

Caractériser la contribution des facteurs environnementaux et des interactions biotiques à la variabilité des assemblages benthiques

Clément VIOLET

16 juin 2020

Université de Rennes 1

Laboratoire d'Ecologie Benthique Cotière

Dr Martin Marzloff, Dr Aurélien Boyé,
Dr Olivier Gauthier, Dr Jacques Grall



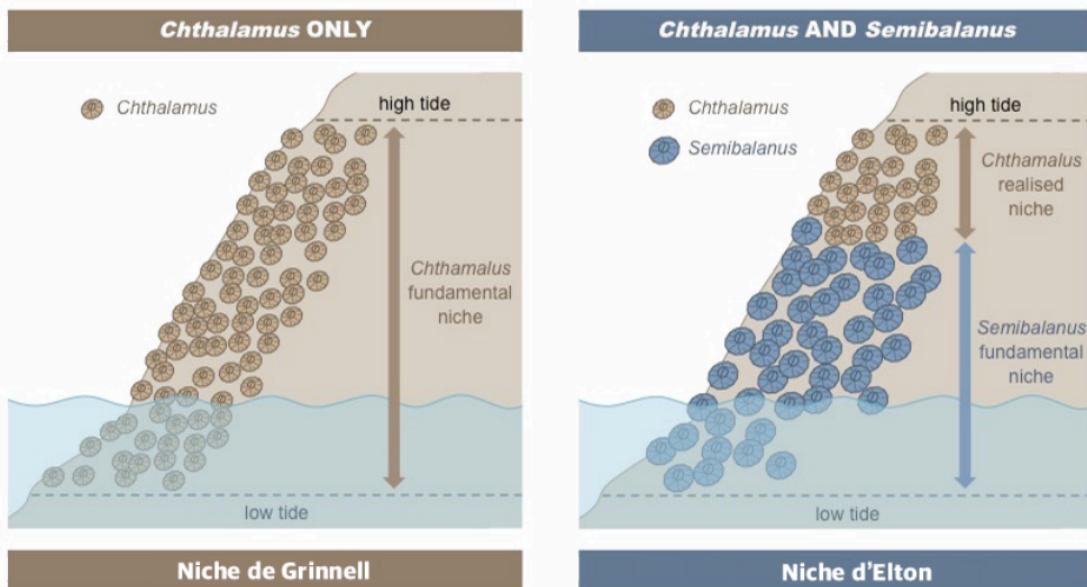
Problématique & méthodologie

Niche environnementale

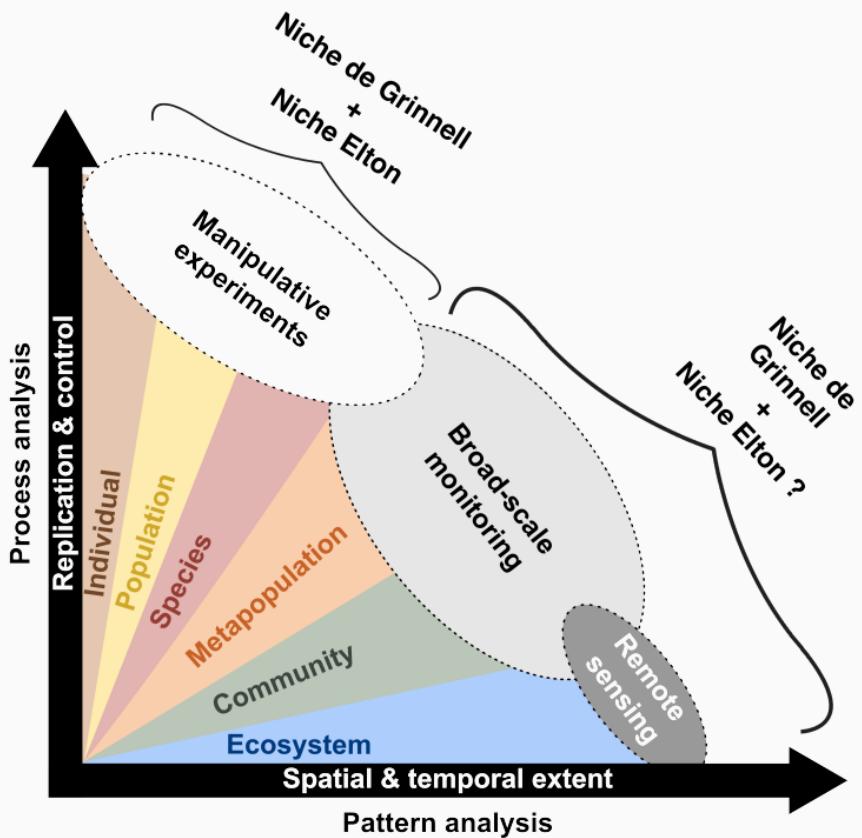
Capacité de persistance d'une espèce → niche à n-dimensions (Hutchinson, 1957)

Niche environnementale

Capacité de persistance d'une espèce → niche à n-dimensions (Hutchinson, 1957)

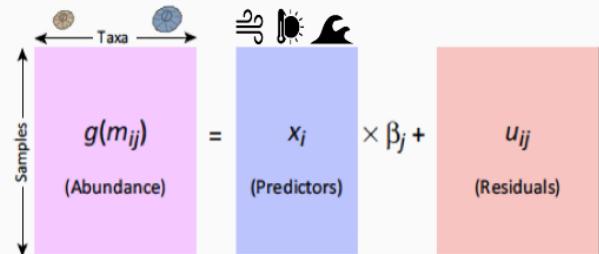


Etudier une niche environnementale



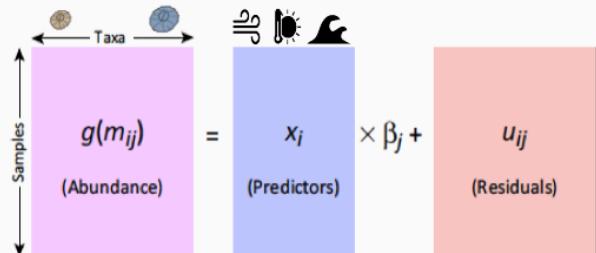
Modèles de distribution d'espèces

Species Distribution Models (SDM)

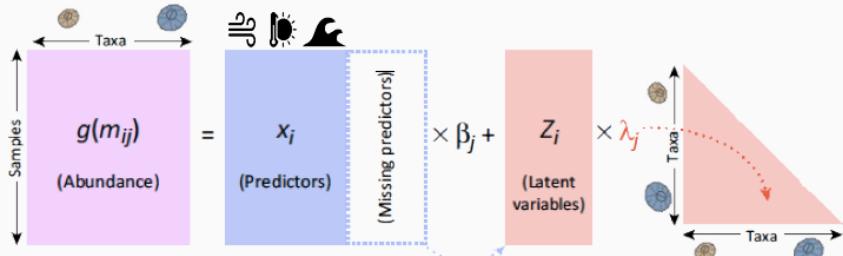


Modèles de distribution d'espèces

Species Distribution Models (SDM)



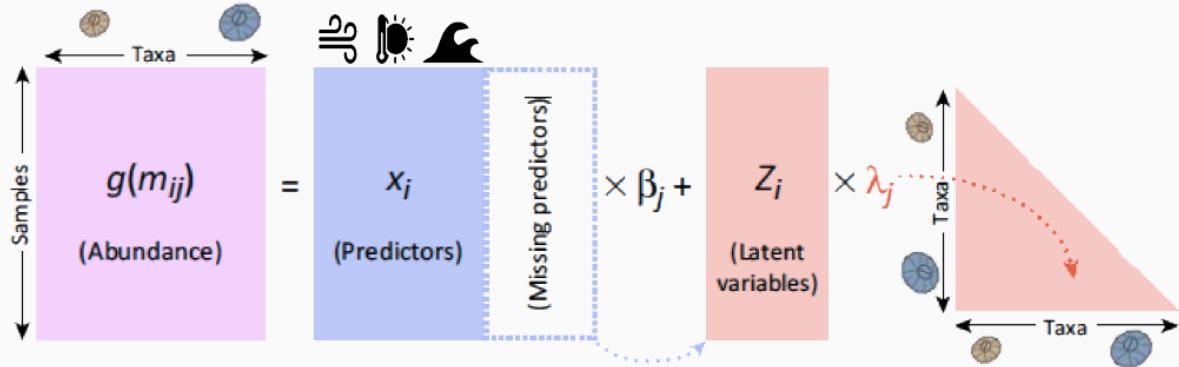
Joint Species Distribution Models (JSDM)



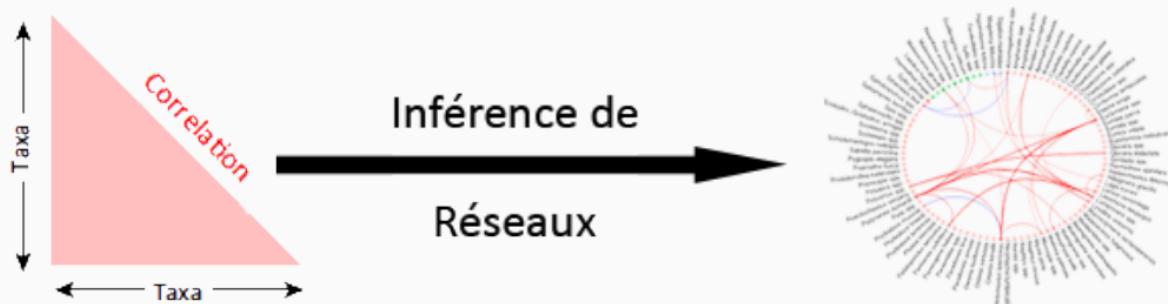
Méthodologie

3 JSDM comparés (5 variantes au total) :

Nom du modèle	Frame-work	Distribution statistique	Nombre de facteurs aléatoires	Nombre de variables latentes
HMSC _{reg}	HMSC	Poisson lognormal	0	0
HMSC _{samp}	HMSC	Poisson lognormal	1	$n_l \in \mathbb{N}^*$
HMSC _{hier}	HMSC	Poisson lognormal	3	$n_l \in \mathbb{N}^*$
PLN	PLN	Poisson lognormal	1	$n_l = 92$
GLLVM	GLLVM	Negative binomial	0	20



Réseau reconstruit par méthode *EMtree* (Momal et al., 2020).



Cas d'étude

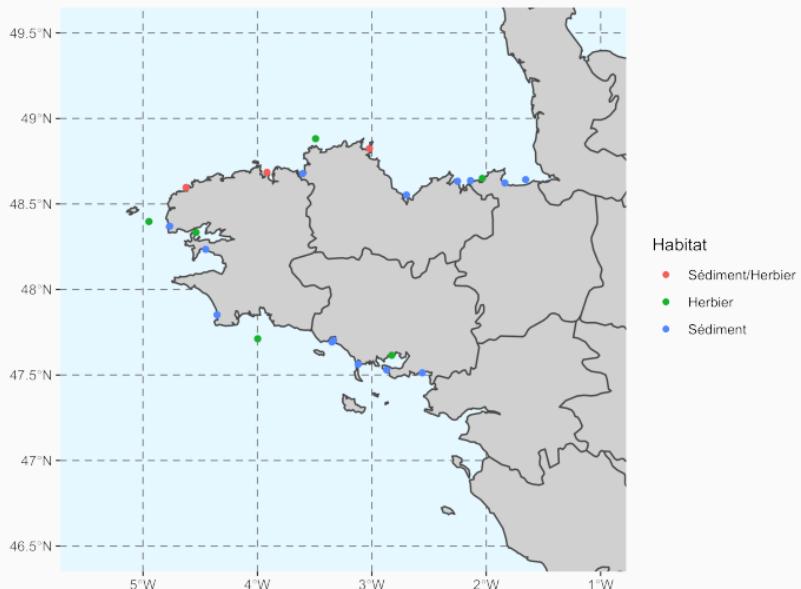
Données faunistiques issues du **RÉBENT** : (Boyé et al., 2019)

- Macrofaune benthique ($> 1\text{mm}$) → polychètes (96 taxa)
- 8 ans de suivis + 23 sites (215 unités d'échantillonnages)

Données environnementales 7 variables :

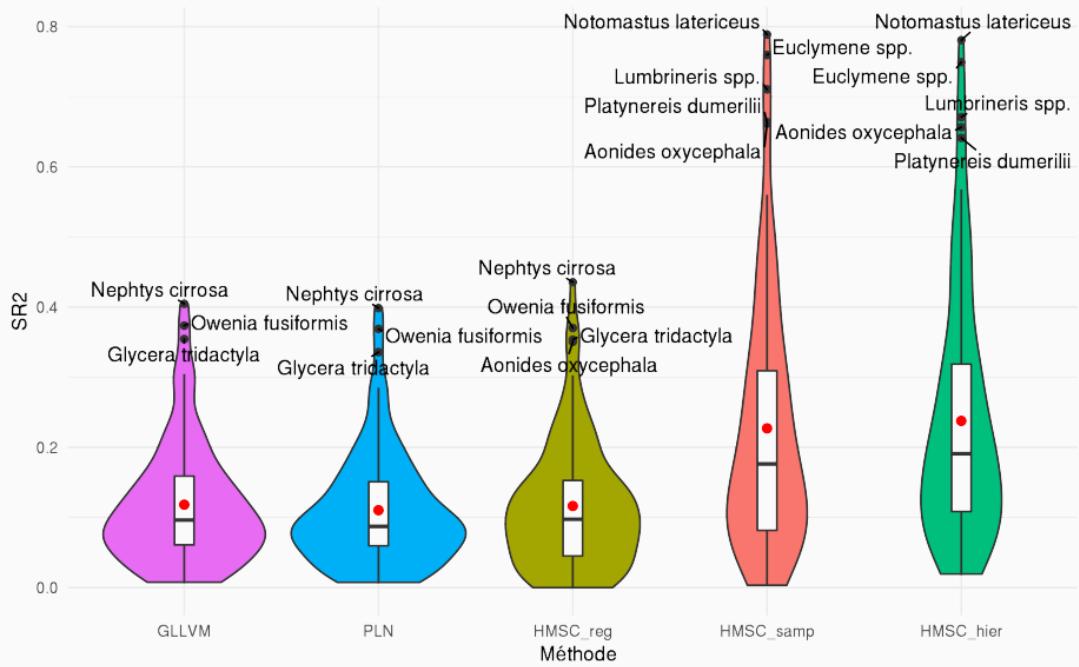


Sites échantillonés

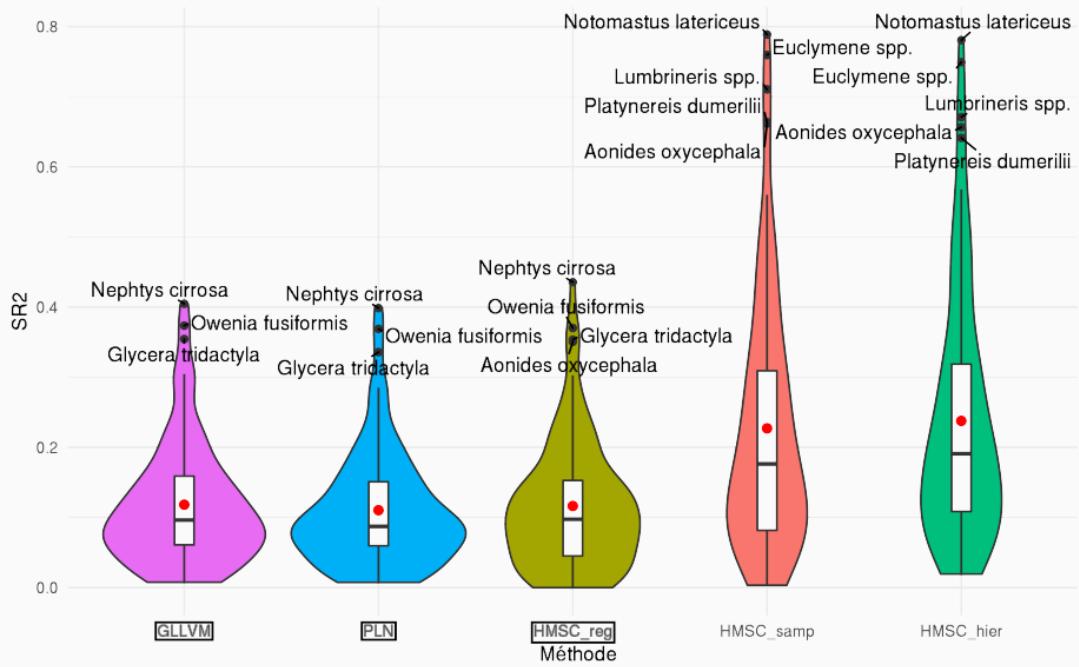


Résultats

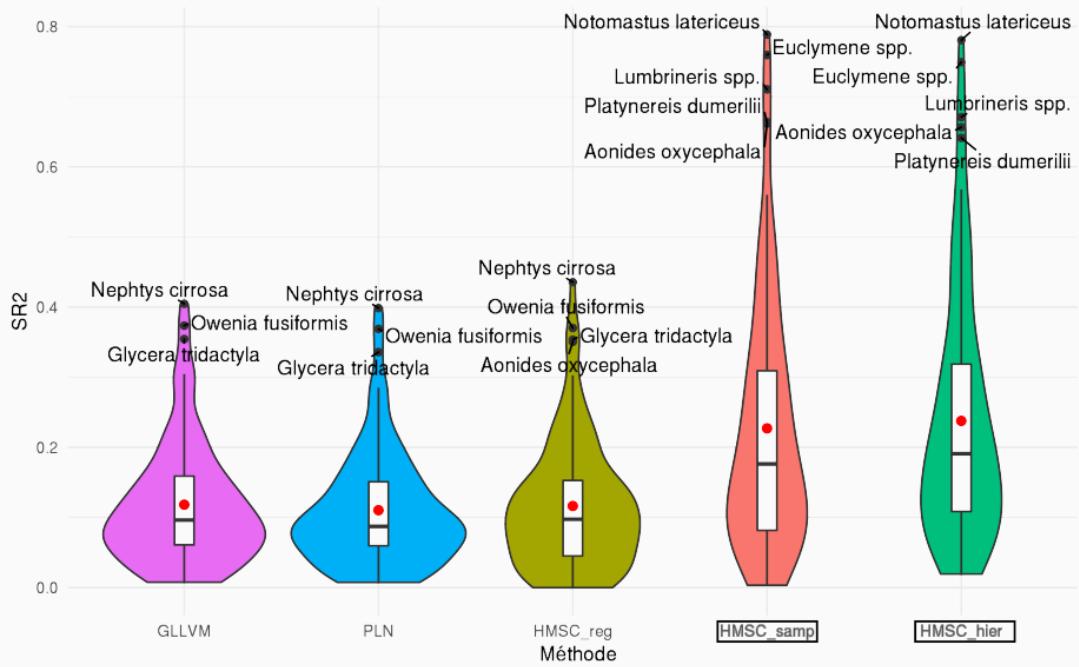
Performances à l'échelle de l'espèce



Performances à l'échelle de l'espèce



Performances à l'échelle de l'espèce

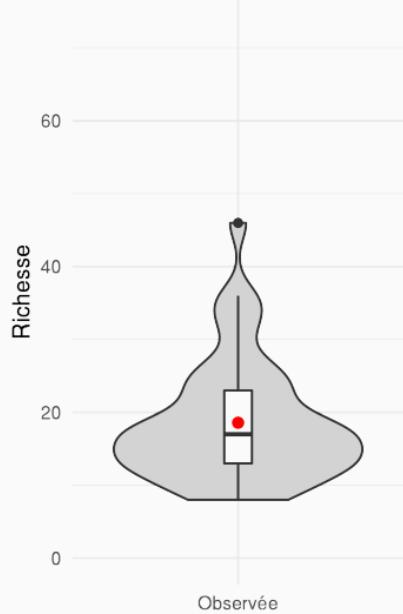


Mauvaise capacité de ces modèles à prédire l'abondance des espèces observées :

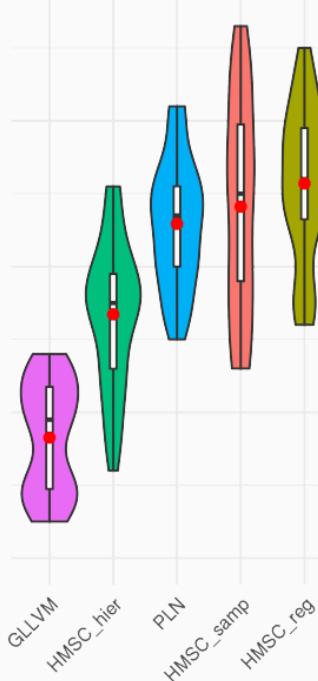
- Meilleur modèle *HMSC_hier* : $24 \leq RMSE \leq 10^4$
- Moins bon modèle *GLLVM* : $1,25 \times 10^{31} \leq RMSE \leq 1,09 \times 10^{36}$

Performances à l'échelle de l'espèce

1 Richesse observée

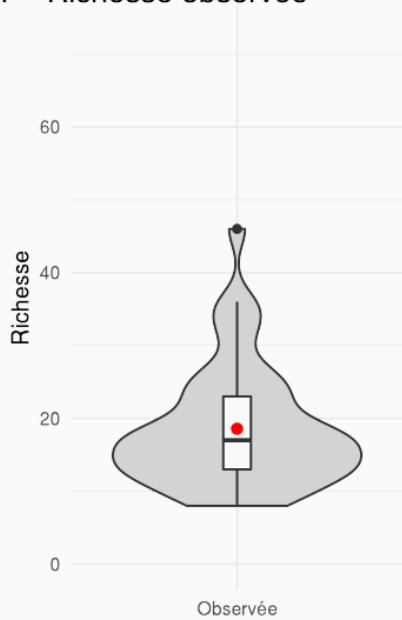


2 Abondance ≥ 1

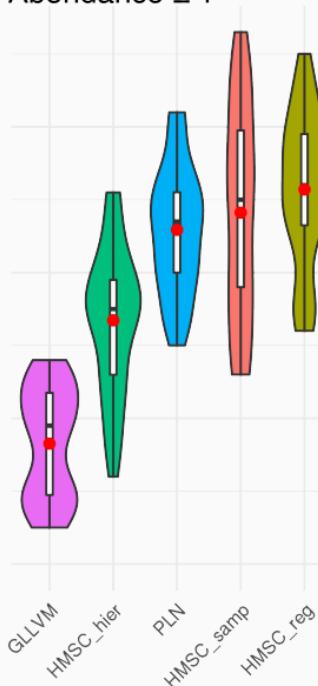


Performances à l'échelle de l'espèce

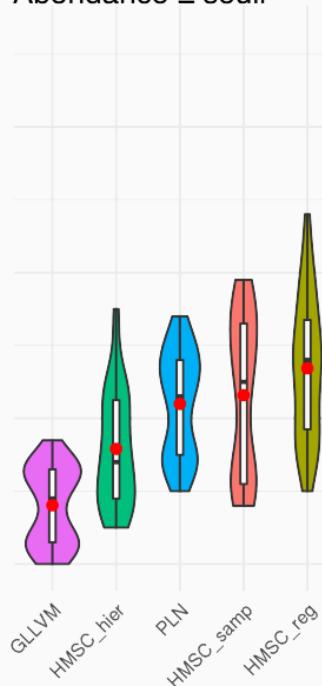
1 Richesse observée



2 Abondance ≥ 1

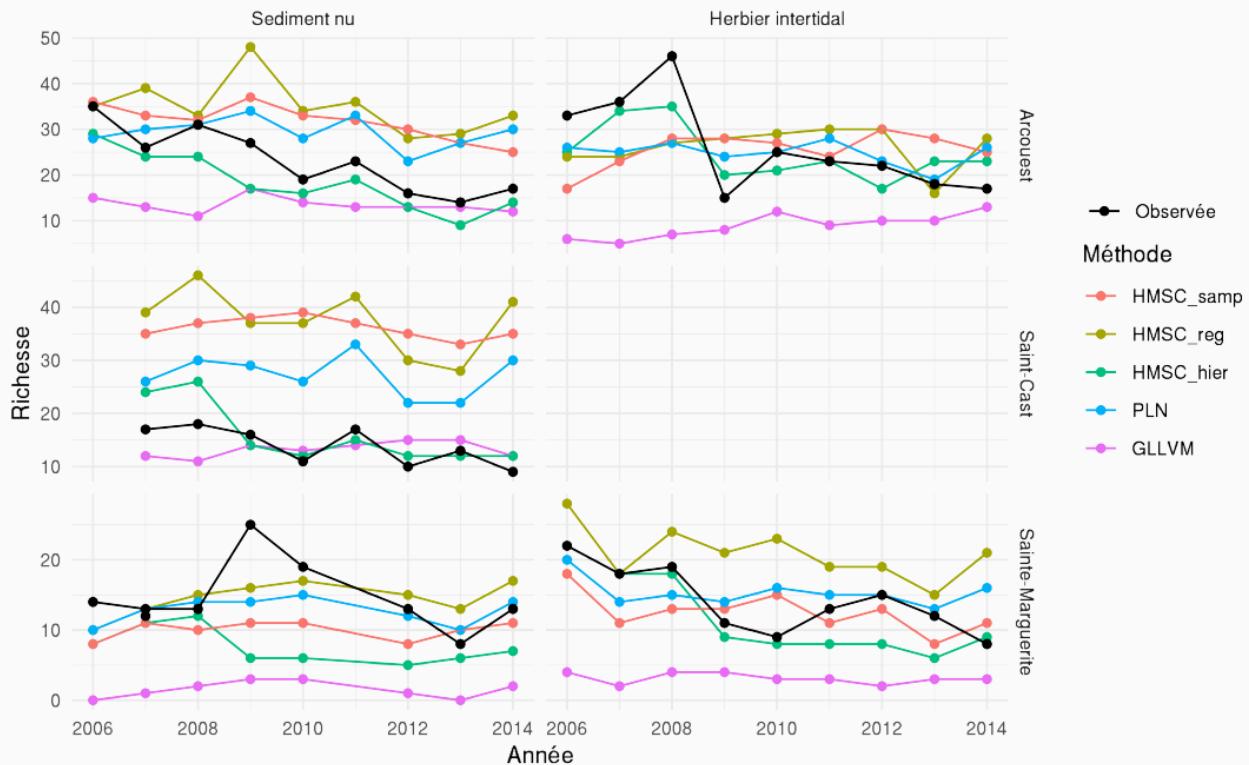


3 Abondance \geq seuil



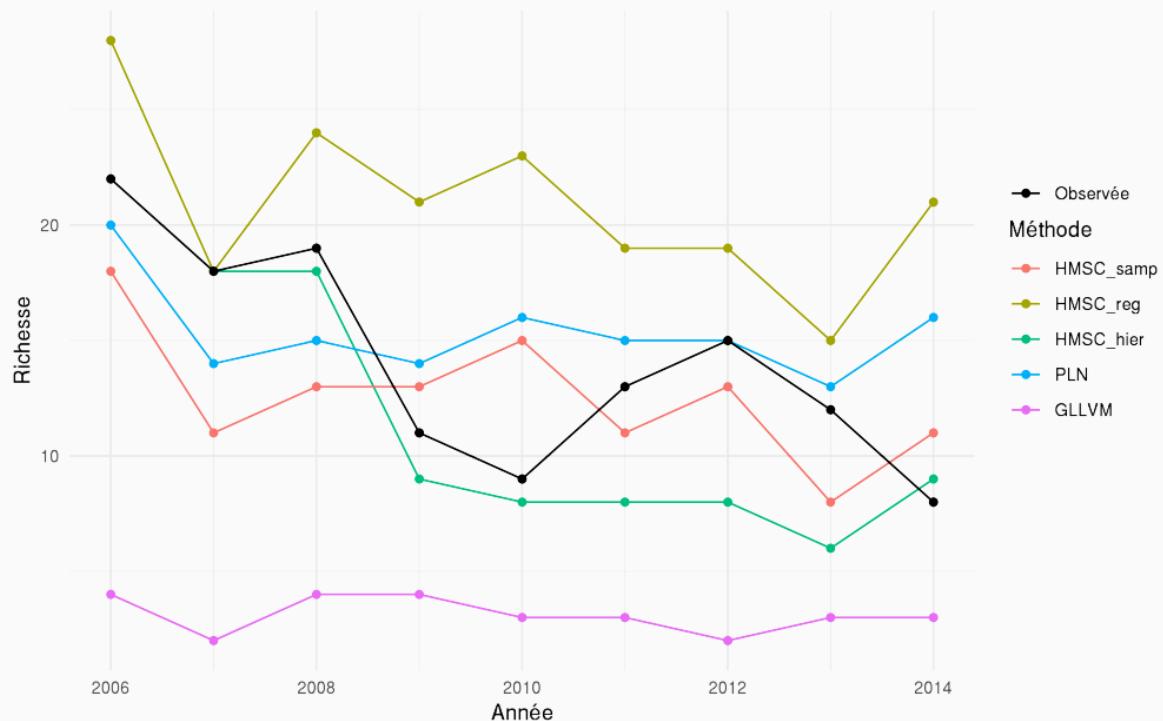
Performances à l'échelle de la communauté

Variations spatio-temporelles de la richesse spécifique

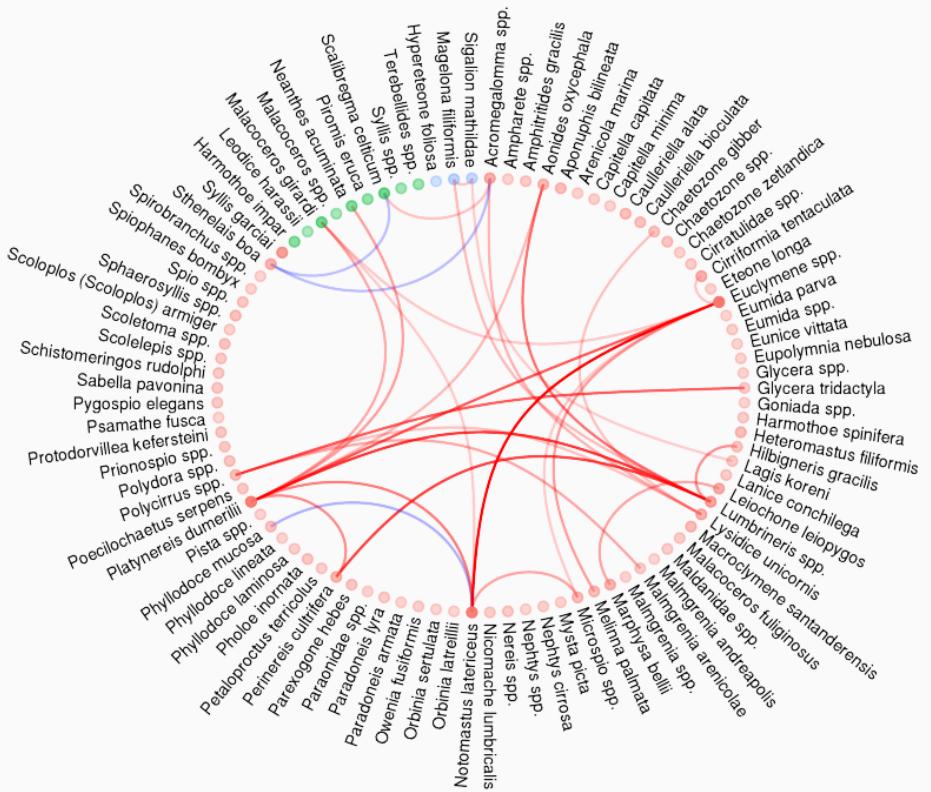


Performances à l'échelle de la communauté

Variations spatio-temporelles de la richesse spécifique dans l'herbier de Sainte-Marguerite



Réseau d'interactions reconstruit



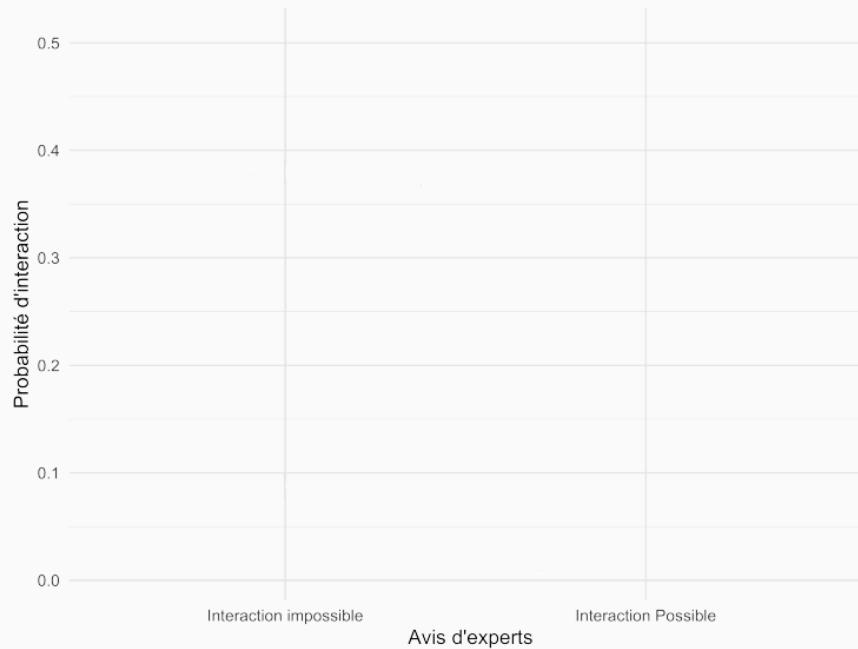
Corrélation résiduelle

- Positif
- Négatif

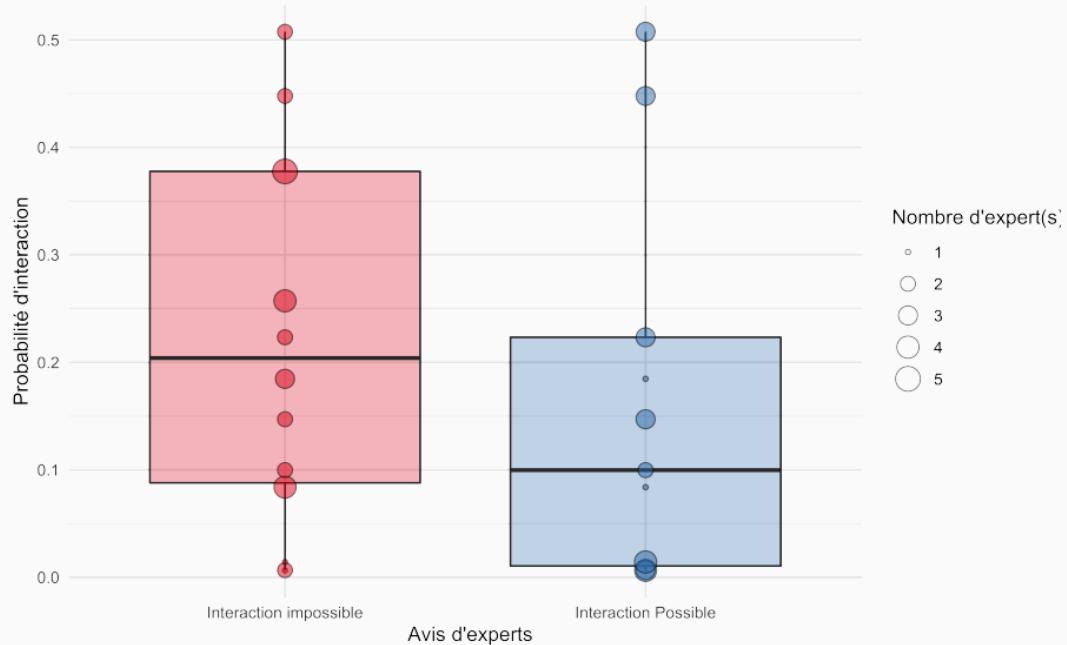
Habitat

- Sédiment/Herbier
- Herbier
- Sédiment

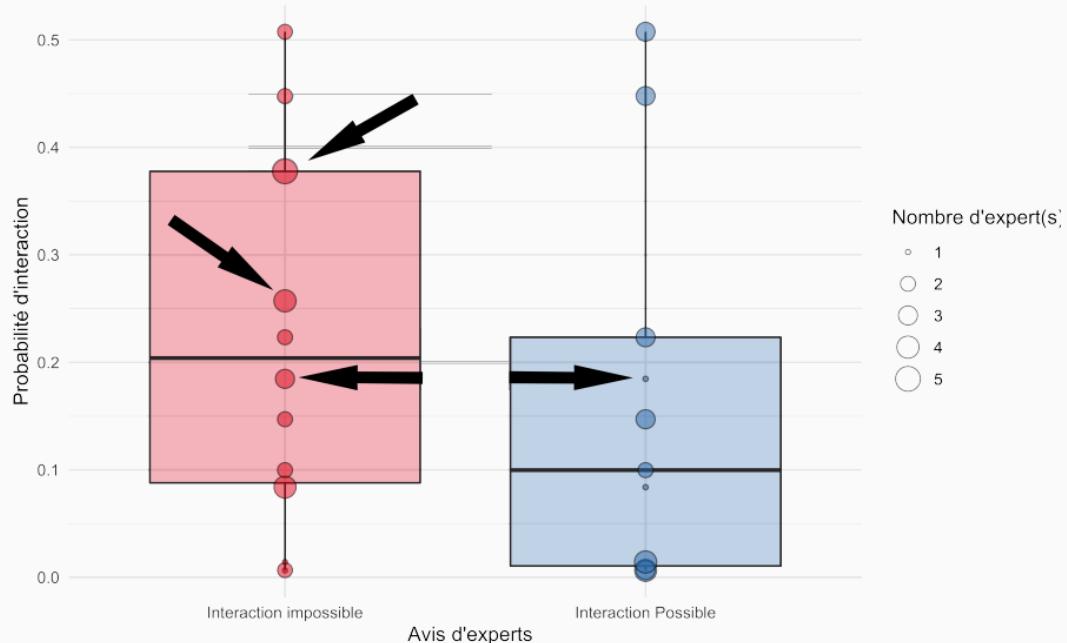
Avis experts interactions



Avis experts interactions



Avis experts interactions



Discussion & conclusion

Mauvaise prédition de l'abondance → justifie la mise en place de seuil pour prédire l'occurrence

Mauvaise prédition de l'abondance → justifie la mise en place de seuil pour prédire l'occurrence

Bonne prédition de l'occurrence → variation spatio-temporelle de la richesse spécifique

Mauvaise prédition de l'abondance → justifie la mise en place de seuil pour prédire l'occurrence

Bonne prédition de l'occurrence → variation spatio-temporelle de la richesse spécifique

Effets aléatoires ≫ Variables environnementales → transférabilité ?

Mauvaise prédition de l'abondance → justifie la mise en place de seuil pour prédire l'occurrence

Bonne prédition de l'occurrence → variation spatio-temporelle de la richesse spécifique

Effets aléatoires ≫ Variables environnementales → transférabilité ?

Difficultés pour inférer des interactions → association entre espèces ?

Améliorer les modèles :

- Utiliser des données de traits et/ou phylogénétiques

Améliorer les modèles :

- Utiliser des données de traits et/ou phylogénétiques

Validation :

- Prédiction de l'abondance ✗
- Prédiction diversité α ✓
- Prédiction diversité β ?

→ Analyses de trajectoires de communautés (De Cáceres et al., 2019)

Optimisation numérique indispensable pour des modèles plus compliqués.

Optimisation numérique indispensable pour des modèles plus compliqués.

→ Calculs réalisés par DATARMOR.

Modèle	Temps de calcul	RAM (Go)
<i>HMSC_reg</i>	25h 27 min	0,49
<i>HMSC_samp</i>	170h 56 min	0,69
<i>HMSC_hier</i>	457h 50 min	0,73
<i>PLN</i>	3 min	0,37
<i>GLLVM</i>	13h 43 min	68,1

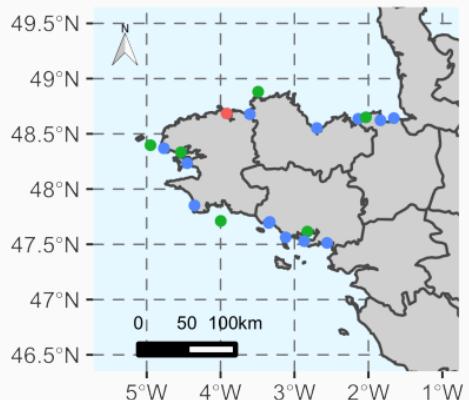
Choix du modèle : trade-off

- Performances
- Coûts de calcul
- Flexibilité

Questions

Sites échantillonnés

1 Sites entrainement



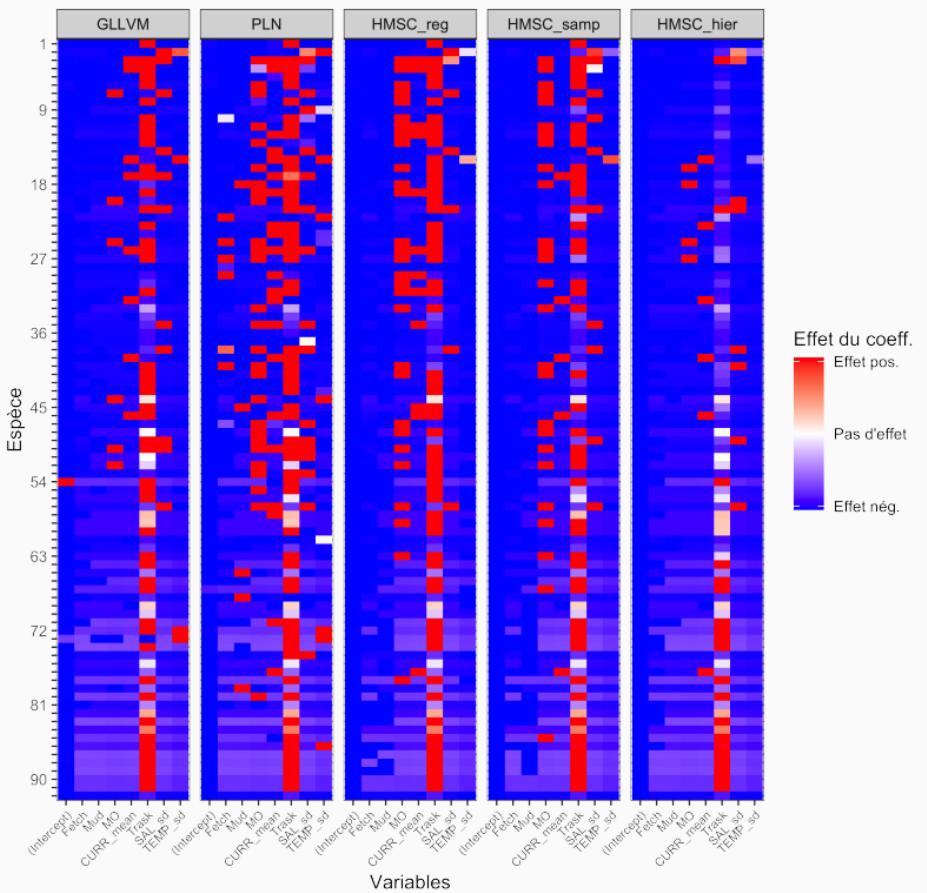
2 Sites validation



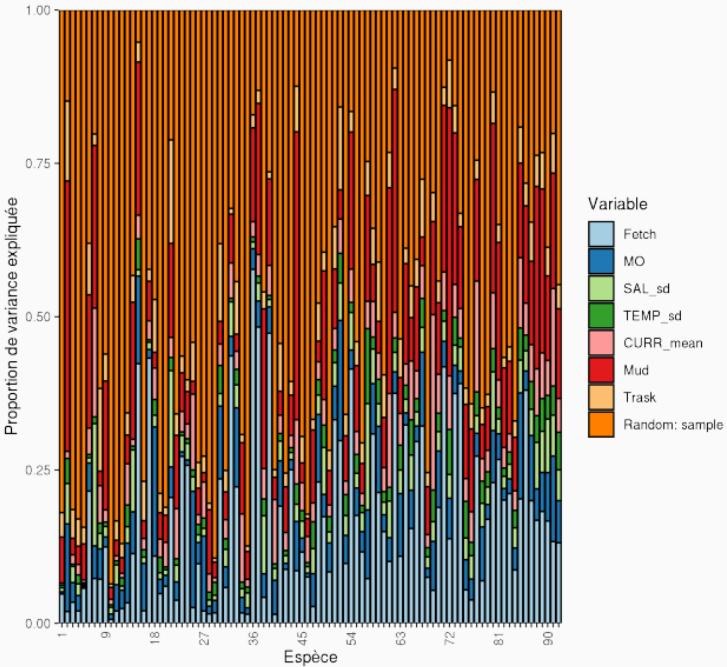
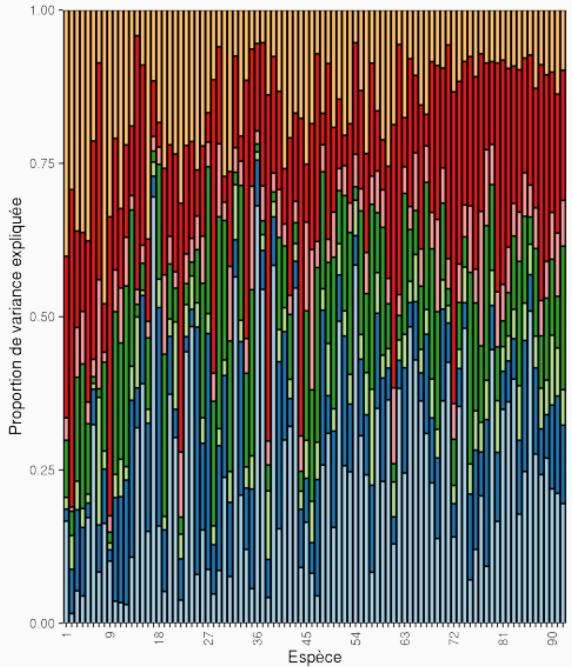
Habitat

- Sédiment/Herbier
- Herbier
- Sédiment

Effet variables environnementales

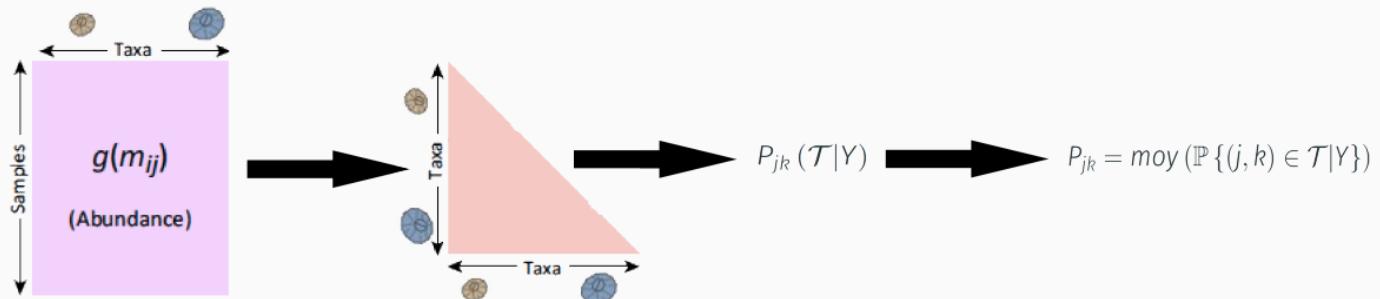


Partitionnement variance expliquée



σ^2 variables environnementales : $0,0727 \pm 0,061$

σ^2 effets aléatoires : $0,491 \pm 0,239$



Bibliographie i

- Boyé, A., Thiébaut, É., Grall, J., Legendre, P., Broudin, C., Houbin, C., Garrec, V. L., Maguer, M., Droual, G., and Gauthier, O. (2019). Trait-based approach to monitoring marine benthic data along 500 km of coastline. *Diversity and Distributions*, 25(12) :1879–1896.
- De Cáceres, M., Coll, L., Legendre, P., Allen, R. B., Wiser, S. K., Fortin, M.-J., Condit, R., and Hubbell, S. (2019). Trajectory analysis in community ecology. *Ecological Monographs*, 89(2) :e01350.
- Hutchinson, G. E. (1957). Concluding remarks. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology*, 22(0) :415–427.
- Momal, R., Robin, S., and Ambroise, C. (2020). Tree-based inference of species interaction networks from abundance data. *Methods in Ecology and Evolution*, 11(5) :621–632.