1. Figure 1 – La Fig. 1A n’est pas claire.

• Pourquoi y a-t-il deux rectangles bleus l’un au dessus de l’autre, ainsi que 2 rectangles verts, dans les matrices de données “1st sampling” et “2nd sampling” ? Les deux rectangles bleus représentent-ils les deux loci avec 2 allèles chacun?

Les 2 loci sont-ils les deux rectangles superposés ou les deux valeurs côte à côte dans chaque rectangle?

• Expliquer les valeurs qu’on peut lire dans ces matrices: a/a, c/a, etc. Je n’ai aucune idée à quoi ces lettres (valeurs) réfèrent.

• Je suggère de présenter les données à plat, comme dans les matrices de données soumises à l’analyse par dist.genpop. Donc, une ligne par site. Exemple : la matrice microsatt$tab (18 x 112) dans les exemples de la fonciton dist.genpop().

Je suggère également de présenter dans le petit exemple un locus à 2 allèles et un autre possédant 3 ou 4 allèles afin de dissiper l’impression que la méthode ne serait applicable qu’à des loci possédant 2 allèles seulement.

4. Exemple des gobies (Kinziger et al., 2015) – Je suggère de décrire ces résultats un peu plus longuement. Bien des lecteurs liront d’abord cette section en détail afin de comprendre le type d’information nouvelle qu’ils peuvent obtenir de la méthode TGI.

Tu pourrais par exemple :

• Ajouter une carte montrant les populations significatives. – Je vois que tu avais prévu de présenter cette carte dans le fichier « Supp Mat ». Je la placerais plutôt dans l’article principal si possible.

• Dans une annexe, montrer les résultats de ta fonction R pour les données des gobies.

Cet exemple m’amène à la réflexion suivante : pour les données de communautés, la méthode TBI permet de quantifier les pertes et les gains d’espèces (pour les données de présence-absence) ou les pertes et les gains d’individus dans les différentes espèces (pour les données de fréquences). Avec TBI, peux-tu extraire des statistiques de ce type ? Pour les données des gobies, sur quoi te bases-tu pour affirmer (ligne 459) : « … there was a loss of genetic diversity in the Elk River population » ? La diversité génétique est-elle calculée dans ta fonction TGI ? Faudrait-il ajouter quelques lignes de code pour fournir cette information à la sortie de la fonction, ou encore montrer comment l’utilisateur peut faire appel à une autre fonction R pour calculer l’un ou l’autre des indices de diversité génétique ?