

Guide d'utilisation du programme de calculs des métriques biodiversité et ressources

Jérémie Habasque, Bastien Preuss, Romain DAVID, Yves REECHT

Résumé : Ce document vise à orienter les utilisateurs (gestionnaires et scientifiques) dans le calcul des métriques biodiversité et ressources à partir d'un jeu de données. L'interface développée permet également de générer des graphiques.

Mots-clés : métriques, script R, biodiversité, ressources, ANOVA, graphiques, gestionnaires.

Avertissement : cette documentation n'est pas à jours ; seuls quelques avertissements (ayant la même apparence que celui-ci) ont été ajoutés dans les parties modifiées du programme. Pour des informations sur les nouveautés de la plateforme, reportez vous au document annexe « Nouveautés de la plateforme PAMPA WP2 ».

le 14/09/2010

Yves REECHT

Ce document doit être cité comme suit :

*David R., Habasque J., Preuss B. Guide d'utilisation du programme de calcul des métriques biodiversité et ressources. Document interne PAMPA/WP2/Meth/4.
Version du 20/04/2010. 27 p.*

TABLE DES MATIERES

1. Introduction.....	3
2. Données analysées.....	4
a. Type de données d'entrée.....	4
b. Format des fichiers de données.....	5
3. Installation de l'environnement de travail.....	5
a. Installation de R et des packages.....	5
b. Création du dossier de travail.....	6
c. Configuration.....	7
4. Démarrage de l'application.....	8
5. Import des données.....	9
6. Sélection des données.....	11
7. Fichiers créés.....	11
8. Sélection d'espèces.....	12
9. Traitements standards.....	12
10. Benthos	15
11. Plus d'analyse.....	16
a. ANOVA (1, 2 ou 3 facteurs).....	16
b. Arbre de régression multivarié.....	17
c. Par unité d'observation	19
1) <i>Toutes espèces confondues</i>	19
2) <i>Par groupe d'espèces</i>	20
3) <i>Une espèce au choix</i>	20
d. Par groupe unité d'observation	21
i) <i>Toutes espèces confondues</i>	21
ii) <i>Toutes espèces confondues par classe de taille</i>	23
iii) <i>Une espèce au choix</i>	24
12. Outils.....	24
13. Infos.....	24
14. Quitter.....	25
15. Graphiques générés.....	25
16. Tables créées.....	26
Principe d'installation du logiciel Tinn-R.....	27

1. Introduction

Un programme de calcul d'indicateurs a été développé sous le logiciel R dans le cadre du projet PAMPA. Ce document a pour but de guider l'utilisateur (gestionnaire et scientifique) dans l'utilisation de ce programme. Le programme fonctionne sous Windows, Mac et Linux.

Le détail des métriques calculées figurent dans le document : « Métriques biodiversité et ressources PAMPA/WP2/Meth/1 ».

L'équipe coordinatrice du projet fournit aux utilisateurs :

- le programme R de calcul des métriques,
- l'aide aux utilisateur sur le formatage des données (à la fin de ce document)
- le référentiel espèces,
- les librairies R nécessaires.

L'interface est constituée d'un menu « déchirable » (comprendre « qui s'ouvre »), contenant plusieurs rubriques.

Les rubriques correspondent à différentes étapes d'analyse de vos jeux de données. Chacune d'entre elle contient des sous menus correspondant à des types d'analyses et de graphiques.

Certaines, non fonctionnelles actionneront des messages d'alerte du type « en cours de programmation ».

CALCULS INDICATEURS PAMPA

Importation Selection Traitements standards Benthos Plus d'analyses Outils Infos Quitter

Ci dessous l'aide contextuelle

ETAPE : 2 Vous pouvez restreindre votre sélection de données ou commencer les traitements standards

Suivi des opérations Fermer les graphiques

INFO : Bienvenu sur l'interface TclTK de PAMPA
C:\PAMPA existe

Patientez, chargement des données en cours ...

INFO : Les fichiers .csv:

- Contingence
- PlanEchantillonnage
- Metriques par unite d observation (UnitobsMetriques.csv)
- Metriques par unite d observation pour les especes presentes (ListeEspeciesUnitobs.csv)
- Metriques par unite d observation / espece (UnitobsEspeceMetriques.csv)
- Metriques par unite d observation / espece / classe de taille (UnitobsEspeceClassetailleMe

triques.csv)
ont ete crees

Espace de travail : C:\PAMPA
AMP considérée RUN type d'observation : TRUVC

(Type de fichier)	Source	(Nb Enr)	(Nb Champs)	Sélection
{Fichier d'unités d'observations}	unitobsGCRMNPoissons.txt	375	35	
{Fichier d'observations }	obsGCRMNPoissons.txt	12937	11	12937
{Référentiel espèce }	REFSPEOutremer.txt	3533	125	

changer les Tables Unitobs et Obs

Critères de sélection

Aucun NA

changer le Référentiel especes

Les rubriques accessibles lors du chargement de l'interface sont :

- Importation
- Sélection
- Traitement Standard (non actif pour les données LIT)
- Benthos (actif uniquement pour les données LIT)
- Plus d'analyse
- Outils
- Infos
- Quitter

Le reste de l'interface (en dessous des menus) est constituée de deux champs textes, dont une aide contextuelle en jaune et un champs d'information en blanc intitulé « suivi des opérations » qui vous permet de suivre le déroulement de vos principales analyses.

Trois boutons vous permettent d'effectuer différentes actions :

- « fermez les graphiques »
- « changer les tables unitobs et obs »
- « changer le référentiel »

Trois zones d'informations supplémentaires vous permettent en un coup d'œil de visualiser l'état du jeux de données que vous traitez.

- Une zone texte indiquant l'emplacement de votre zone de travail, l'AMP considérée et le type d'observation en cours de traitement
- Un tableau présentant les fichiers observation, unités d'observation et référentiel que vous avez saisis avec leurs noms, leurs nombre de champs et d'enregistrements.

Espace de travail : C:\PAMPA				
AMP considérée RUN type d'observation : TRUWC				
{Type de fichier}	Source	{Nb Enr}	{Nb Champs}	Sélection
{Fichier d'unités d'observations}	unitobsGCRMNPoissons.txt	375	35	
{Fichier d'observations }	obsGCRMNPoissons.txt	12937	11	12937
{Référentiel espèce }	REFSPEOutremer.txt	3533	125	

- Une zone « critère de sélection » qui affiche le critère que vous avez sélectionné le cas échéant et le nombre d'enregistrements restant dans votre fichier d'observations.

Critères de sélection	
Aucun	NA

2. Données analysées

a. Type de données d'entrée

5 types de données peuvent être analysés par les routines R :

- UVC
- Pêche (Trémail, chasse au fusil, ligne avec et sans canne)
- Vidéo sous-marine rotative (STAVIRO)
- LIT
- Photo recouvrement (pas encore opérationnel)

b. Format des fichiers de données

Quelque soit le type de données traitées, l'information doit être répartie en 3 fichiers **texte** (.txt) distincts :

- Table contenant les unités d'observation,
- Table contenant les observations (comptages, captures, etc....),
- Le référentiel espèces (Méditerranée ou Outre-Mer) fourni par l'équipe coordinatrice.

Conversion d'un fichier XLS en TXT

Menu Fichier > Enregistrer sous...

Type de fichier : « Texte (séparateur : tabulation) (*.txt) »

Cliquer sur « Oui » lorsque une fenêtre s'affiche

Le format d'entrée des données pour exécuter les programmes de calcul est standardisé (Cf. Formats de données – PAMPA/WP2/Meth/3).

Des problèmes peuvent se poser lorsque le format des données n'est pas respecté. Ceux ci sont détaillés en fin de document

Quelques rappels importants :

Le séparateur décimal des fichiers texte est le point.

Le séparateur de champ des fichiers texte est la tabulation.

Les fichiers doivent être préalablement inspectés pour ne contenir ni espaces (à remplacer par des underscores), ni « ; ».

3. Installation de l'environnement de travail

a. Installation de R et des packages

La nouvelle version de la plateforme vous proposera automatiquement l'installation des *packages* R manquants. Si un *package* ne peut être installé (par exemple en raison de l'absence d'une connexion internet active, ou manque de droits d'administration), la plateforme ne pourra pas se lancer et vous invitera à procéder à une installation manuelle.

Adresse Internet de téléchargement du logiciel : <http://cran.cict.fr/>

Version actuelle utilisée : 2.10.1

Pour chaque système d'exploitation (Windows, Mac, Linux), une version correspondante est proposée.

Une fois R installé, les packages du répertoire « library » (fourni par l'équipe coordinatrice) doivent être copiés dans le répertoire « C:\Program Files\R\R-2.10.1\library » de votre ordinateur.

Vous devez avoir des droits administrateurs pour installer correctement les packages et pouvoir faire tourner les scripts.

Les packages nécessaires sont :

Librairie graphique

- TCL/TK : qui permet de créer des objets et commandes graphiques.
- tkrplot : affichage de graphiques R dans une interface graphique tcl/tk.

Packages de calculs des indices de diversité taxonomique

- VEGAN et MASS: contiennent des fonctions d'analyse de la diversité, de la richesse spécifique, etc.

Package création d'arbre de régression multivariée

- Rpart et mvpart.

Package d'analyse statistique

- Multcomp (comparaisons multiples).
- gamlss : utilisé ici pour vérifier la qualité d'ajustement d'une loi de distribution aux données.

Package de cartographie

- Maps,
- Maptools.

Une fois ceci effectué, R est prêt pour exécuter les calculs de métriques.

Vous pourrez ultérieurement mettre à jour les packages à partir des miroirs du CRAN

b. Création du dossier de travail

Pour faciliter votre travail, il est préférable de créer un dossier dans lequel tout le travail à venir sera stocké.

L'espace de travail se trouvera à la racine de votre ordinateur, sur le disque C:/ Créez le en faisant attention de respecter la casse (majuscules et minuscules) en le nommant « PAMPA »

Le répertoire sera donc appelé « C:/PAMPA »

Installer un package depuis la console R

Menu Packages > Installer le(s) package(s) ...

Choisir *France(Lyon)* ou *France(Paris)* dans la 1ère fenêtre puis le package souhaité dans la 2^{ème} fenêtre

L'espace de travail choisi doit contenir le répertoire « FichiersSortie » où seront automatiquement enregistrés les résultats.

Les fichiers de données (unités d'observation, observation et référentiel espèce) seront stockés dans un dossier « Data » lui même placé dans « C:/PAMPA »
Les données seront donc placées dans « C:/PAMPA /Data» pour le programme.

Le fichiers exécutables du programme seront placés dans un dossier appelé Exec.
Les scripts du WP2 seront rangés dans le dossier Exec contenu dans C:/PAMPA.

- Créez le dossier Exec dans C:/PAMPA /
- Placez y les fichiers reçus dans « PampaWP2.zip que vous aurez préalablement décompressés
- Placez y également les dossiers Doc, Img et Lib (contenus dans le dossier zippé), ceux ci pourront contenir les documents liés au WP2, les images contenues dans l'interface et les librairies à installer comme indiqué au début de l'aide utilisateur.

c. Configuration

Le dossier Exec contient un fichier config.r

Celui ci a pour objectif de stocker et de pouvoir changer à un endroit unique les valeurs qui permettent au programme de fonctionner convenablement.

En paramétrant ce fichier, vous pourrez recharger vos données en un clic à chaque nouvelle analyse !!

Il est conseillé afin de recharger les données en un seul clic, d'indiquer au programme le nom de vos fichiers d'unité d'observation, d'observation et de référentiel.

Dans le fichier config, changer les valeurs correspondante comme indiqué ci dessous, en y mettant vos noms de ficher (en les respectant scrupuleusement !)

```
#noms de fichiers utilisés par le chargement automatique

fileName1 = "unitobsGCRMNPoissons.txt"
fileName2 = "obsGCRMNPoissons.txt"
fileName3 = "REFSPEOutremer.txt"
```

Mettez aussi à jour les indicatifs de votre AMP (en respectant le format du champs « site » de unité d'observation.

```
SiteEtudie="RUN"
```

Vous pouvez aussi conserver en commentaire (avec les # devant), les noms des autres fichiers à utiliser à un autre moment

```
## lignes temporaires pour copier/coller
```

```
## fileName1 = "unitobsGCRMNBenthos.txt"
## fileName2 = "obsGCRMNBenthos.txt"

## fileName1 = "unitObsMerra.txt"
## fileName2 = "obsMerra.txt"

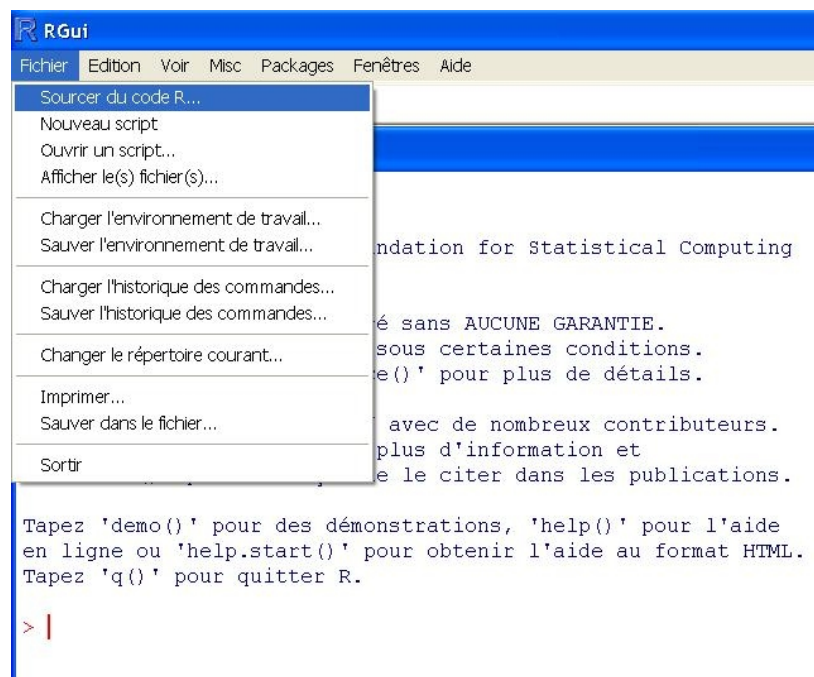
## fileName3 = "REFSPEMed.txt"
```

4. Démarrage de l'application

Si vous avez installé la plateforme à l'aide du nouvel installateur (Windows uniquement), vous disposez maintenant de raccourcis dans le menu « démarrer » et éventuellement sur le bureau et la barre de lancement rapide, si vous avez coché les options à l'installation. Ce raccourci lancera la version de R enregistrée dans le registre de Windows ainsi que l'interface graphique.

Les méthodes ci-dessous restent toutefois parfaitement valables.

- Ouvrir le logiciel R.
- Menu « Fichier » cliquez sur « Sourcer du code R... ».
- Sélectionner le fichier « Global.r »



Une fois cette opération réalisée, le programme de calcul est exécuté sur votre ordinateur, la fenêtre suivante s'affiche à l'écran :

Vous pouvez aussi copier coller dans votre fenêtre R l'instruction suivante :

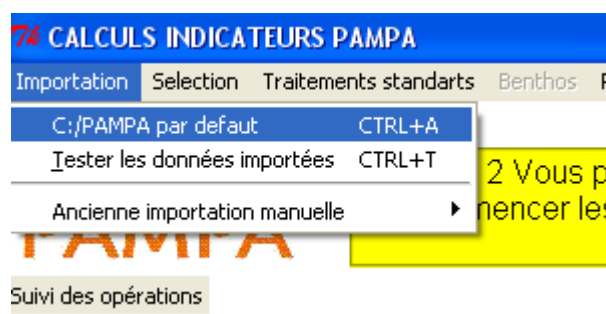
```
source("C:/PAMPA/Exec/Global.r")
```

Vous retrouverez cette instruction dans le fichier exec.r

5. Import des données

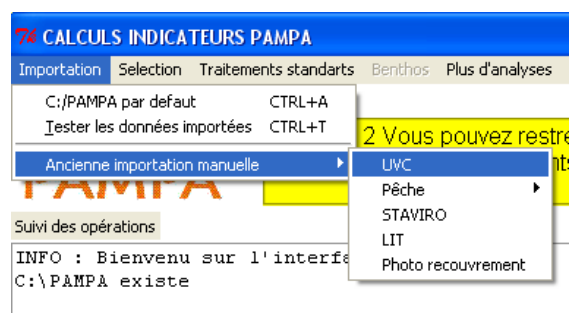
L'Import des données peut être refait en un clic à tout moment, il écrasera les sélections que vous avez faites en rechargeant l'intégralité de votre jeux de données.

Si vous avez correctement renseigné le fichier « config.r », l'importation se fera à chaque fois que vous actionnerez les touches (CTRL+A) ou que vous cliquerez sur le bouton « c:/PAMPA par défaut » dans le menu « importation »



Ce mode d'importation a été mis en place pour vous éviter de recharger les données et de devoir rechercher manuellement les fichiers à chaque nouvelle analyse.

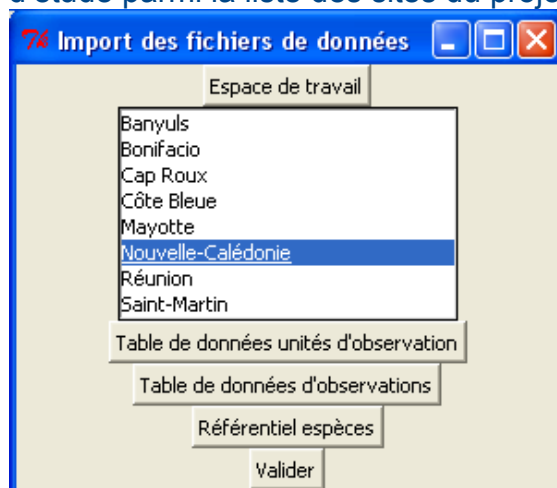
L'ancien mode d'importation a été conservé, **même si celui ci semble encore causer quelques problèmes :**



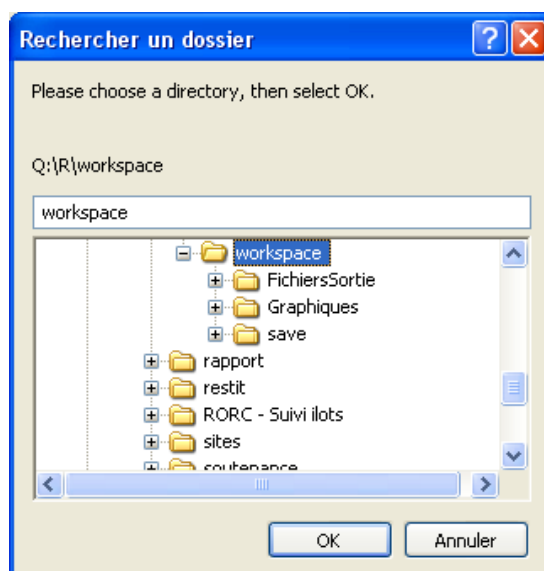
Sélectionner le type de données à importer.

La fenêtre suivante apparaît.

Sélectionner votre site d'étude parmi la liste des sites du projet PAMPA.



Choisissez l'espace de travail où les fichiers de sortie et les graphiques seront créés.



Il est conseillé lors de cette importation manuelle de conserver les fichiers et le dossier de travail à l'emplacement C:/PAMPA

Sélectionner successivement les trois tables contenant vos données au format « .txt » :

- table unités d'observation,
- table observations,
- le référentiel espèces.

Lors de l'import la routine vérifie que les fichiers ne contiennent qu'un seul type d'observation (pour la pêche un seul engin à la fois peut-être traité).

Dans certains fichiers de données, pour certaines observations, le nombre d'individus est nul alors ces observations seront supprimées.

Les tables de base et leurs métriques sont calculées lors de cette étape d'importation.

Les tables de base seront aussi recalculées à chaque fois que vous effectuerez une sélection.

Attention : Le temps de calcul et de création de ces fichiers peut, selon la taille de vos fichiers sources, durer quelques secondes. Le message suivant sur l'interface vous indique que l'importation n'est pas terminée :

« Patientez, chargement des données en cours ... »

l'information apparaît, vous pouvez commencer votre prospection :

Patientez, chargement des données en cours ...

INFO : Les fichiers .csv:

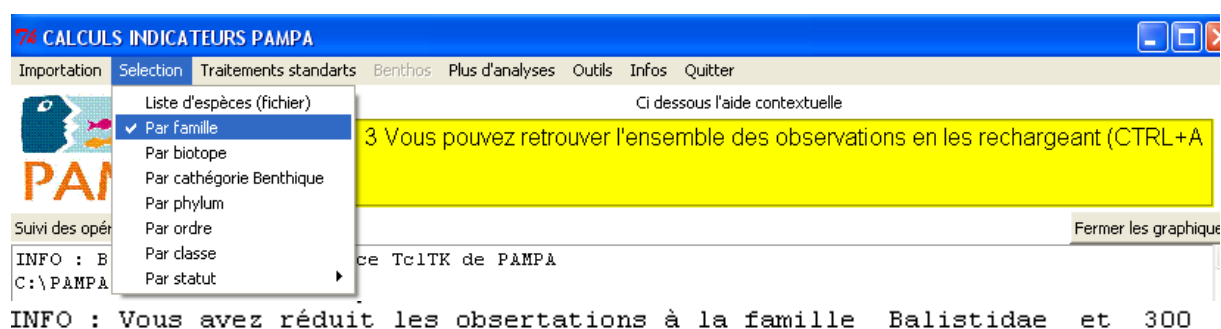
- Contingence
- PlanEchantillonnage
- Metriques par unite d observation (UnitobsMetriques.csv)
- Metriques par unite d observation pour les especes presentes (ListeEspecesUnitobs.csv)
- Metriques par unite d observation / espece (UnitobsEspeceMetriques.csv)
- Metriques par unite d observation / espece / classe de taille (UnitobsEspeceClassetailleMetriques.csv)

ont ete crees

6. Sélection des données

Afin de faciliter le travail d'analyse en ne considérant qu'une partie des données, un menu Sélection été créé. Il pourra être enrichi de critères supplémentaires à la demande des partenaires .

Si vous souhaitez faire une sélection sur un critère, veillez à ce que ce champ soit renseigné de manière systématique dans vos fichiers de données (espèces, observations et unités d'observation) :



7. Fichiers créés

Les noms des fichiers de base créés automatiquement sont affichés dans la fenêtre d'information :

Les fichiers .csv:

- Contingence
- PlanEchantillonnage
- Metriques par unite d observation (UnitobsMetriques.csv)
-

- Metriques par unite d observation pour les especes presentes (ListeEspecesUnitobs.csv)
- Metriques par unite d observation / espece (UnitobsEspeceMetriques.csv)
- Metriques par unite d observation / espece / classe de taille (UnitobsEspeceClassetailleMetriques.csv)

Ont été créés

Ces fichiers sont stockés dans le répertoire « FichiersSortie » au format CSV.

Ouvrir un fichier CSV sous Excel

Sélectionnez la colonne A (où il y a toutes les données séparées par des virgules).

Cliquer dans la barre d'outil sur Données > Convertir > Délimité + suivant > Cocher "virgules" pour le type de séparateur > Terminer.

8. Sélection d'espèces

Permet de charger un fichier espèces spécifique au site étudié ou à l'analyse souhaitée.

Le fichier doit avoir le même format que le référentiel espèces.

Le référentiel espèces importé au départ est écrasé par le nouveau fichier choisi.

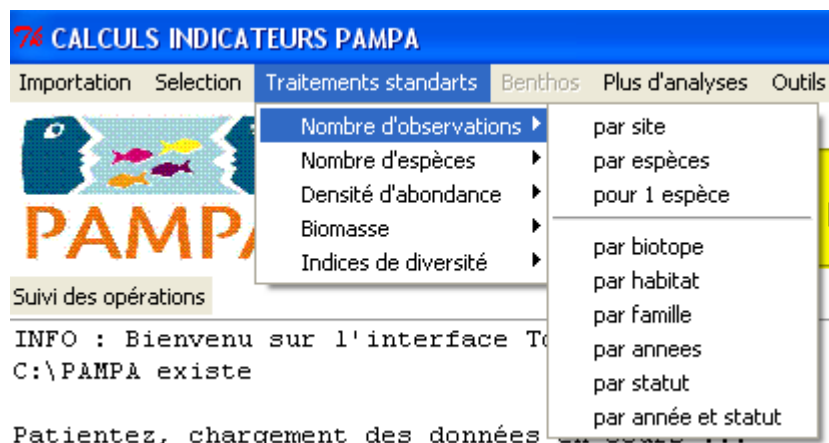
Les tables de base (par unité d'observation) sont automatiquement recalculées.

ATTENTION : vous ne pouvez pas faire cette sélection après avoir fait d'autres types de sélection !

9. Traitements standards

Cette partie de la documentation n'est pas à jour (le menu s'appelle maintenant « Graphiques »).

Par ailleurs, une refonte complète du système de production des graphiques est en cours. Pour plus d'informations sur le nouveau système mis en place, voir le document annexe « Nouveautés de la plateforme PAMPA WP2 ».



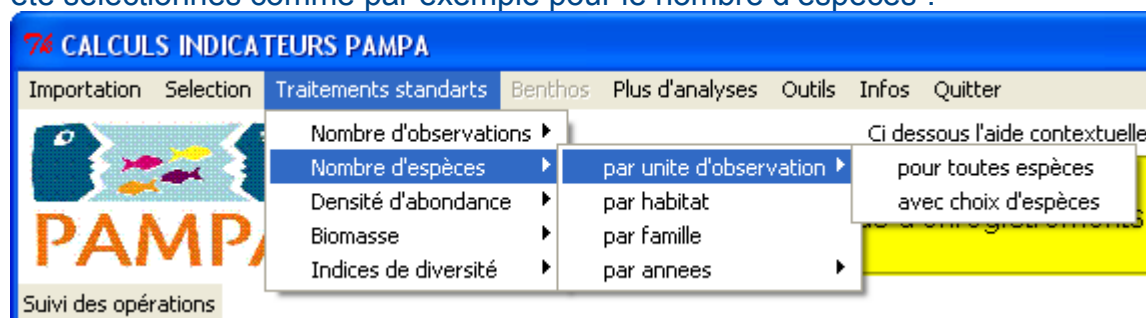
La plupart des traitements standards pourraient être produits avec « plus d'analyse », mais les plus intéressants ont été sélectionnés dans ce sous menu et l'ergonomie des graphiques a été améliorée (ordre de tris, format du graphique), de manière à pouvoir en améliorer l'interprétation.

REMARQUE : lorsque certains graphiques sont trop chargés, vous pouvez les améliorer vous même en opérant une sélection sur le fichier référentiel espèces (menu sélection ou directement dans config.r)

Ce menu de traitements standards se divise en 5 rubriques ou sous menus :

- Nombres d'observations
- Nombres d'espèces
- Densité d'abondance
- Biomasse
- Indices de diversité

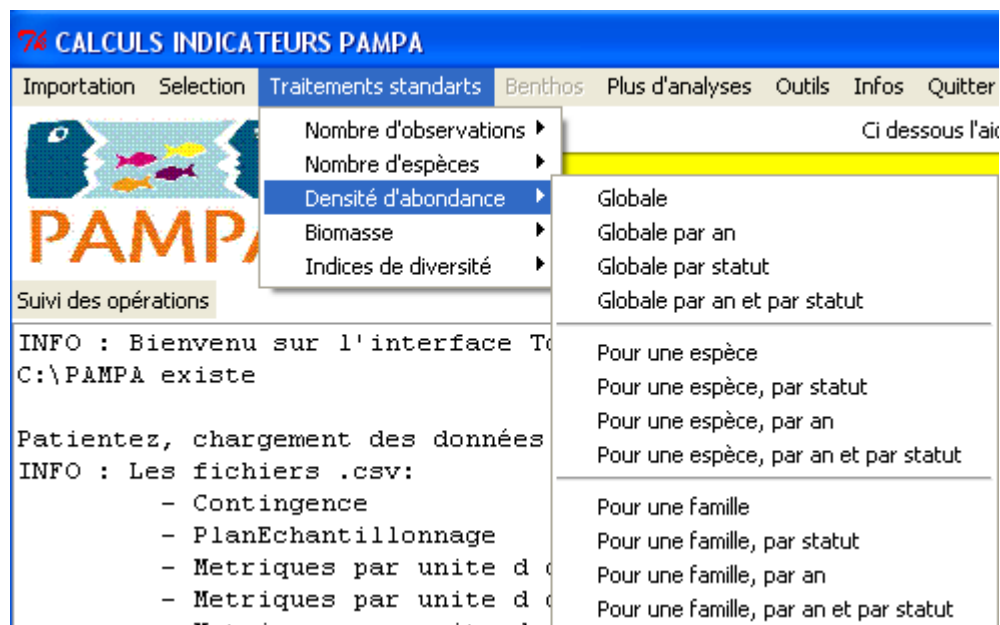
Pour chacune de ces entrées, un certain nombre de facteurs de regroupements ont été sélectionnés comme par exemple pour le nombre d'espèces :



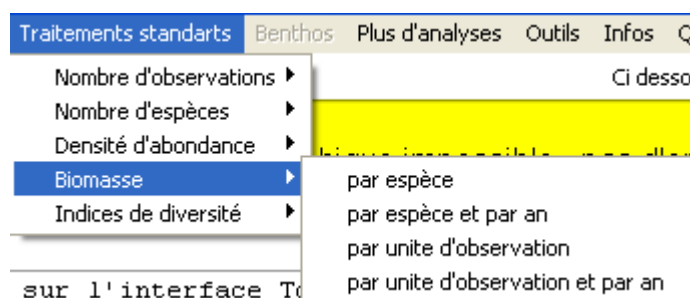
chacun de ces facteurs de regroupements permet de construire un ou plusieurs graphiques qui prendront en compte la sélection précédemment opérée sur le jeux de données. Certains facteurs de regroupement (peu pour le moment) permettent de prendre en compte soit toutes les espèces du jeux de donné sélectionné, soit juste une ou plusieurs.

Pour mettre des effets et des évolutions en évidence, il est tout de même conseillé de travailler sur une présélection d'espèces ayant suffisamment été observées.

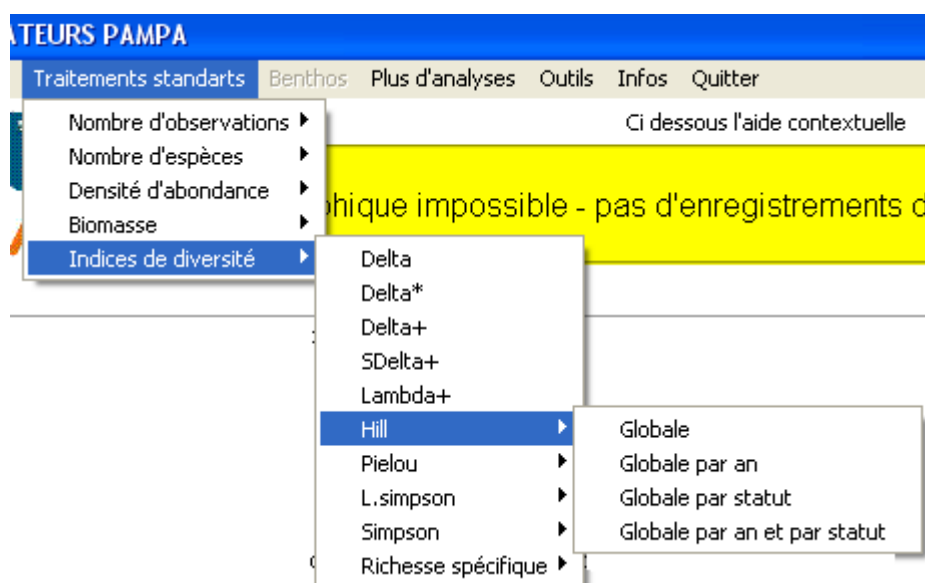
Les traitements standards concernant la densité permettent des regroupements par an et/ou par statuts et permettent de focaliser sur une espèce ou une famille. Pour d'autres types de sélection, utiliser l'outil de sélection ou préparez un référentiel espèce réduit que vous indiquerez dans le fichier config.r



Les traitements standards concernant la biomasse permettent de visualiser les résultats par espèce ou par unité d'observation en les croisant par unité de temps ou pas.



Les indicateurs de biodiversité peuvent être comparés entre années et/ou statuts de sites



La plupart des indicateurs standards disposent de plusieurs graphiques de sortie permettant à l'utilisateur de choisir le plus judicieux pour son lot de données.

10. Benthos

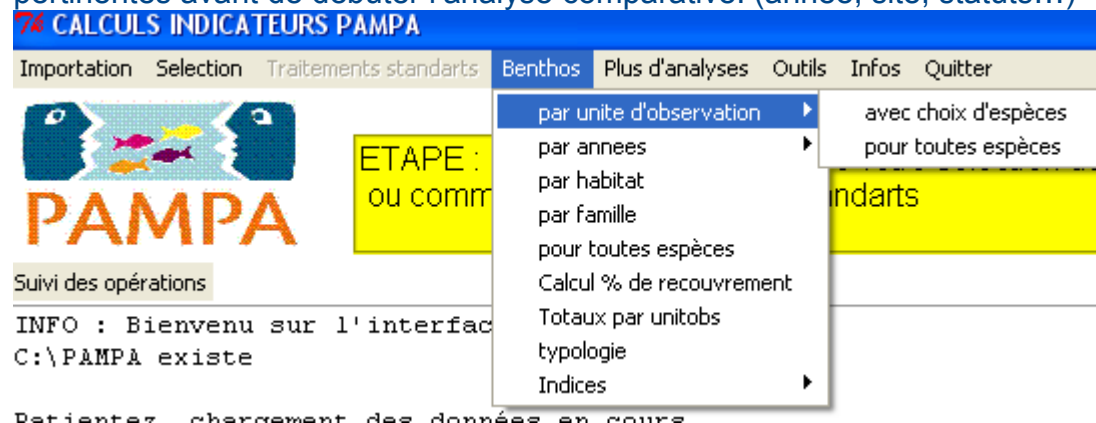
Cette partie de la documentation n'est pas à jour (le menu s'appelle maintenant « Graphiques benthos »).

Par ailleurs, une refonte complète du système de production des graphiques est en cours. Pour plus d'informations sur le nouveau système mis en place, voir le document annexe « Nouveautés de la plateforme PAMPA WP2 ».

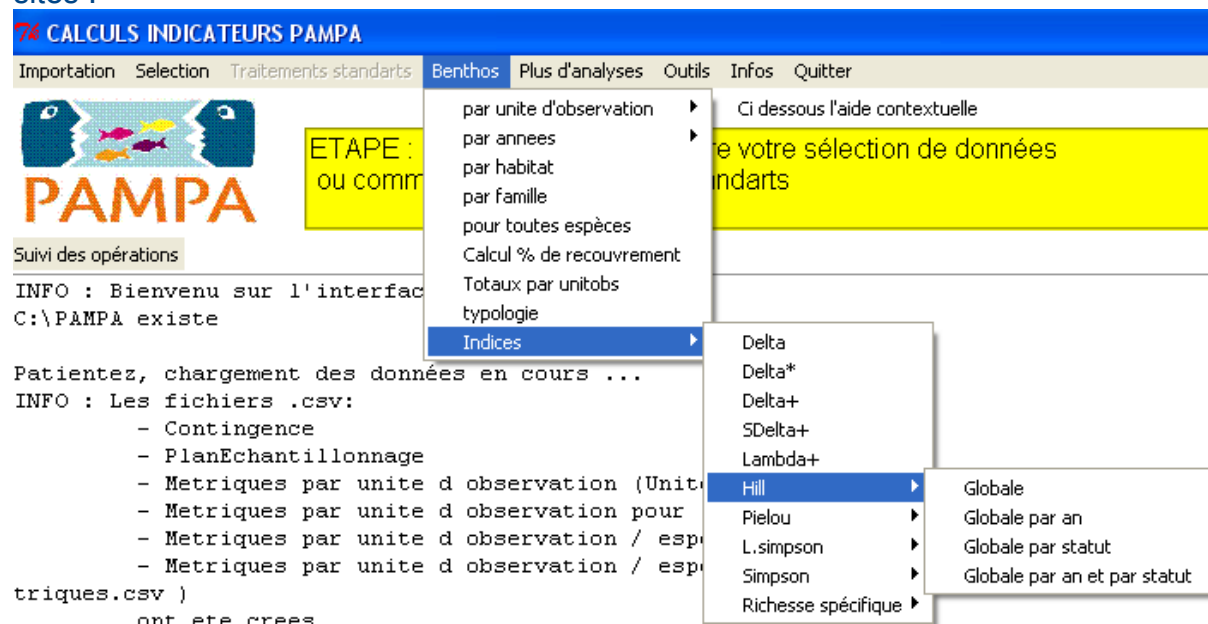
A compléter... et en cours de perfectionnement

Les indicateurs concernant le benthos sont organisés selon le même mode que les traitements standards.

De la même manière, il est conseillé de faire une sélection sur les espèces les plus pertinentes avant de débiter l'analyse comparative. (année, site, statuts...)



Les indicateurs de biodiversité peuvent être comparés entre années et/ou statuts de sites :



!!! Les fonctionnalités de découpage de graphe et de choix de plusieurs espèces seront généralisées ainsi que les boxplots par an ET statut.

11. Plus d'analyse

Une refonte complète du menu d'analyses est en cours. Pour plus d'informations concernant les nouveautés déjà implémentées, veuillez vous reporter au document annexe « nouveautés de la plateforme PAMPA WP2 ».

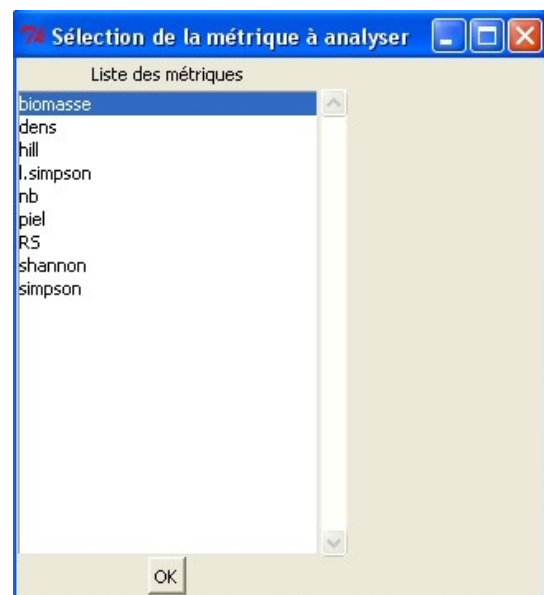
Ce menu permet de « tout croiser », même ce qui ne veut rien dire. Les options de ce menu demandent à ce que les jeux de donnée respectent particulièrement scrupuleusement les formats préconisés, condition *sine qua non* pour que les fonctions développées délivrent un résultat.

Il est possible de recalculer autant de fois que l'on souhaite les métriques, en faisant des choix de facteurs différents par exemple.

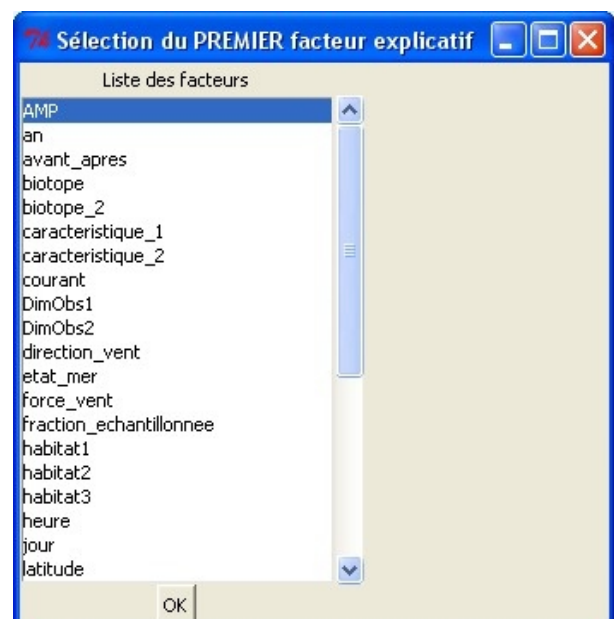
a. ANOVA (1, 2 ou 3 facteurs)

Sélectionner une des métriques au choix.

Seules les métriques ayant pu être calculées figurent dans la liste.



Sélectionner les facteurs explicatifs.
Seuls les facteurs ayant au moins 2 modalités sont proposés.



Les résultats du test sont affichés directement dans la fenêtre R et permettent de visualiser le ou les facteurs significatifs.

Exemple de sortie:

```
Response: abundance
              Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
biotope         2  259744  129872   3.9887 0.019944 *
prof_min        3  449986  149995   4.6068 0.003818 **
statut_protection 1    115     115   0.0035 0.952570
prof_min:statut_protection 3  320940  106980   3.2856 0.021735 *
Residuals      210 6837573   32560
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Interprétation des résultats d'une ANOVA

Pour tester la corrélation entre 2 variables, l'interprétation de la **P-value** (colonne Pr(>F)) est suffisante.

Une variable est significativement corrélée à la métrique analysée si la P-value est inférieure au seuil de 5%.

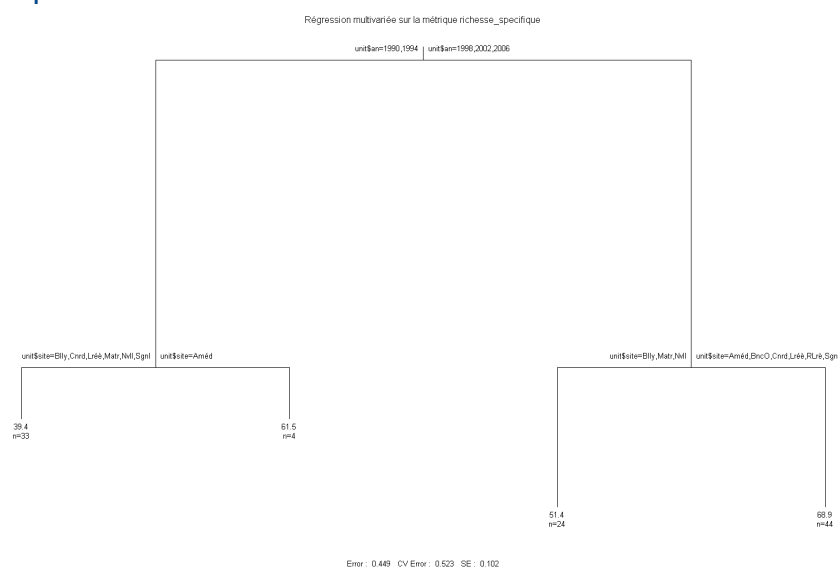
Sur l'exemple ci-dessus, il en ressort que la variable prof_min est bien corrélée à la métrique abondance.

b. Arbre de régression multivarié

Sélectionner une des métriques au choix.

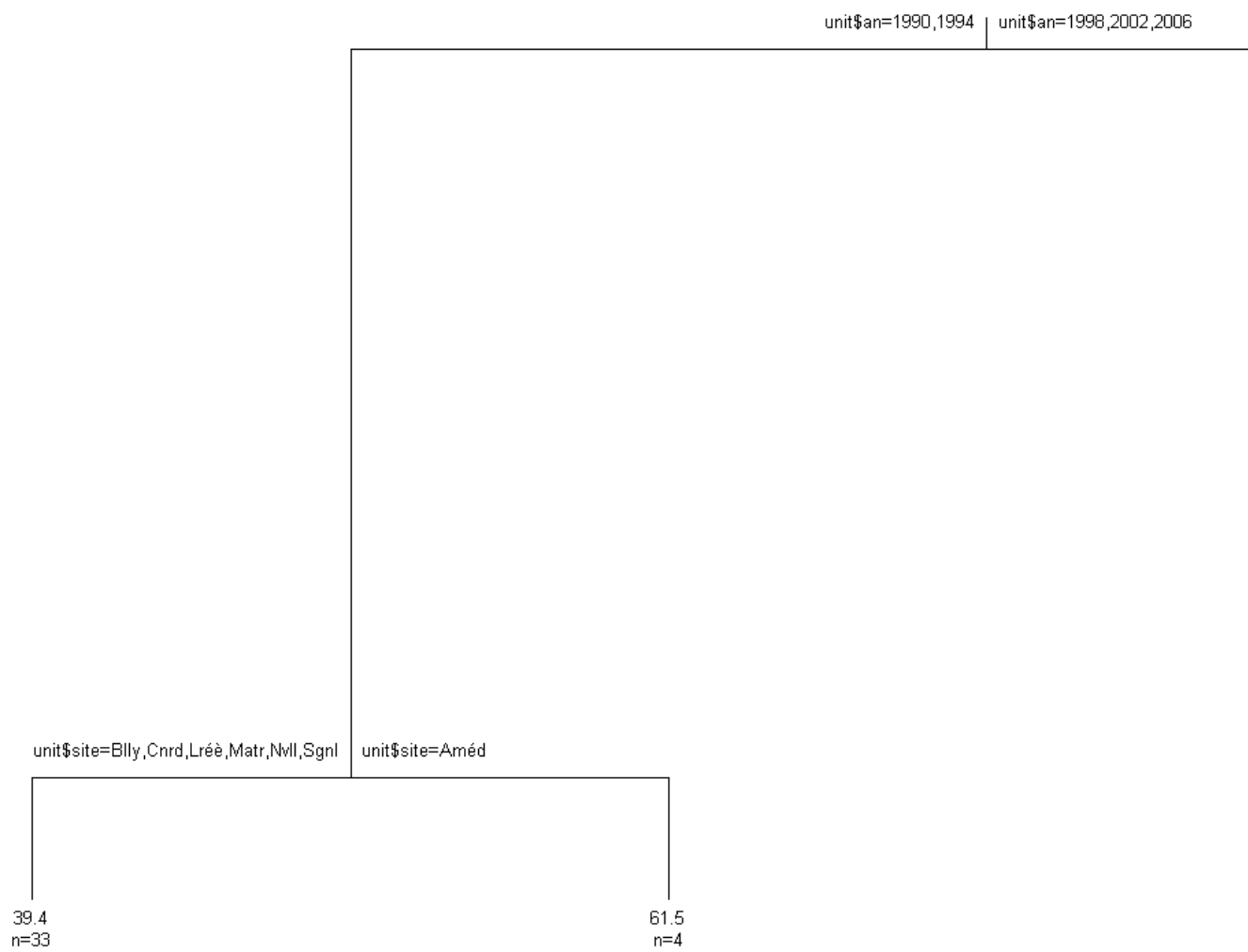
Le choix des facteurs est pour le moment fixe (en attendant de pouvoir faire une sélection multiple) : an+site+biotope

Exemple de résultat :

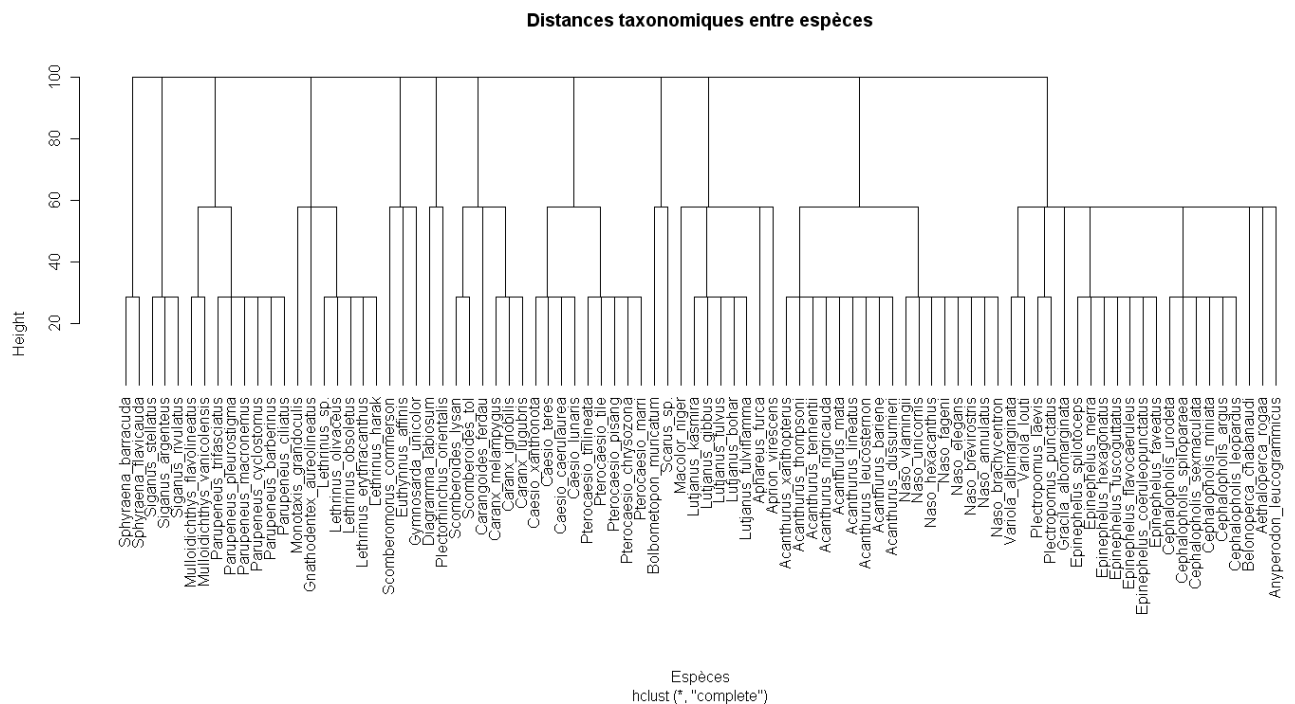


En plus grand :

Régression multivariée sur la métrique richesse_spécifique

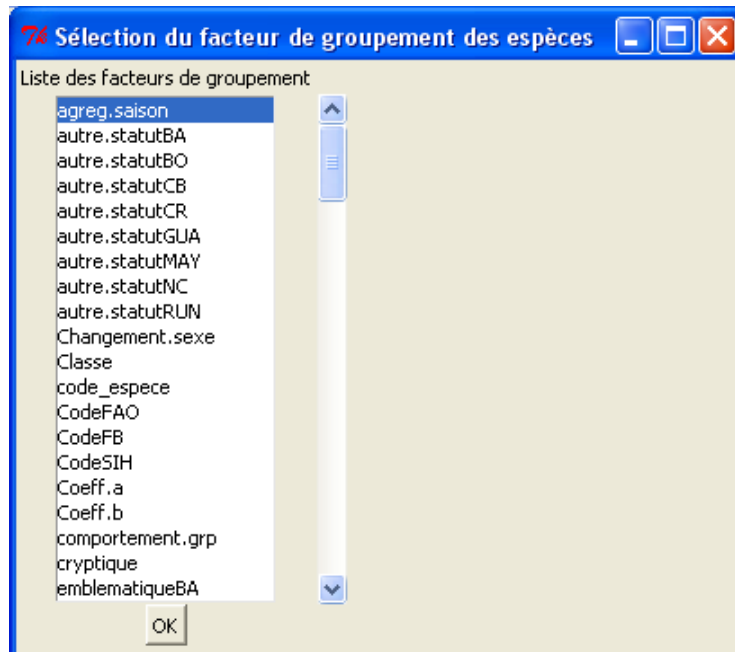


Error : 0.449 CV Error : 0.523 SE : 0.102



2) Par groupe d'espèces

Cette fonction permet de calculer les métriques sur des groupes d'espèces regroupés sur une des caractéristiques disponibles dans le référentiel espèces telles que « Famille », « Mobilité » et « Régime alimentaire »



3) Une espèce au choix

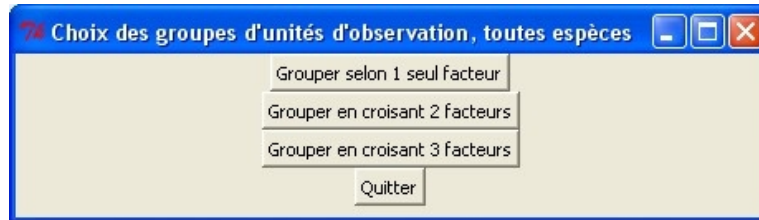
Calcul des métriques pour une espèce donnée.



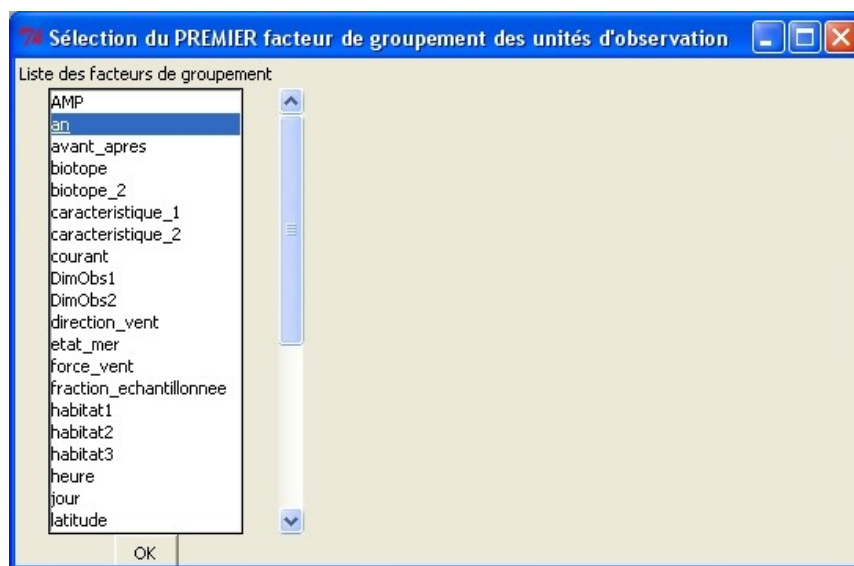
d. Par groupe unité d'observation

i) Toutes espèces confondues

Choisir le nombre de facteurs de groupement



Choix des facteurs de groupement



- Création d'une table de groupement des unités d'observations :
 - Grp (1 facteur)
 - Grp12 (2 facteurs)
 - Grp13 (3 facteurs)

Choix d'affichage des graphiques

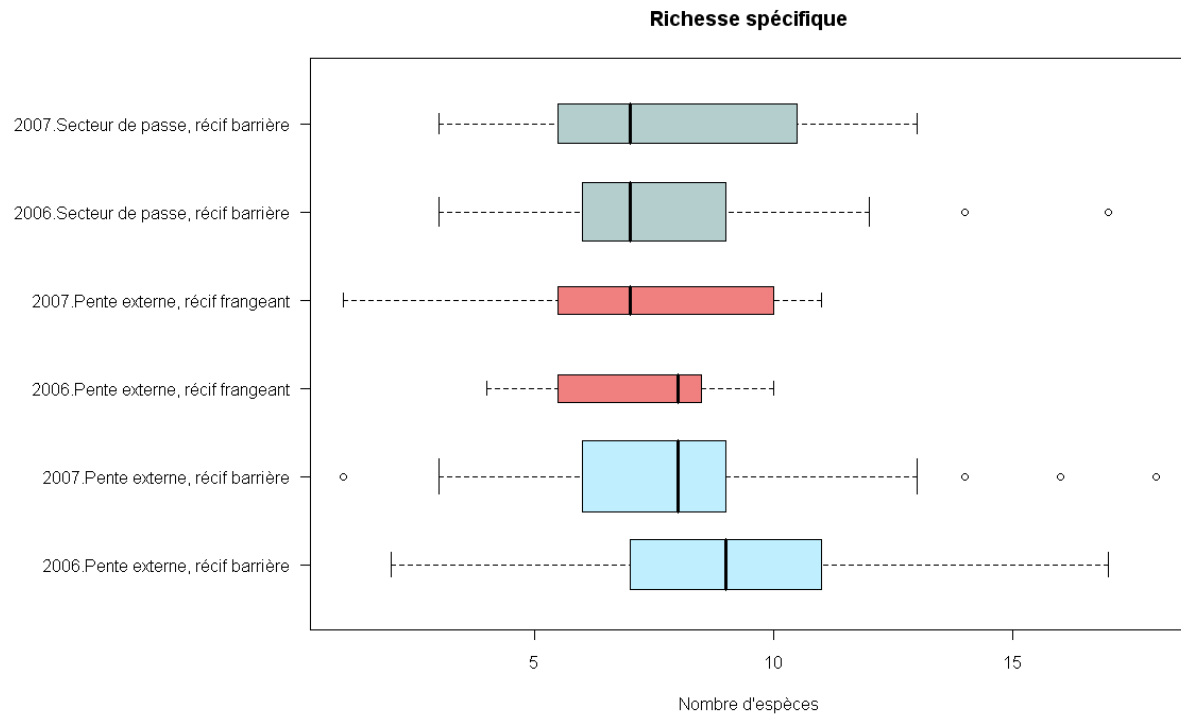


Affichage des graphiques

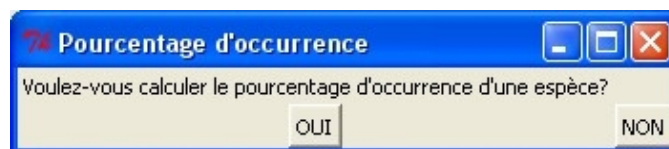
- Taille moyenne
- Densité moyenne
- Densité
- Biomasse
- Indice de Simpson
- Indice de Pielou
- Indice de Hill

- Indice de diversité taxonomique (Delta)
- Indice d'originalité taxonomique (Delta*)
- Indice de variation de l'originalité taxonomique (Lambda+)
- Indice d'originalité taxonomique sur les présence/absence (Delta+)
- RS*Delta+

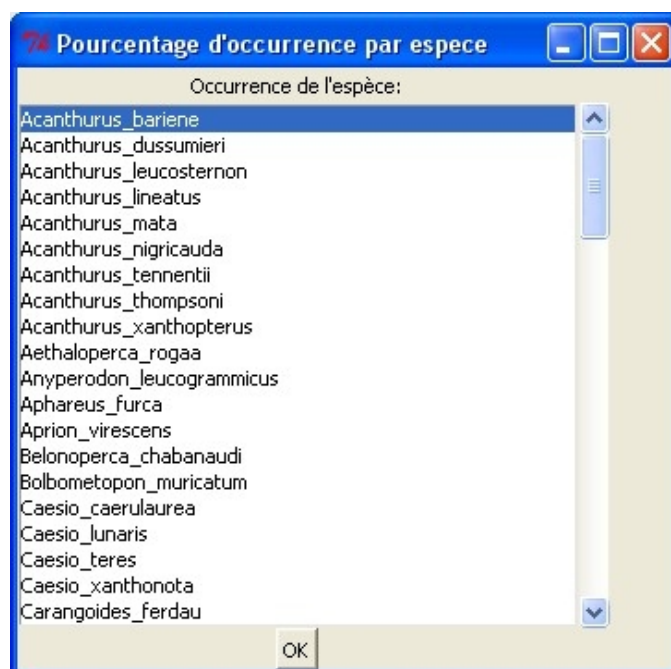
Exemple : groupement des facteurs « an » et « biotope »



Choix calcul pourcentage occurrence d'une espèce



Choix de l'espèce à analyser :



Les résultats s'affichent dans la fenêtre R

Exemple sur l'espèce « Acantharus Bariene » :

"Pourcentage d'occurrence de Acanthurus_bariene"

[,1] [,2]

[,3]

[1,]	"2006"	"Pente externe, récif barrière"	"5"
[2,]	"2007"	"Pente externe, récif barrière"	"2.5641"
[3,]	"2006"	"Pente externe, récif frangeant"	"0"
[4,]	"2007"	"Pente externe, récif frangeant"	"8.3333"
[5,]	"2006"	"Secteur de passe, récif barrière"	"1.8518"
[6,]	"2007"	"Secteur de passe, récif barrière"	"16.6666"

ii) Toutes espèces confondues par classe de taille

Idem que précédemment.

Puis choix de la catégorie de taille à analyser



- Création d'une table de groupement des unités d'observations par classe de taille:
 - GrpCT (1 facteur)
 - GrpCT2 (2 facteurs)
 - GrpCT3 (3 facteurs)

Idem que précédemment

iii) Une espèce au choix

Affichage des graphiques

- Biomasse
- Densité

Remarque : de nombreuses fonctions de recouvrement ont encore des problèmes, à utiliser avec prudence donc.

12. Outils

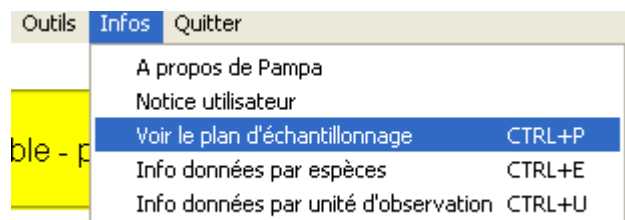
Ce Menu a vocation à rassembler les outils permettant de faire fonctionner et d'exploiter l'interface.



Les options de mise à jour automatique, options de graphiques, langues et export des données pourront être implémentées ultérieurement.

13. Infos

Ce Menu doit rassembler les liens vers les documents à jour et aides en ligne permettant de faire fonctionner l'interface.



Il vous permet notamment de visualiser des informations de base sur les jeux de données comme le plan d'échantillonnage, les données par espèce ou par unité d'observation qui peuvent vous être utiles pour préparer vos fichiers de sélection :

Informations par espèce

Espece	{Nb indiv min/unitobs}	{Nb indiv max/unitobs}	{Fquence}
Abudsexf	0	11	3.733333333
Abudsp.	0	30	1.6
Abudspar	0	36	8
Abudvaig	0	2	0.533333333
Acanbloc	0	1	0.266666666
Acanluss	0	1	0.533333333
Acanmata	0	2	0.8
Acanmigr	0	256	69.6
Acanmigr	0	4	2.666666666
Acanmigr	0	18	1.333333333
Acanrio	0	1205	54.66666666
Amanmigr	0	3	4
Anamcaer	0	4	5.600000000
Anammele	0	2	2.4

14. Quitter

Cet onglet permet de quitter directement le programme de calcul des métriques. Le programme R restera ouvert, et toutes les tables de métriques que vous aurez calculées seront encore présentes dans R. Ces objets seront détruits à la fermeture de R si vous ne faites pas de sauvegarde de la session.

15. Graphiques générés

Les graphiques générés automatiquement (affichés uniquement après demande de l'utilisateur) peuvent être « copier/coller » (dans un document Word par exemple) à l'aide du clic droit de la souris ou sauvegardés via « Fichier / Sauver sous... ».

16. Tables créées

Liste des tables calculées dans R contenant les métriques sur les ressources et la biodiversité.

Nom de la table	Niveau	Contenu (métrique)
unitespta	Par catégorie de taille de chaque espèce dans chaque unité d'observation.	Densité, abondance, biomasse (par unité de surface), taille-moyenne, présence-absence
unitesp	Par espèce dans chaque unité d'observation	Densité, abondance, biomasse (par unité de surface), taille-moyenne, présence-absence
unit	Par unité d'observation	Densité, abondance, biomasse (par unité de surface), richesse spécifique, indice de dominance de Simpson, équitabilité de Simpson, indice de Shannon, indice de Pielou, indice de Hill, indices de diversité taxonomique (Delta, Delta*, Lambda+, Delta+, Sdelta+);
listespunit	Par unité d'observation	Idem que unit mais uniquement pour les espèces présentes
grpCT, grpCT2 grpCT3	Par groupe d'unité d'observations et classe de taille	Densité, abondance et richesse spécifique par niveau de facteur et par catégorie de taille + occurrence par espèce pour chaque niveau de facteur.
grp grp12 grp13	Par groupe d'unité d'observations	Densité, abondance et richesse spécifique par niveau de facteur + occurrence par espèce pour chaque niveau de facteur.
grpesp	Par groupe d'espèces (mobilité, famille...)	Densité, abondance, biomasse, présence/absence et richesse spécifique
contingence		Table des données d'observation, sous la forme d'une matrice avec en lignes les unités d'observation et en colonnes les espèces.
planEchantillonnage		Récapitulatif du plan d'échantillonnage

Principe d'installation du logiciel Tinn-R

(mail de Claire Bissery)

Ci-dessous, une procédure pour la bonne compatibilité entre TinnR et R (envoi de lignes de commandes, gestion des répertoires de travail...).

Elle a été réalisée et testée par l'équipe de Fred Chiroleu du Cirad de la Réunion.

Pour l'instant en dehors de Windows Vista qui pose toujours des soucis, la liaison entre les deux est stable.

(d'après le forum sur Tinn-R, news du 05/09/2008, traduction et adaptation de Sylvaine Jégo)

Si vous avez la version Tinn-R 1.19.7.4 ou antérieure :

1. Désinstaller Tinn-R
2. Editer le fichier Rprofile.site situé à l'adresse « C:\Program Files\R\R-2.7.2\etc » et supprimer toute la ligne de configuration précédant RELATED WITH TINN-R (à vérifier, mais normalement cette ligne n'existe pas, donc il n'y a rien à faire)
3. Ouvrir R
4. Installer les packages 'Hmisc', 'R2HTML' et 'TinnR' en tapant :
install.packages(c('Hmisc','R2HTML','TinnR'))
5. Ecrire la commande suivante :
install.packages('svSocket',repos='http://R-Forge.R-project.org')
6. Fermer R
7. Télécharger le logiciel Tinn-R 2.0.0.7 qui se trouve sur le site Internet <http://sourceforge.net/projects/tinn-r> et l'installer
8. Ouvrir Tinn-R (ne pas enregistrer le fichier .zip proposé)
9. Dans Tinn-R, se diriger dans la barre de menu contextuel, cliquer sur *R*, puis *Configure*, puis *Permanent (Rprofile.site)*. Dire « Oui » à la question demandée
10. A l'intérieur de Tinn-R, ouvrir R (via l'icône « R controlling : gui (start/close) »)
11. Avec Tinn-R, vous pouvez lire les dossiers suivants : "Help/Main/Card/HTML" - to know the shortcuts related with Rterm and all others"; "Help/Main/Changes/HTML"

Vous pouvez trouver toutes ces informations en vous connectant sur le site Internet <http://sourceforge.net/projects/tinn-r> dans l'onglet « News » et en cliquant sur *How to install and configure Tinn-R 2.0.0.7 (and later)*.