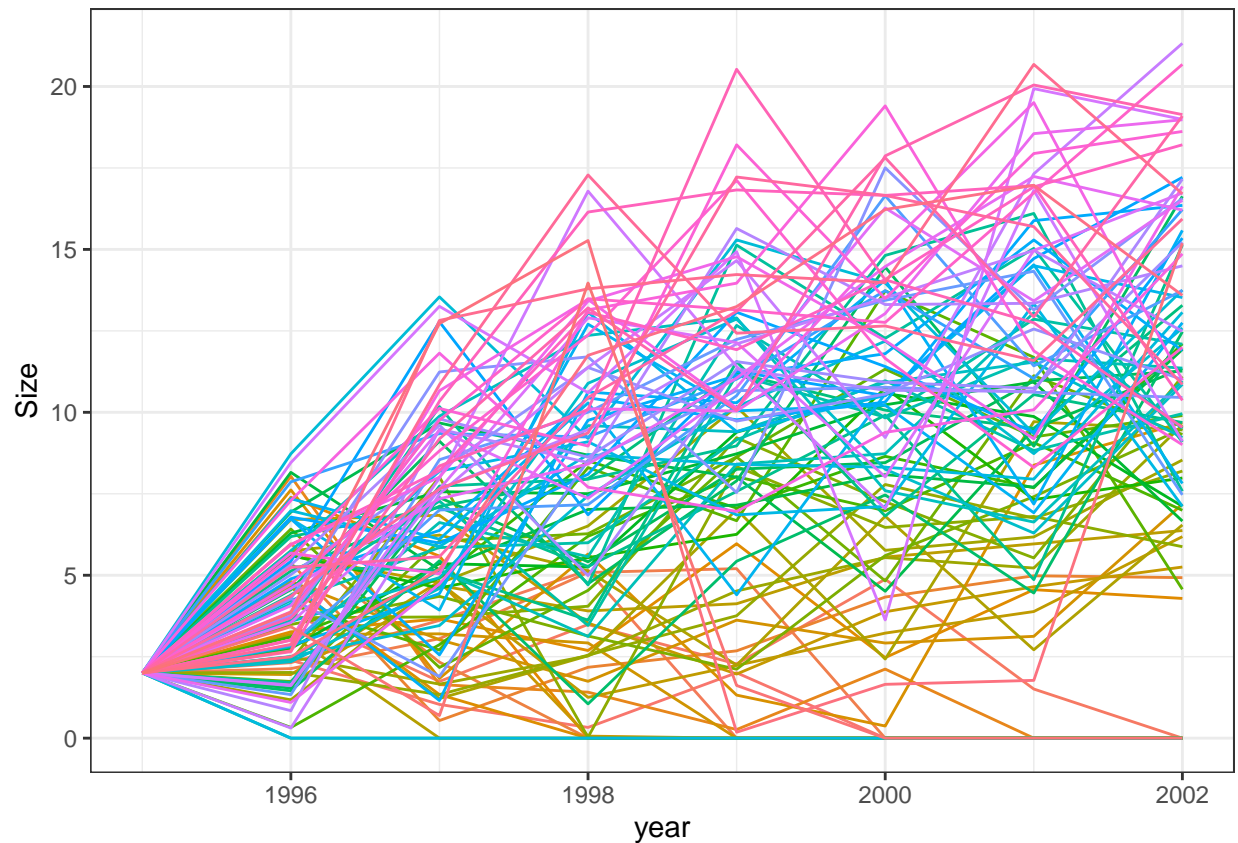
```
## : some 'x' values beyond boundary knots may cause ill-conditioned bases
## Warning in bs(Size0Mars, degree = 3L, knots = c(2, 5), Boundary.knots = c(0.5,
## : some 'x' values beyond boundary knots may cause ill-conditioned bases
## Warning in bs(Size0Mars, degree = 3L, knots = c(2, 5), Boundary.knots = c(0.5,
## : some 'x' values beyond boundary knots may cause ill-conditioned bases
## Warning in bs(Size0Mars, degree = 3L, knots = c(2, 5), Boundary.knots = c(0.5,
## : some 'x' values beyond boundary knots may cause ill-conditioned bases
## Warning in bs(Size0Mars, degree = 3L, knots = c(2, 5), Boundary.knots = c(0.5,
## : some 'x' values beyond boundary knots may cause ill-conditioned bases
## Warning in bs(Size0Mars, degree = 3L, knots = c(2, 5), Boundary.knots = c(0.5,
## : some 'x' values beyond boundary knots may cause ill-conditioned bases
## Warning in bs(Size0Mars, degree = 3L, knots = c(2, 5), Boundary.knots = c(0.5,
## : some 'x' values beyond boundary knots may cause ill-conditioned bases
```

```
for(i in 1:nbofind){
  if (0 %in% fake_growth$Size[fake_growth$Ind==i]){
    pos <- which(fake_growth$Size[fake_growth$Ind==i]==0)
    fake_growth$Size[fake_growth$Ind==i][pos:8] <- 0
  }
}
```

```
## Warning in pos:8: numerical expression has 2 elements: only the first used
```

```
## Warning in pos:8: numerical expression has 2 elements: only the first used
```

```
ggplot(data = fake_growth, aes(year, y=Size))+
  geom_line(aes(color=as.factor(Ind)),show.legend = FALSE)+
  theme_bw()
```



Modèles par BIC

```
Survglm11 <- fitme(SurvieMars ~ 1 + poly(Size0Mars,3) + (1|year) + (1|Pop),
  family=binomial,
  data=survdata1,
  method="PQL/L")
extractBIC(Survglm11,length(survdata1))
```

```
## [1] 4380.116
```

```
Survglm12 <- fitme(SurvieMars ~ 1 + bs(Size0Mars,df=3,degree=2) + (age0|year) + (1|Pop),
  family=binomial,
  data=survdata2,
  method="PQL/L")
extractBIC(Survglm12,length(survdata2))
```

```
## [1] 2320.175
```

```
Flowglm1 <- fitme(Flowering0 ~ 1 + poly(Size0Mars,3) + poly(age0,2) + (age0|Pop),
  family=binomial,
  data=centauree_data, method="PQL/L")
extractBIC(Flowglm1,length(centauree_data))
```

```
## [1] 847.7433
```

```
Growthglm1 <- fitme(log(Size1Mars) ~ 1 + poly(log(Size0Mars),3) + poly(age0,3) + (log(Size0Mars)|year),  
                    data=growthdata)  
extractBIC(Growthglm1,length(growthdata))
```

```
## [1] 4083.058
```

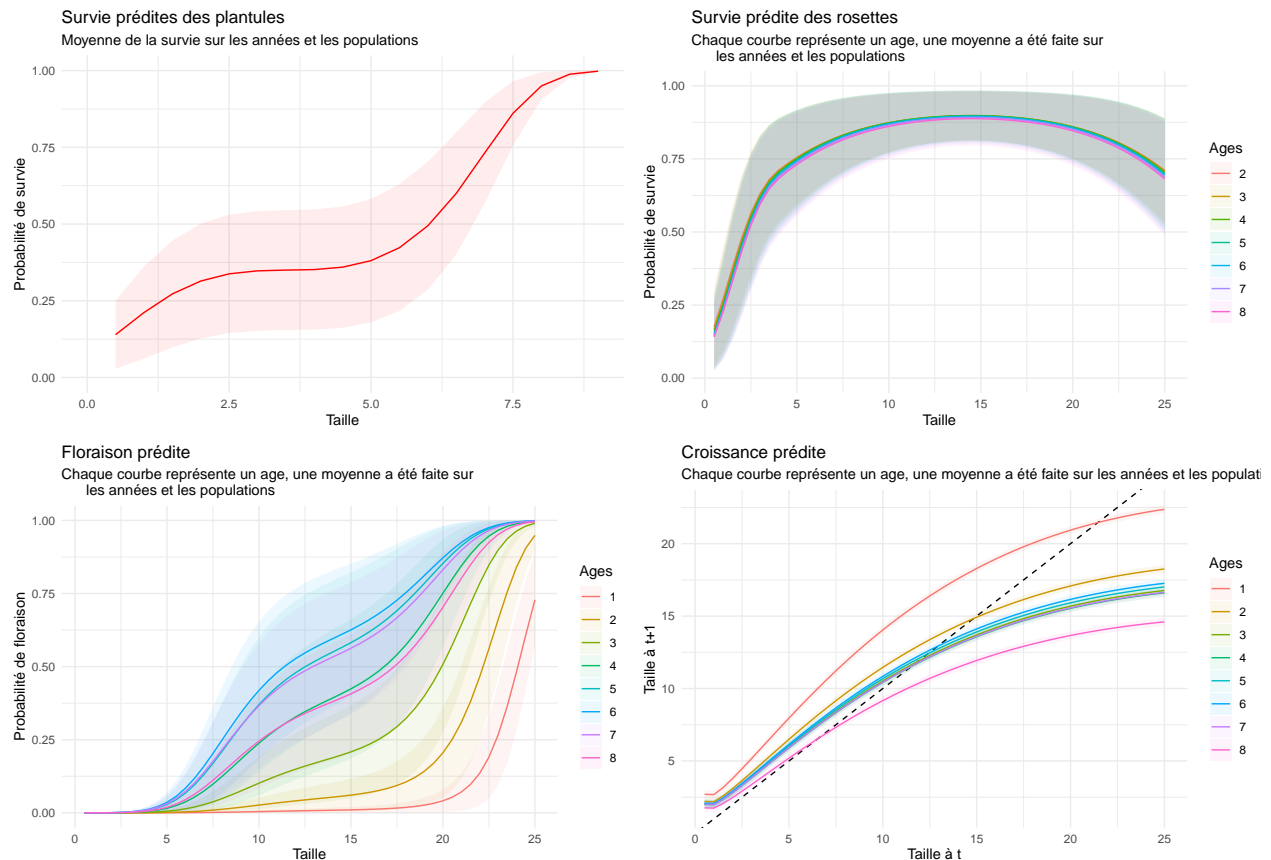
```
Pltglm1 <- fitme(Size0Mars ~ 1 + (1|year) + (1|Pop) + (1|Pop:year),  
                 data=plantule_data,  
                 family = Gamma(log))  
extractBIC(Pltglm1,length(plantule_data))
```

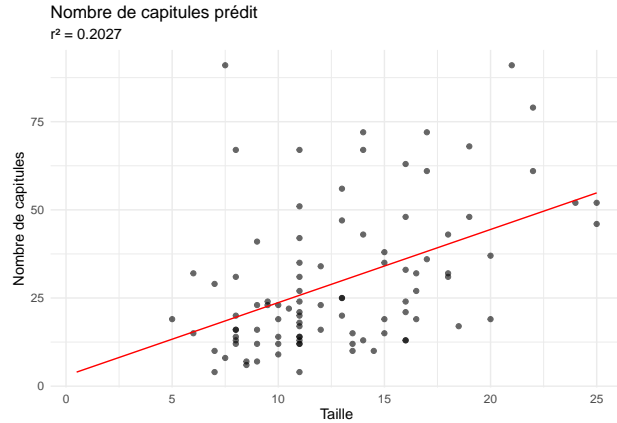
```
## [1] 8443.28
```

```
Cptlglm1 <- fitme(Cptl0 ~ 1 + Size0Mars,  
                  data = cptldata)  
extractBIC(Cptlglm1,length(cptldata))
```

```
## [1] 826.5143
```

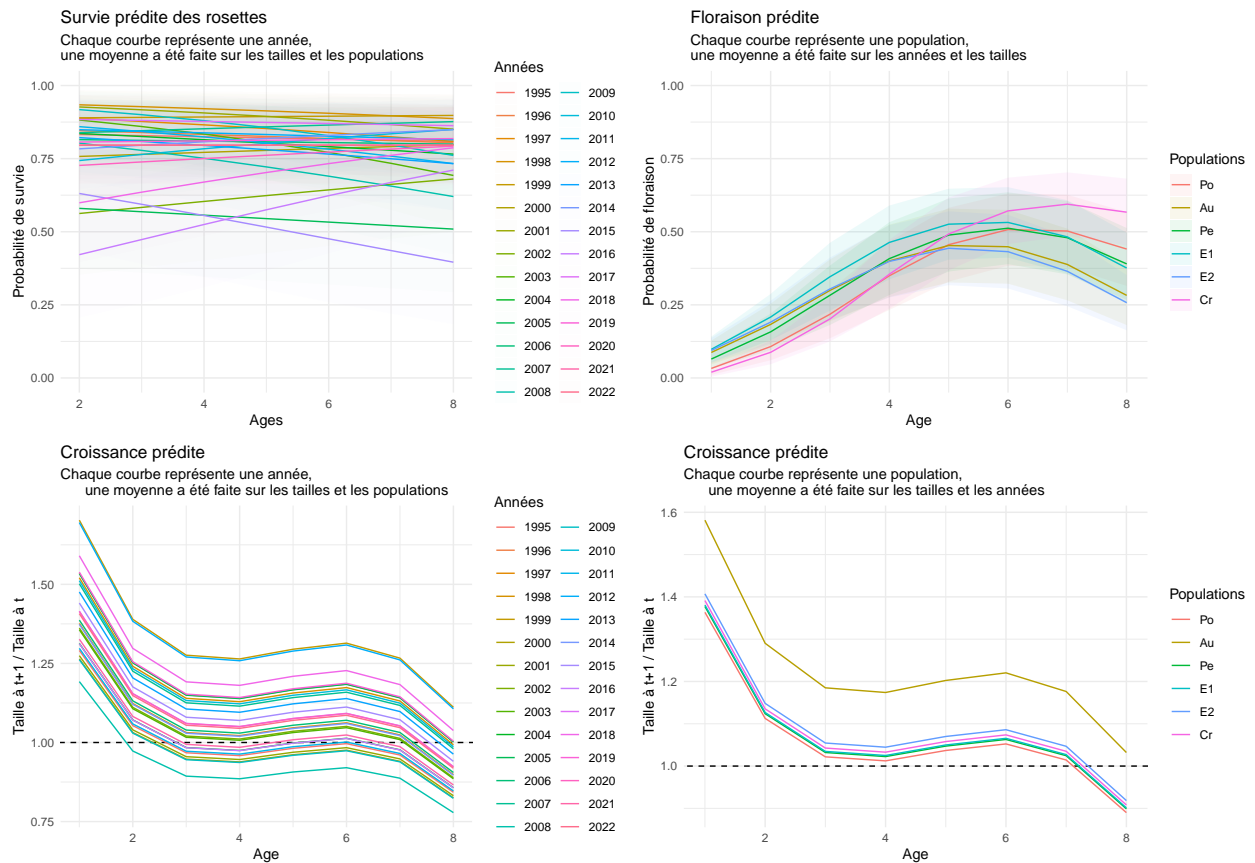
Plots en fonction de la taille





Les modèles choisis par BIC sont globalement similaires que pour ceux choisis par AIC. On constate quand même des différences pour la survie des rosettes et pour la croissance. Pour la survie des rosettes, le modèle choisi propose une diminution de la survie pour les plantes de grande taille. Cette incertitude avec le modèle AIC correspond avec l'incertitude qu'on a pour ces classes de taille qui comportent peu de données. Pour la croissance, l'effet de réduction de la croissance pour les plantes de grande taille se retrouve dans les deux modèles (AIC et BIC), cependant cet effet est moins fort pour le modèle BIC.

Plots en fonction de l'âge



La sélection par le BIC réduit le nombre de variables explicatives. On peut le voir notamment pour la survie des rosettes en fonction de l'âge. Le modèle BIC ne choisit pas une fonction de survie qui dépend de l'âge,

il y a seulement un effet aléatoire de l'âge sur l'année.

Autres plots

