

Modèle SDM-Connectivity

Fiche de présentation

SDM-Connectivity en quelques mots

SDM-Connectivity est un script R qui utilise des données d'occurrence d'espèce, des données génétiques, et environnementales (climatiques, paysagères) pour tester des modèles de différenciation génétique couplant théorie de la niche et théorie des circuits.

Laboratoire de développement : IRD BEI « Biodiversité et évolution des complexes plantes-insectes ravageurs-antagonistes », c/o CNRS LEGS.

Site internet : <http://datadryad.org/resource/doi:10.5061/dryad.081q1?show=full>

Contact : Stéphane Dupas

Description détaillée

Les données :

- ↳ Des données d'abondance de l'espèce.
- ↳ Des cartes de variables environnementales (résolution correspondant à la distance maximale de dispersion par génération).
- ↳ Des matrices de distance génétique (Fst / (1-Fst)).
- ↳ Les opérations réalisées par le script :
- ↳ Optimise des modèles de niche de type GLM et GAM à partir de données d'abondance ;
- ↳ Crée des distributions mosaïques dans le cas d'espèces comprenant des populations écologiquement différenciées.
- ↳ Compare les différents modèles (GAM, GLM et mosaïques) et les sorties du modèle Maxent à partir du critère AUC (avec analyse de sensibilité au seuil choisi pour transformer en données présence-absence) ou de la corrélation entre prédiction sur données d'entraînement et observations sur données de test ;
- ↳ Exporte en utilisant le meilleur modèle des cartes de projections de distribution, passées présentes et futures, à partir de scénarios climatiques ;
- ↳ Calcule à partir des projections la résistance entre les points d'échantillonnage génétique. Cette résistance est théoriquement reliée linéairement à la distance génétique ;

- ↳ Effectue des tests de Mantel, et des analyses RDA (Redundant discriminant analysis) pour tester le modèle de circuit et estimer la part de différenciation génétique expliquée.

Principe : prédire à partir de la modélisation de niche et la théorie des circuits, la différenciation génétique attendue à l'équilibre en milieu hétérogène avec migration de proche en proche.

Domaine d'application : coupler données environnementales à des données génétiques.

Tester des modèles de différenciation génétique. S'applique à des espèces pour lesquelles le modèle de migration de proche en proche est valide.

Limitations : repose sur l'hypothèse d'une migration isotrope.

Initialisation, paramètres ajustables, variables d'entrée / forçages

Variables d'entrée : répertoires de couches SIG bioclimatiques (format ASCII), matrice de distance génétique entre individus (« a-value.csv », méthode Rousset, 2000), tableau d'abondance avec coordonnées spatiales (exemple : « insect.csv »), coordonnées géographiques des échantillons génétiques.

Paramétrage : à modifier dans le fichier « Commands.R »

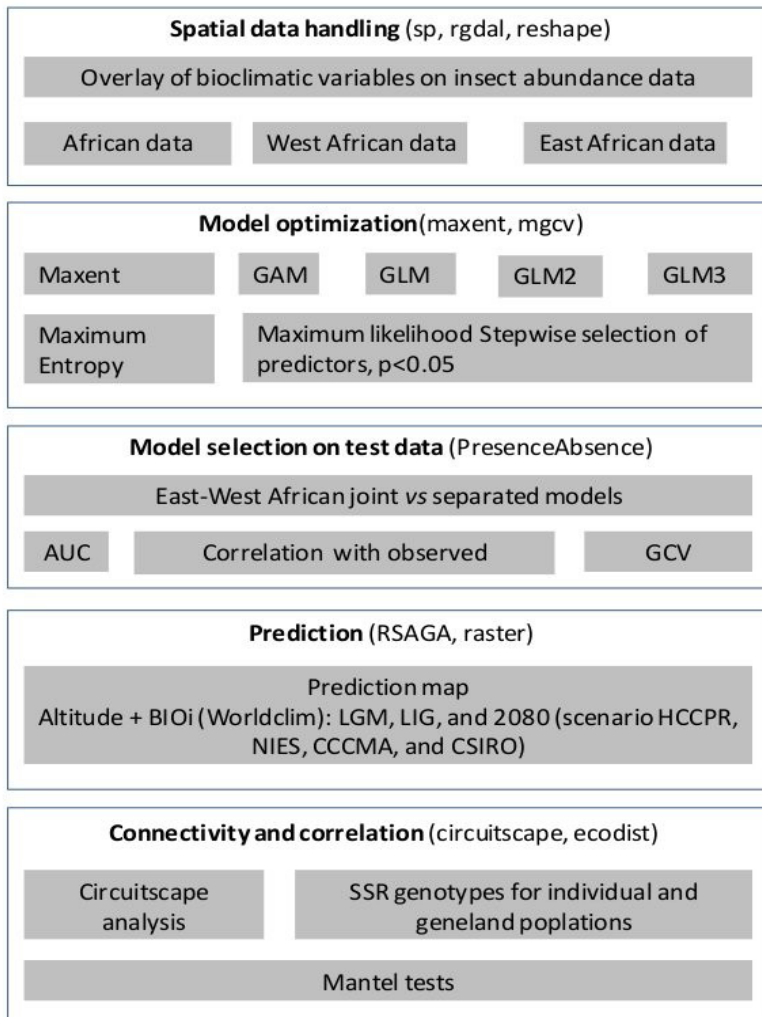
Procedures (R libraries & software)

Figure 1. Workflow diagramme for the connectivity analysis based on species distribution modeling

Variables de sortie principales

Fichiers :

- Image de ROC-plot pour la comparaison des modèles de distribution d'espèce à l'aide du critère AUC.
- Fichier csv de comparaison de modèles par corrélation train-test.
- fichier csv resultMantelShort.csv et resultsRDA.csv : résultats des tests de mantel et analyses discriminantes de redondance.

Couplage

Forçage possible par des modèles de scénarios climatiques et paysagers

Caractéristiques techniques

- ↳ Logiciel pré-requis : R (un fichier « install_libraries.txt » est fourni pour installer les bibliothèques nécessaires), circuitscape, Maxent
- ↳ Langage informatique : R
- ↳ Système d'exploitation : Linux, Windows, Mac
- ↳ Nombre de lignes de code : 1796
- ↳ Présence d'un guide d'utilisation : <http://datadryad.org/resource/doi:10.5061/dryad.081q1?show=full>

Publications - Références

Dupas, S., Le Ru, B., Branca, a, Faure, N., Gigot, G., Campagne, P., et al. (2014). Phylogeography in continuous space: coupling species distribution models and circuit theory to assess the effect of contiguous migration at different climatic periods on genetic differentiation in *Busseola fusca* (Lepidoptera: Noctuidae). *Mol. Ecol.*, 33, 1-13.