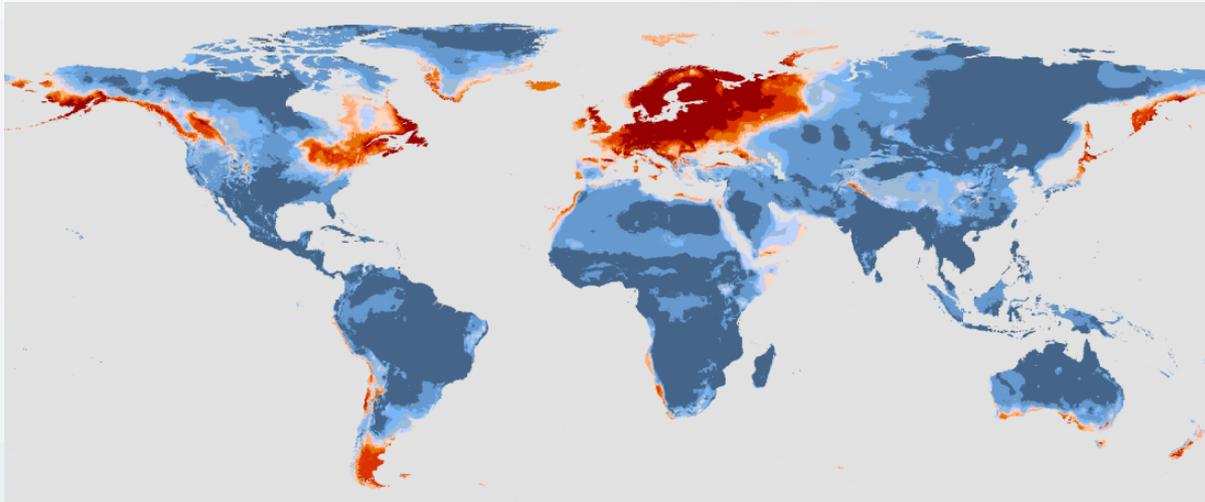


# Prédiction de la distribution spatiale en écologie :

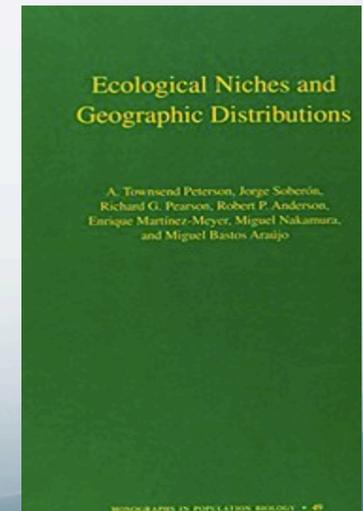
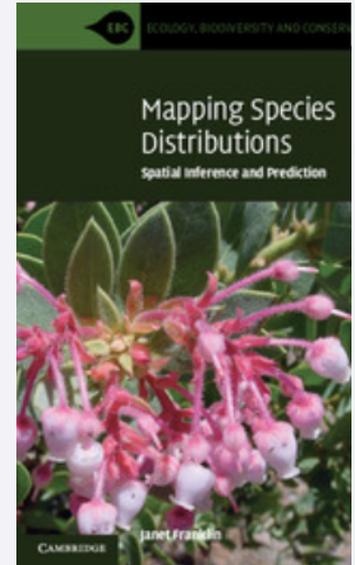
Modèles de niche et dispersion  
avec les packages Biomod2 et MigClim



Cleo Bertelsmeier  
Université de Lausanne

# Plan

1. Les modèles de niches : pour quoi faire?
2. Le flux de travail
3. Construire des modèles avec Biomod2
4. Extensions des modèles de niche: couplage avec la dispersion
5. Construire des modèles de dispersion avec MigClim

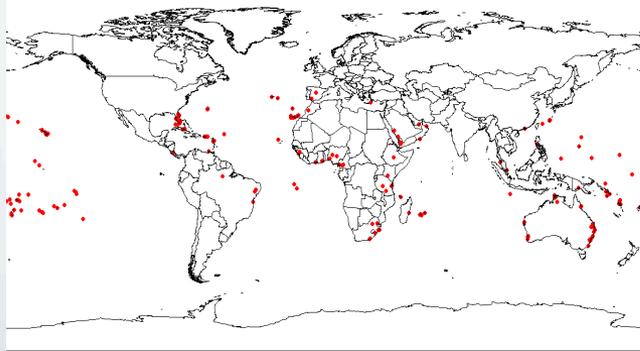


## Modèles de niche

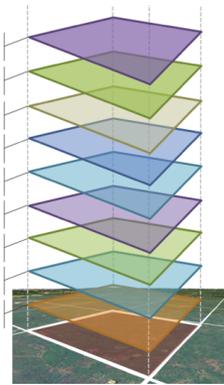
Ecological niche model (ENM)

Species distribution model (SDM)

Prediction of occurrences

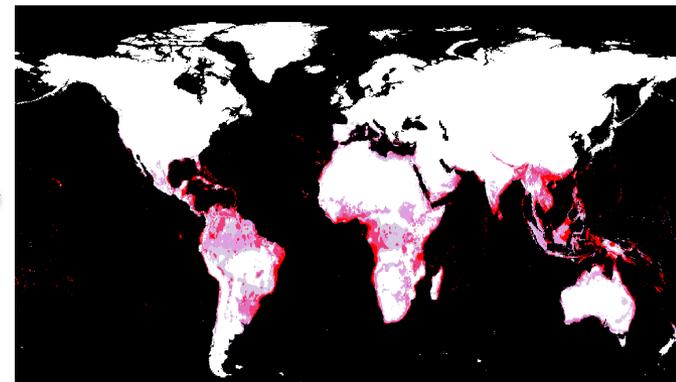


Données d'occurrences



Couches climatiques (SIG)

Modèle

Projection de la distribution  
potentielle (carte)

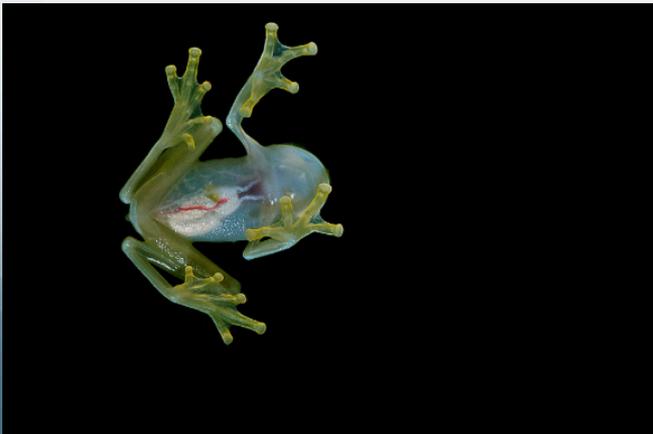
## Espèce menacée



## Perte de la biodiversité



## Espèce rare



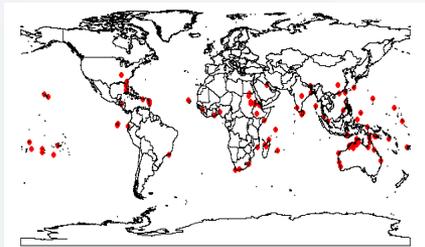
## Invasions biologiques



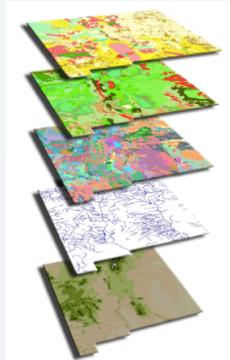
## Hypothèses de base

- Des facteurs environnementaux déterminent la distribution de l'espèce
- Les variables limitantes – sont-elles vraiment limitantes?
- Les espèces sont en équilibre avec leur environnement
- Non-collinéarité des variables
- La niche détermine l'assemblage des communautés (pas de dynamique de métapopulation)

### Données



Occurrences



SIG

### Selection des variables

- > Collinéarité?
- > Importance?

### Modélisation

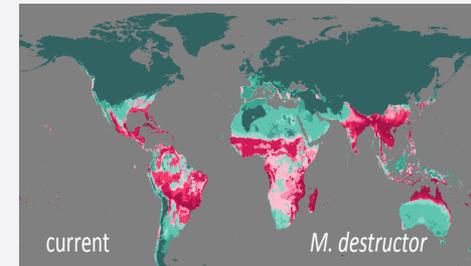
- Maxent
- Réseaux neuronaux
- SVM
- Arbres de classification
- GLM
- GAM
- ...

### Calibration

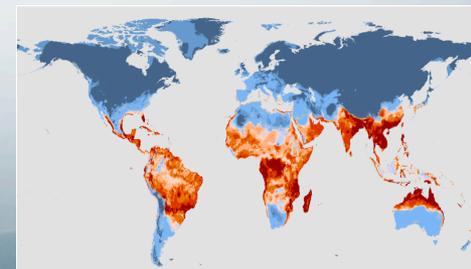
-> Paramètres?

**Validation**  
AUC, TSS,  
Kappa

### Projection



**Prédictions:**  
Espace/ Temps



## Mise en oeuvre avec Biomod2

Thuiller, W., Lafourcade, B., Engler, R., Araújo, M.B., 2009. BIOMOD; a platform for ensemble forecasting of species distributions. *Ecography* 32, 369–373.

Tutorials:

[http://finzi.psych.upenn.edu/library/biomod2/doc/Simple\\_species\\_modelling.pdf](http://finzi.psych.upenn.edu/library/biomod2/doc/Simple_species_modelling.pdf)

[http://search.r-project.org/library/biomod2/doc/Multi\\_species\\_computation.pdf](http://search.r-project.org/library/biomod2/doc/Multi_species_computation.pdf)

## Formater les données

```
DataSpecies <- read.table("/Users/Cleo/Desktop/Biomod/L.humile.txt",h=T)
```

```
head(DataSpecies)
```

```
# nom de l'espèce
```

```
myRespName <- 'Species'
```

```
# Données présences/ absences de l'espèce (0/1)
```

```
myResp <- as.numeric(DataSpecies[,myRespName])
```

```
# Les coordonnées XY des occurrences
```

```
myRespXY <- DataSpecies[,c("Longitude","Latitude")]
```

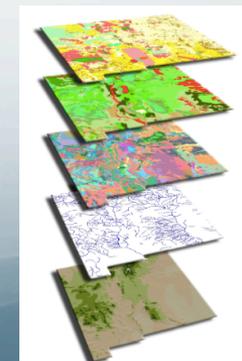
```
# Il faut charger les couches environnementales(peut être.img, ArcGIS, rasters ou d'autres  
#formats utilisés par le package raster)
```

```
# Exemple avec des variables extraits de Worldclim (bio_3, bio_4, bio_7, bio_11 & bio_12)
```

```
myExpl = stack( system.file( "external/bioclim/current/bio3.grd",  
                             package="biomod2"),  
               system.file( "external/bioclim/current/bio4.grd",  
                             package="biomod2"),  
               system.file( "external/bioclim/current/bio7.grd",  
                             package="biomod2"),  
               system.file( "external/bioclim/current/bio11.grd",  
                             package="biomod2"),  
               system.file( "external/bioclim/current/bio12.grd",  
                             package="biomod2"))
```

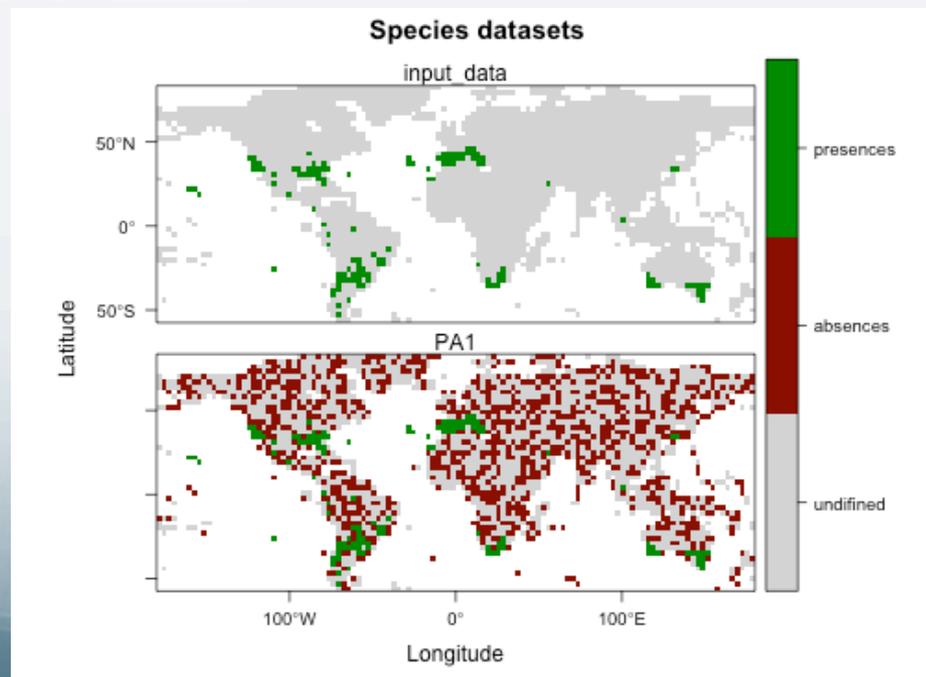
	Longitude	Latitude	Species
1	-60.6333	-32.1167	L_humile
2	-59.1333	-28.5167	L_humile
3	-57.1667	-27.4167	L_humile
4	-57.8667	-33.5000	L_humile
5	-58.1167	-32.2500	L_humile
6	-56.5833	-29.0833	L_humile
7	...		

## Cartes SIG



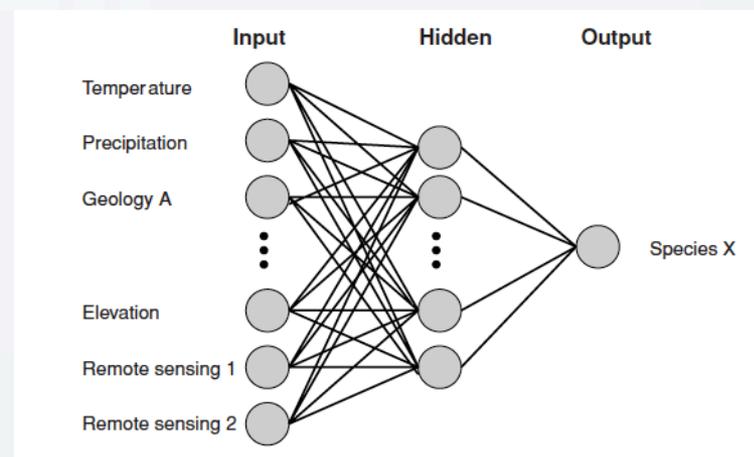
```
myBiomodData <- BIOMOD_FormatingData(resp.var = myResp,  
  expl.var = myExpl, # le stack des couches de variables qu'on a créé  
  PA.nb.rep = 1, # Est-ce qu'il faut des pseudo-absences ? (0=non, 1=oui)  
  PA.nb.absences = 1000, # nombre de pseudo-absences  
  PA.strategy = 'random',  
  PA.dist.min = 0, # distances par rapport aux présences  
  PA.dist.max = NULL,  
  PA.sre.quant = 0.025, # un paramètre pour les pseudo-absences  
  resp.xy = myRespXY, # les données d'occurrences  
  resp.name = myRespName) # le nom du projet
```

```
myBiomodData  
plot(myBiomodData)
```



## Modélisation

```
# Définir les options des modèles en utilisant les options par défaut
# Choix de 10 algorithmes ('GLM', 'GBM', 'GAM', 'CTA', 'ANN', 'SRE', 'FDA', 'MARS', 'RF',
'MAXENT') # attention avec MAXENT: télécharger d'abord!
myBiomodOption <- BIOMOD_ModelingOptions()
# On construit des modèles...
myBiomodModelOut <- BIOMOD_Modeling(
  myBiomodData,
  models = c('SRE','CTA','RF','MARS','FDA'),
  models.options = myBiomodOption,
  NbRunEval=3, # le nombre de cross-validations
  DataSplit=80, # pourcentage de splitting
  Prevalence=0.5,
  VarImport=3,
  models.eval.meth = c('TSS','ROC'),
  SaveObj = TRUE,
  rescal.all.models = TRUE,
  do.full.models = FALSE,
  modeling.id = paste(myRespName,"FirstModeling",sep=""))
```



### ### Regarder la sortie de Biomod [myBiomodModelOut](#)

Considered variables : bio3 bio4 bio7 bio11 bio12

Computed Models : Species\_PA1\_RUN1\_SRE Species\_PA1\_RUN1\_CTA Species\_PA1\_RUN1\_RF Species\_PA1\_RUN1\_MARS Species\_PA1\_RUN1\_FDA  
Species\_PA1\_RUN2\_SRE Species\_PA1\_RUN2\_CTA Species\_PA1\_RUN2\_RF Species\_PA1\_RUN2\_MARS Species\_PA1\_RUN2\_FDA Species\_PA1\_RUN3\_SRE  
Species\_PA1\_RUN3\_CTA Species\_PA1\_RUN3\_RF Species\_PA1\_RUN3\_MARS Species\_PA1\_RUN3\_FDA

Failed Models : none

---

### Regarder la sortie de Biomod

```
myBiomodModelOut
```

```
# obtenir toutes les évaluations de modèles
```

```
myBiomodModelEval <- get_evaluations(myBiomodModelOut)
```

```
# imprimer les dimnames de l'objet
```

```
dimnames(myBiomodModelEval)
```

```
# imprimer le score TSS du modèle Random
```

```
myBiomodModelEval["TSS","Testing.data","RF",,]
```

```
# imprimer les scores AUC de tous les modèles sélectionnés
```

```
myBiomodModelEval["ROC","Testing.data",,,]
```

	RUN1	RUN2	RUN3
SRE	0.850	0.924	0.889
CTA	0.914	0.938	0.939
RF	0.970	0.993	0.988
MARS	0.929	0.986	0.956
FDA	0.940	0.974	0.955

### Regarder la sortie de Biomod

```
myBiomodModelOut
```

```
# obtenir toutes les évaluations de modèles
```

```
myBiomodModelEval <- get_evaluations(myBiomodModelOut)
```

```
# imprimer les dimnames de l'objet
```

```
dimnames(myBiomodModelEval)
```

```
# imprimer le score TSS du modèle Random Forest
```

```
myBiomodModelEval["TSS","Testing.data","RF",,]
```

```
# imprimer les scores AUC de tous les modèles sélectionnés
```

```
myBiomodModelEval["ROC","Testing.data",,,]
```

	RUN1	RUN2	RUN3
SRE	0.850	0.924	0.889
CTA	0.914	0.938	0.939
RF	0.970	0.993	0.988
MARS	0.929	0.986	0.956
FDA	0.940	0.974	0.955

```
# importance relative des variables
```

```
get_variables_importance(myBiomodModelOut)
```

```
# il faut les normaliser avant de les comparer !
```

	SRE	CTA	RF	MARS	FDA
bio3	0.352	0.299	0.195	0.000	0.600
bio4	0.335	0.129	0.102	0.234	0.474
bio7	0.327	0.136	0.190	0.401	0.747
bio11	0.472	0.662	0.523	0.794	0.677
bio12	0.268	0.117	0.103	0.025	0.045

## ##Projection dans le futur

# Charger les variables pour le scénario futur. Attention: cohérence avec le présent !!!

```
myExplFuture = stack( system.file( "external/bioclim/future/bio3.grd",  
                                package="biomod2"),  
                    system.file( "external/bioclim/future/bio4.grd",  
                                package="biomod2"),  
                    system.file( "external/bioclim/future/bio7.grd",  
                                package="biomod2"),  
                    system.file( "external/bioclim/future/bio11.grd",  
                                package="biomod2"),  
                    system.file( "external/bioclim/future/bio12.grd",  
                                package="biomod2"))
```

```
##Projection dans le futur
```

```
# Charger les variables pour le scénario futur. Attention: cohérence avec le présent !!!
```

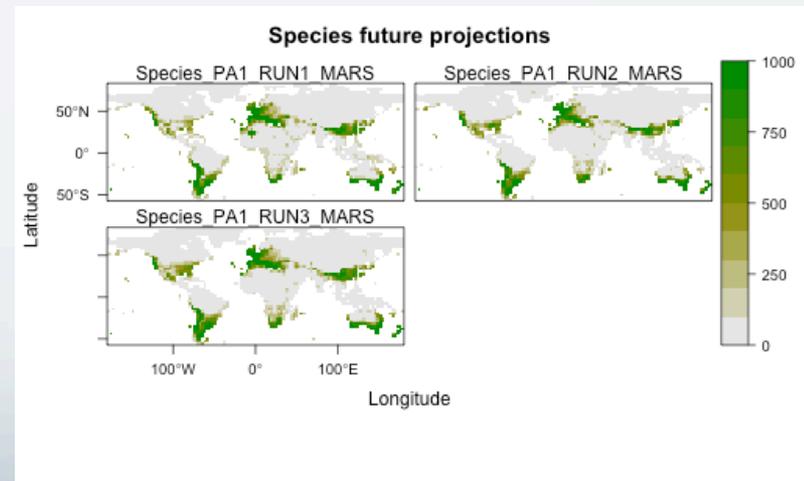
```
myExplFuture = stack( system.file( "external/bioclim/future/bio3.grd",  
                                package="biomod2"),  
                    system.file( "external/bioclim/future/bio4.grd",  
                                package="biomod2"),  
                    system.file( "external/bioclim/future/bio7.grd",  
                                package="biomod2"),  
                    system.file( "external/bioclim/future/bio11.grd",  
                                package="biomod2"),  
                    system.file( "external/bioclim/future/bio12.grd",  
                                package="biomod2"))
```

```
myBiomodProjFuture <- BIOMOD_Projection(  
  modeling.output = myBiomodModelOut,  
  new.env = myExplFuture,  
  proj.name = 'future',  
  selected.models = 'all',  
  binary.meth = 'TSS',  
  compress = 'xz',  
  clamping.mask = T,  
  output.format = '.grd')
```

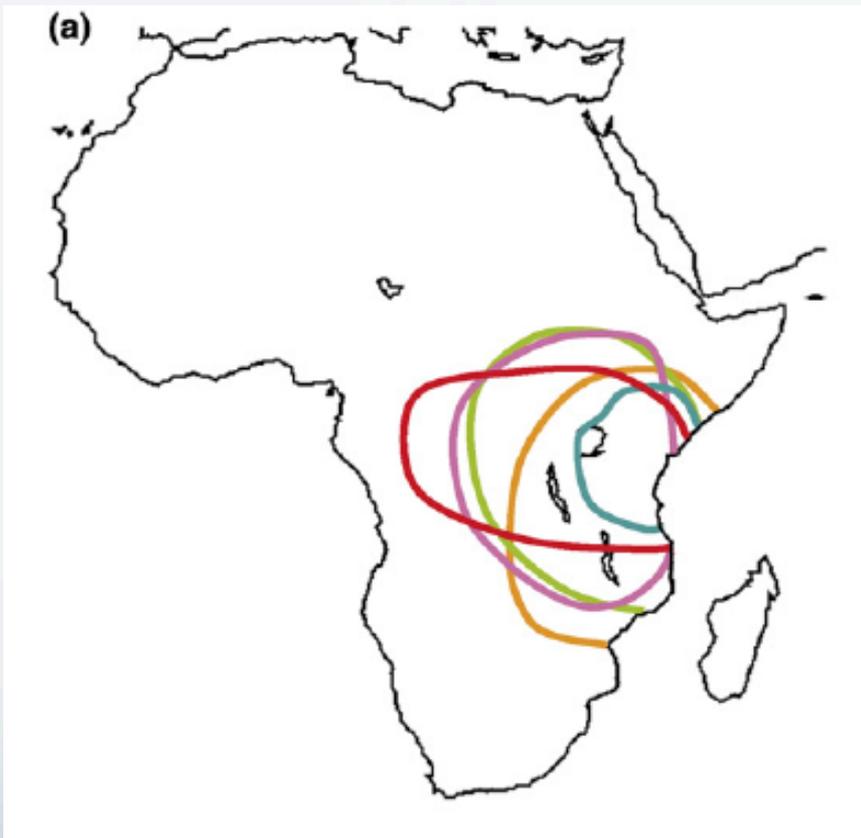
```
list.files("Species/proj_current/") # fichier créés
```

```
# faire quelques cartes sélectionnées avec l'argument str.grep
```

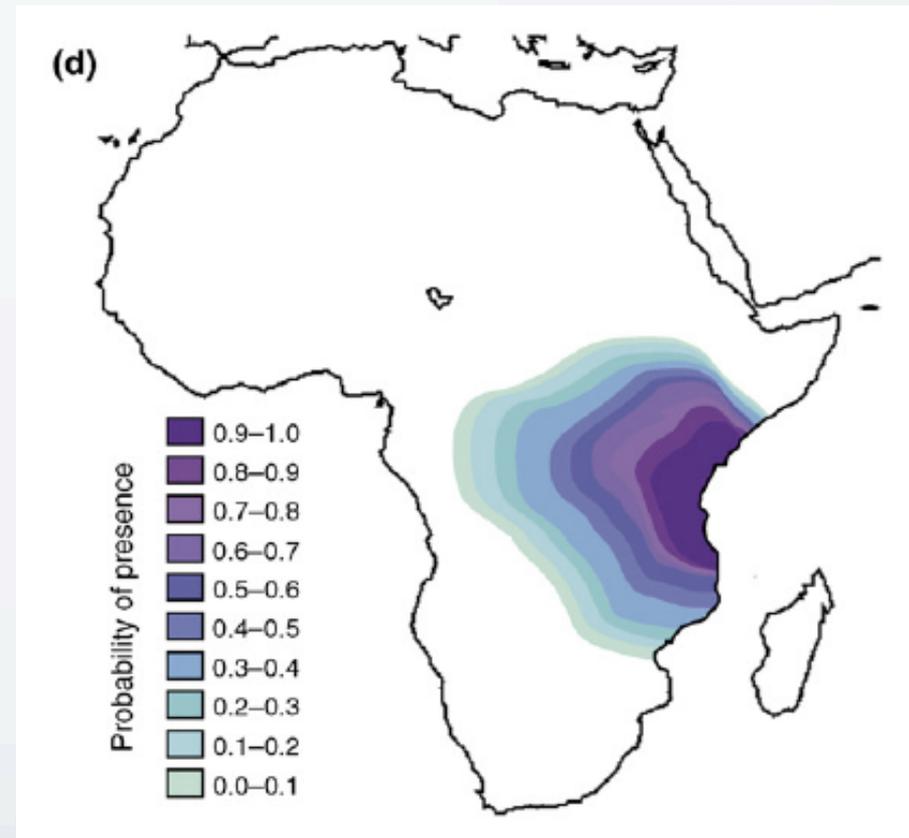
```
plot(myBiomodProjFuture, str.grep = 'MARS')
```



## Projections individuelles



## Projection consensus



## Modèle consensus, excluant les modèles avec un TSS<0.7

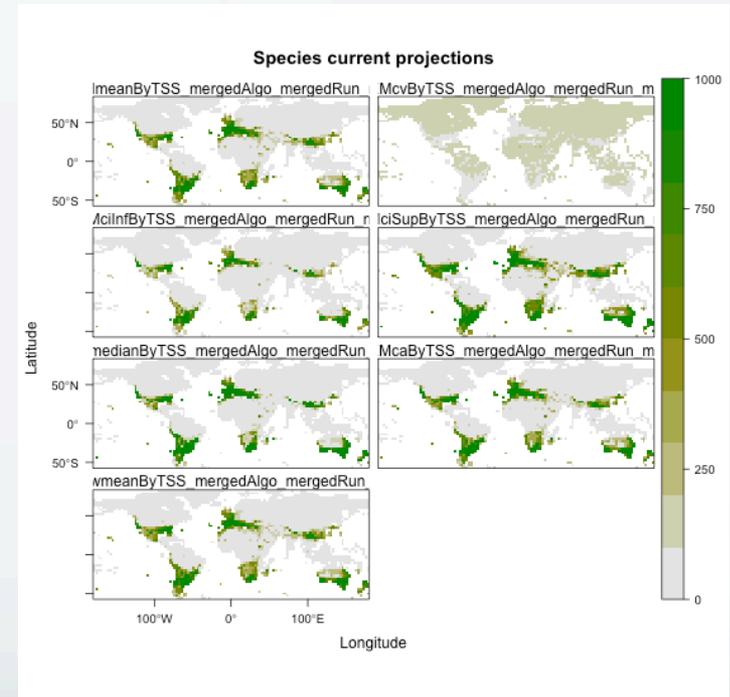
```
myBiomodEM <- BIOMOD_EnsembleModeling(
  modeling.output = myBiomodModelOut,
  chosen.models = 'all',
  em.by='all',
  eval.metric = c('TSS'),
  eval.metric.quality.threshold = c(0.7),
  prob.mean = T,
  prob.cv = T,
  prob.ci = T,
  prob.ci.alpha = 0.05,
  prob.median = T,
  committee.averaging = T,
  prob.mean.weight = T,
  prob.mean.weight.decay = 'proportional' )
```

# résumé

```
myBiomodEM
```

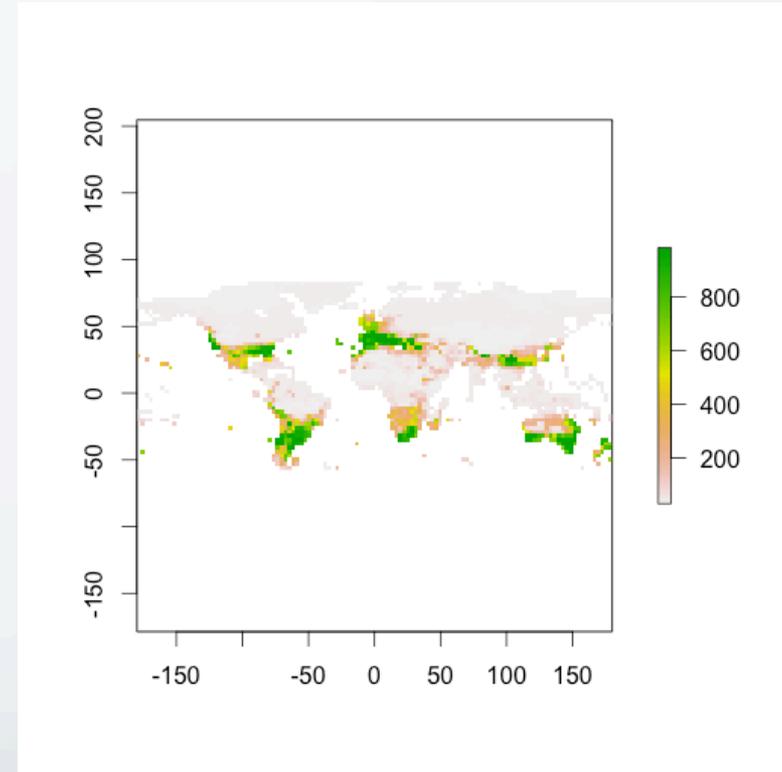
# évaluation

```
get_evaluations(myBiomodEM)
```



```
myBiomodEF <- BIOMOD_EnsembleForecasting(  
  EM.output = myBiomodEM,  
  projection.output = myBiomodProj)  
myBiomodEF  
plot(myBiomodEF)
```

```
m<-raster("/Users/Cleo/Species/proj_current/  
proj_current_Species_ensemble.grd")  
plot(m)
```



Modèle consensus pour le présent

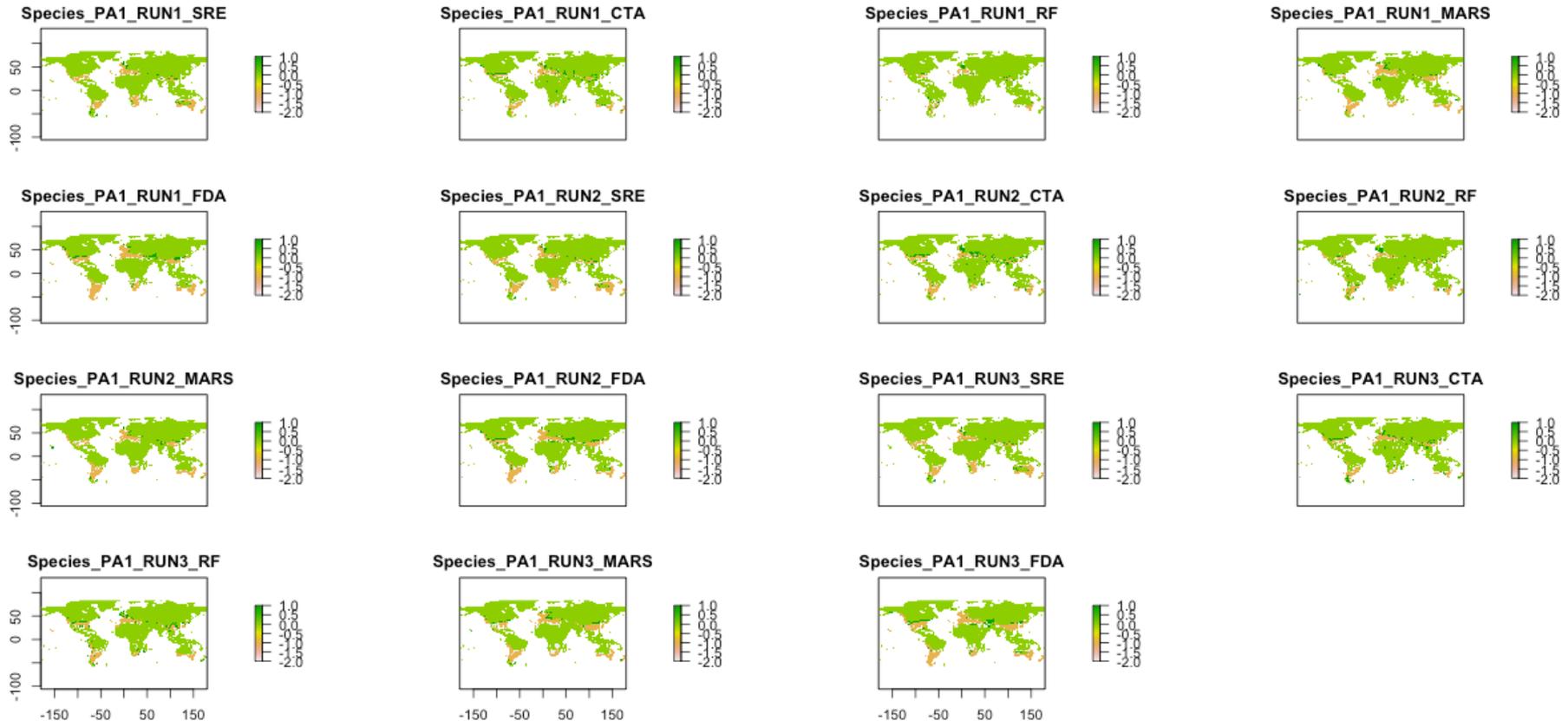
## Fonctions utiles de Biomod2

```
### Estimation des changement de distribution en termes de gains ou de pertes
currentPred <- stack("../proj_current_Species_TSSbin.grd") # chemin où Biomod a
automatiquement enregistré les cartes en prédictions binaires
futurePred <- stack("../proj_future/proj_future_Species_TSSbin.grd")
myBiomodRangeSize <- BIOMOD_RangeSize(
  CurrentPred=currentPred,
  FutureProj=futurePred)
myBiomodRangeSize$Compt.By.Models
```

	Loss	Stable0	Stable1	Gain	PercLoss	PercGain	SpeciesRangeChange	CurrentRangeSize
Species_PA1_RUN1_SRE	68	2007	239	29	22.150	9.446	-12.704	307
Species_PA1_RUN1_CTA	73	2023	184	63	28.405	24.514	-3.891	257
Species_PA1_RUN1_RF	77	2137	99	30	43.750	17.045	-26.705	176
Species_PA1_RUN1_MARS	96	1939	269	39	26.301	10.685	-15.616	365
Species_PA1_RUN1_FDA	75	1882	336	50	18.248	12.165	-6.083	411

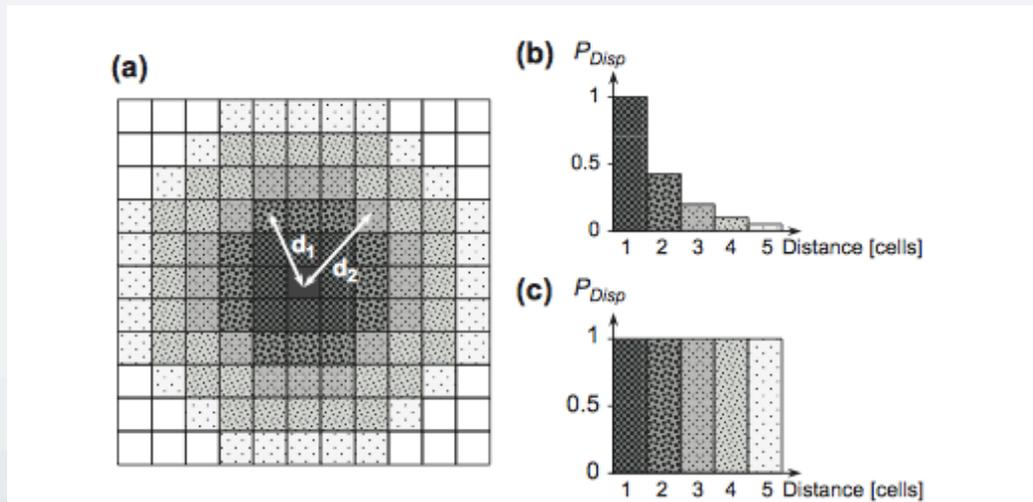
	FutureRangeSize.NoDisp	FutureRangeSize.FullDisp
Species_PA1_RUN1_SRE	239	268
Species_PA1_RUN1_CTA	184	247
Species_PA1_RUN1_RF	99	129
Species_PA1_RUN1_MARS	269	308
Species_PA1_RUN1_FDA	336	386

`plot(myBiomodRangeSize$Diff.By.Pixel)` # Changement par pixel pour tous les modèles



## Modèles de dispersion couplés aux modèles de niche

- “Modèles hybrides”
- Particulièrement intéressant dans le contexte des changements globaux (invasions, changement climatique)



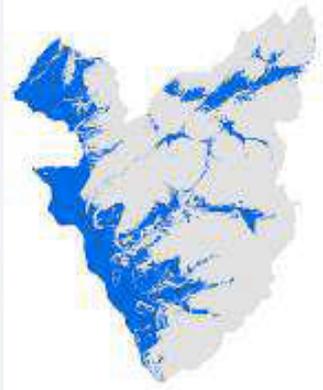
→ Engler R., Hordijk W. and Guisan A. The MIGCLIM R package – seamless integration of dispersal constraints into projections of species distribution models. *Ecography*, in review.

→ Engler R. and Guisan A., 2009. MIGCLIM: Predicting plant distribution and dispersal in a changing climate. *Diversity and Distributions*, 15 (4), 590-601.

→ Engler R., Randin C.F., Vittoz P., Cz.ka T., Beniston M., Zimmermann N.E. and Guisan A., 2009. Predicting future distributions of mountain plants under climate change: does dispersal capacity matter? *Ecography*, 32 (1), 34-45.

**Données**

Distribution actuelle



Série temporelle de distributions potentielles futures



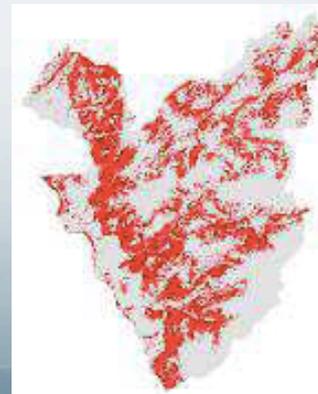
= = =



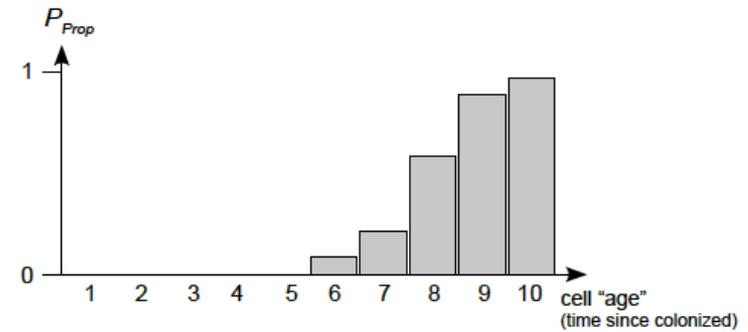
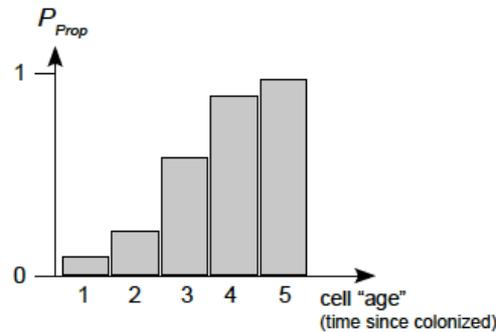
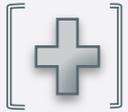
Fonction de dispersion de l'espèce?



Barrières?



## Production de propagules avec l' 'âge' de la colonisation



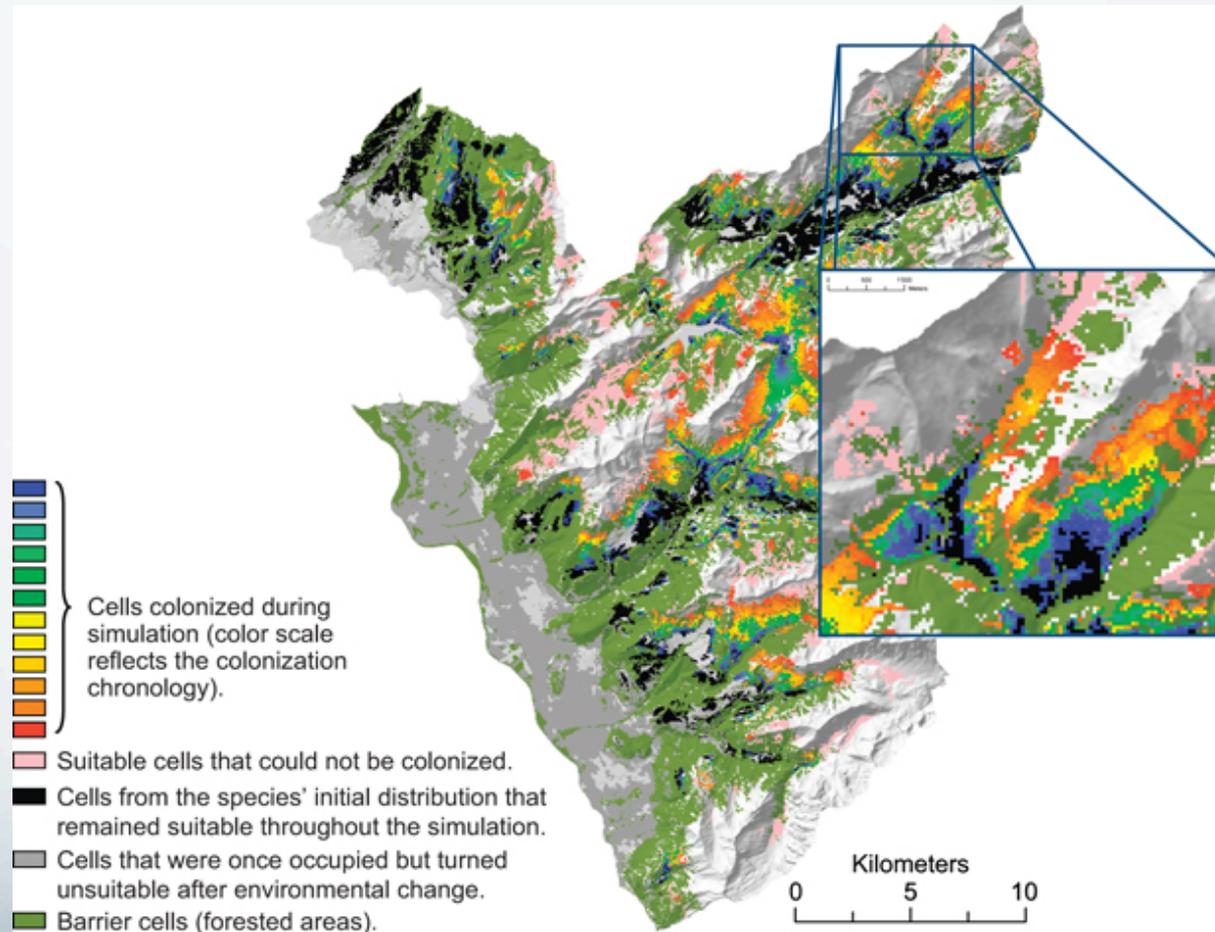
## Dispersion à longue distance (rare)



## MigClim.migrate(

```
iniDist="InitialDist", # la distribution initiale (carte prés/abs)
hsMap="HSmap", # carte(s) de suitability (output de de Biomod par ex.)
rcThreshold=500, # les valeurs vont de 1 à 1000 chez MigClim!!
envChgSteps=40, # Nombre de cartes successives (1 = pas de changement)
dispSteps=1, # dispersion entre les changements environnementaux
dispKernel=c(1.0,0.4,0.16,0.06,0.03), #ex. exponentielle négative
barrier="", barrierType="strong",
iniMatAge=6,
propaguleProd=c(0.02, 0.1, 0.5, 0.9), # par ex. temps jusqu'à production de
propagule
lddFreq=0.01, # dispersion rare à longue distance
lddMinDist=10,
lddMaxDist=100,
simulName="MigClimTest",
replicateNb=3, # nombre de répétitions
overWrite=FALSE,
testMode=FALSE,
fullOutput=FALSE,
keepTempFiles=FALSE)
```

## MigClim.plot()

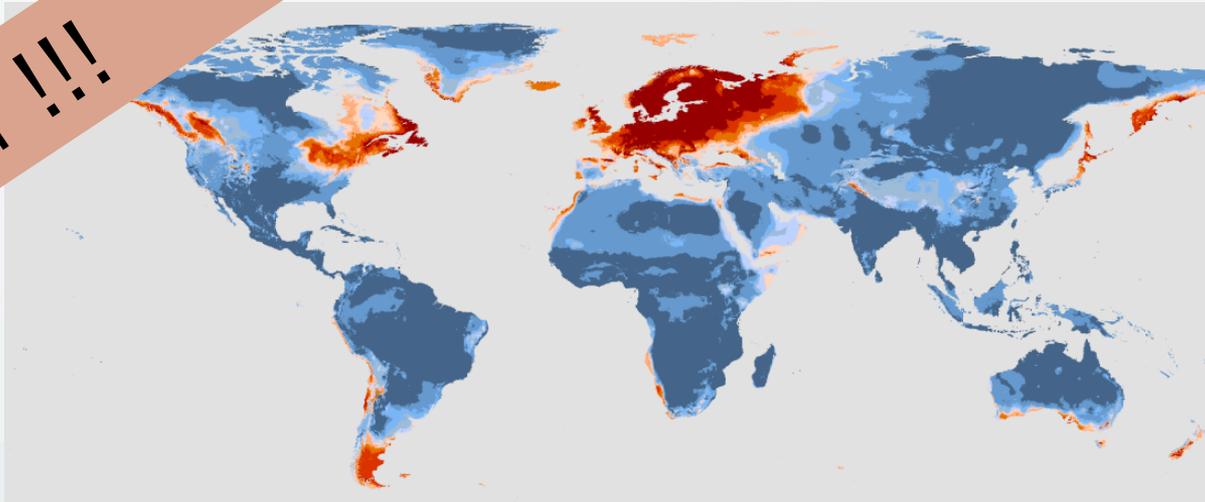


MigClim.userGuide()

# Prédiction de la distribution spatiale en écologie :

Modèles de niche et dispersion  
avec les packages Biomod2 et MigClim

MERCI !!!



Cleo Bertelsmeier  
Université de Lausanne