

Un guide pratique du package vegan pour les analyses en écologie des communautés

F. Guillaume Blanchet



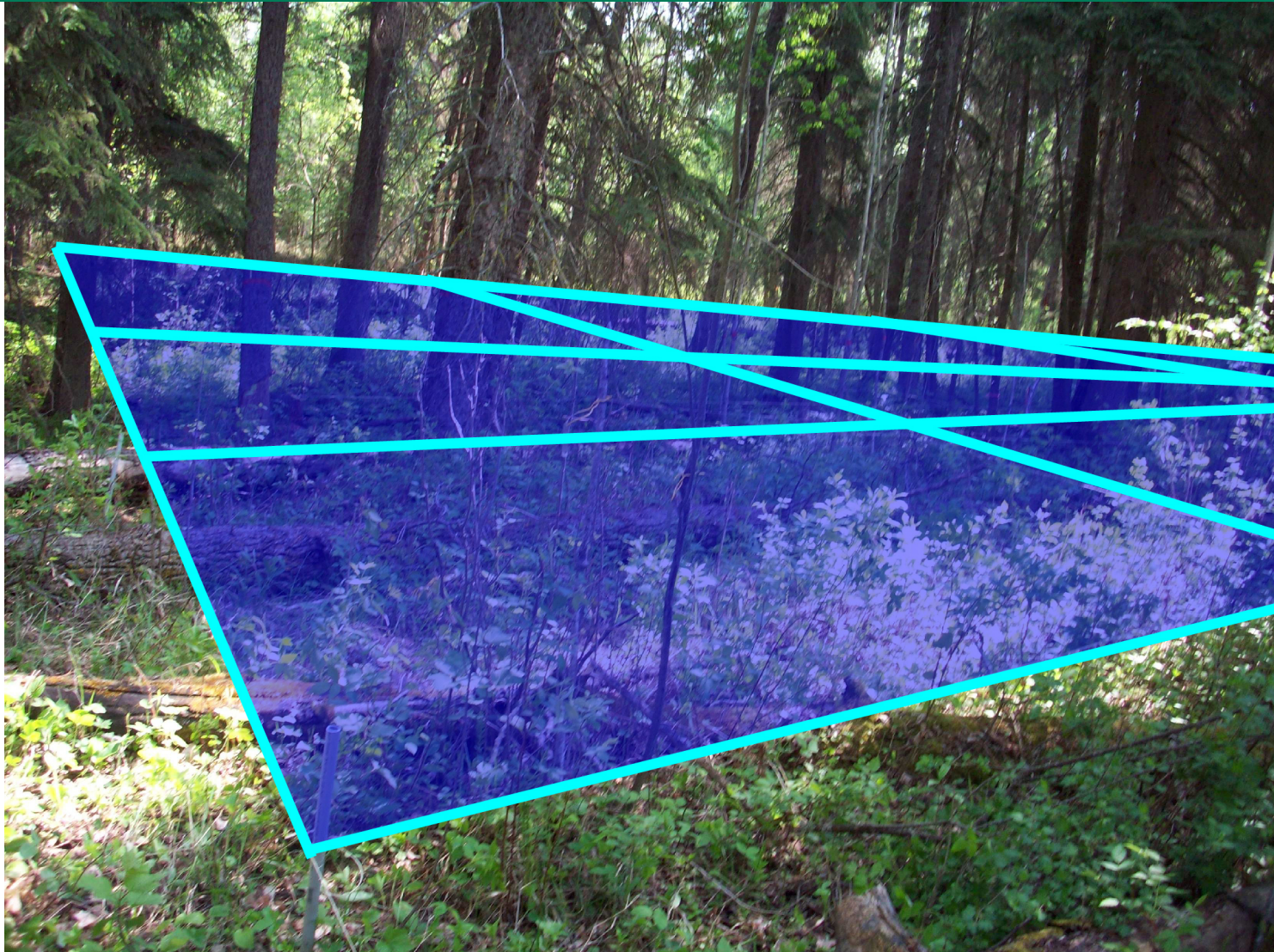
UNIVERSITÉ DE
SHERBROOKE

Qu'est-ce que l'écologie des communautés ?



Qu'est-ce que l'écologie des communautés ?

Les données en écologie des communautés



Qu'est-ce que l'écologie des communautés ?

Les données en écologie des communautés



Quelques informations sur **vegan**

Pour ceux qui se posait la question : **vegetation analysis**

Toujours en développement depuis plus de 15 ans

Maintenant sur GitHub



Beaucoup plus de développeurs

Jari Oksanen

F. Guillaume Blanchet

Michael Friednly

Roeland Kindt

Pierre Legendre

Dan McGlinn

Peter R. Minchin

Robert B. O'Hara

Gavin L. Simpson

Péter Sólymos

M Henry H. Stevens

Eduard Szöecs

Helene H. Wagner

Quelques informations sur vegan

15 jeux de données (pas seulement sur des plantes)

446 fonctions

+ de 21000 lignes de code R

+ de 3900 lignes de code C et Fortran

Manuel de référence de 292 pages

Cinq vignettes d'aide

Dépendance

`permut`

`lattice`

Compatibilité

Rétrocompatible avec les versions précédentes

Plan de la présentation

Comment illustrer plus de 15 ans de travail en 20 minutes ?

moins de

Plan de la présentation

Comment illustrer plus de 15 ans de travail en 20 minutes ?

moins de

En essayant de comprendre ce qui structure la distribution d'un groupe d'espèces

Avec un jeu de données du disponible dans vegan



Jeux de données utilisés

Les oribates de la station de biologie des Laurentides



©Maria Minor

49 morpho-espèces

Communauté
d'espèces



`data (mite)`



©Richard Carignan

Station de biologie des Laurentides

Variables
environnementales

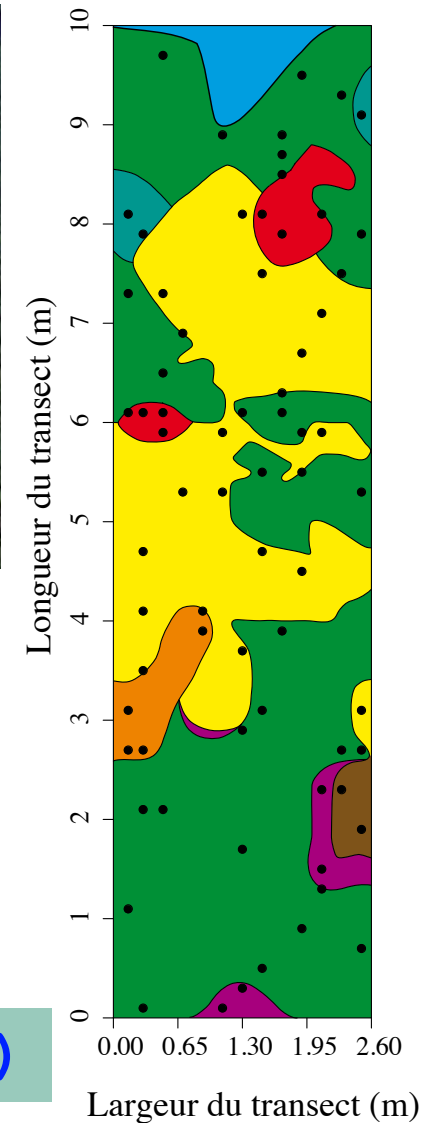


`data (mite.env)`

Coordonnées
géographiques



`data (mite.xy)`



Jeux de données utilisés

Les oribates de la station de biologie des Laurentides

`mite`

	Brachy	PHTH	HPAV	RARD	SSTR	Protopl	MEGR	MPRO	TVIE	HMIN	HMIN2	NPRA	TVEL
1	17	5	5	3	2	1	4	2	2	1	4	1	17
2	2	7	16	0	6	0	4	2	0	0	1	3	21
3	4	3	1	1	2	0	3	0	0	0	6	3	20
4	23	7	10	2	2	0	4	0	1	2	10	0	18
5	5	8	13	9	0	13	0	0	0	3	14	3	32
6	19	7	5	9	3	2	3	0	0	20	16	2	13
...													
68	6	0	22	0	0	0	0	0	3	0	0	4	0
69	20	2	4	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3
70	5	0	11	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0

`dim(mite)`

`[1] 70 35`

Jeux de données utilisés

Les oribates de la station de biologie des Laurentides

```
mite.env
```

```
      SubsDens  WatrCont  Substrate  Shrub    Topo
1         39.18    350.15    Sphagn1  Few  Hummock
2         54.99    434.81     Litter  Few  Hummock
3         46.07    371.72  Interface  Few  Hummock
4         48.19    360.50    Sphagn1  Few  Hummock
5         23.55    204.13    Sphagn1  Few  Hummock
6         57.32    311.55    Sphagn1  Few  Hummock
...
68        29.24    590.11    Sphagn1  None Blanket
69        29.33    479.23    Sphagn1  Many Hummock
70        22.36    517.36    Sphagn1  Many Hummock
```

```
dim(mite.env)
```

```
[1] 70 5
```

Jeux de données utilisés

Les oribates de la station de biologie des Laurentides

```
mite.xy
```

```
      x  y
1  0.20 0.1
2  1.00 0.1
3  1.20 0.3
4  1.40 0.5
5  2.40 0.7
6  1.80 0.9
...
68 2.20 9.3
69 1.80 9.5
70 0.40 9.7
```

```
dim(mite.xy)
```

```
[1] 70 2
```

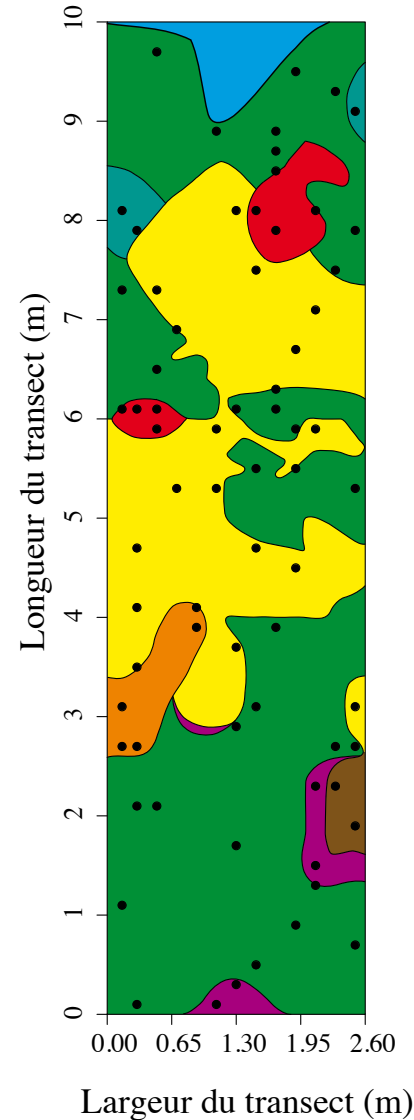
Comment sont distribuées les espèces à travers les échantillons ?

Il y a plusieurs façons de répondre à cette question...

Diversité α

Diversité β

Diversité γ



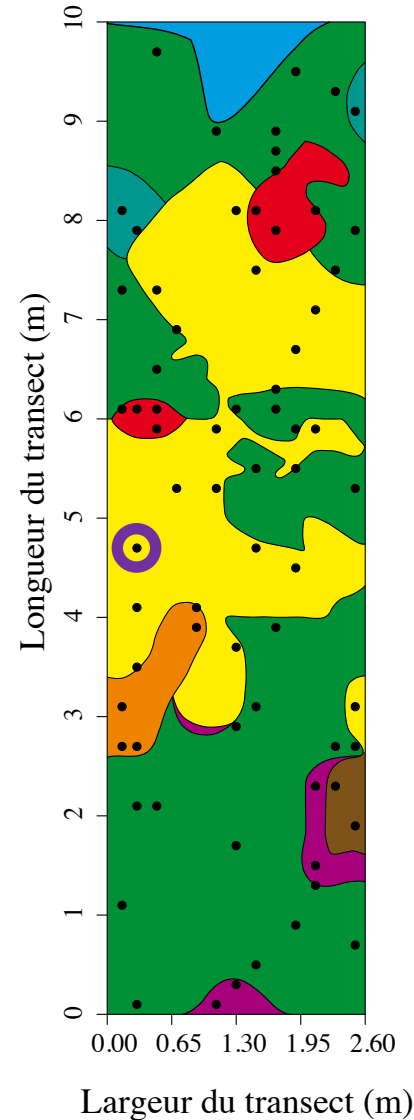
Comment sont distribuées les espèces à travers les échantillons ?

Il y a plusieurs façons de répondre à cette question...

Diversité α

Diversité β

Diversité γ



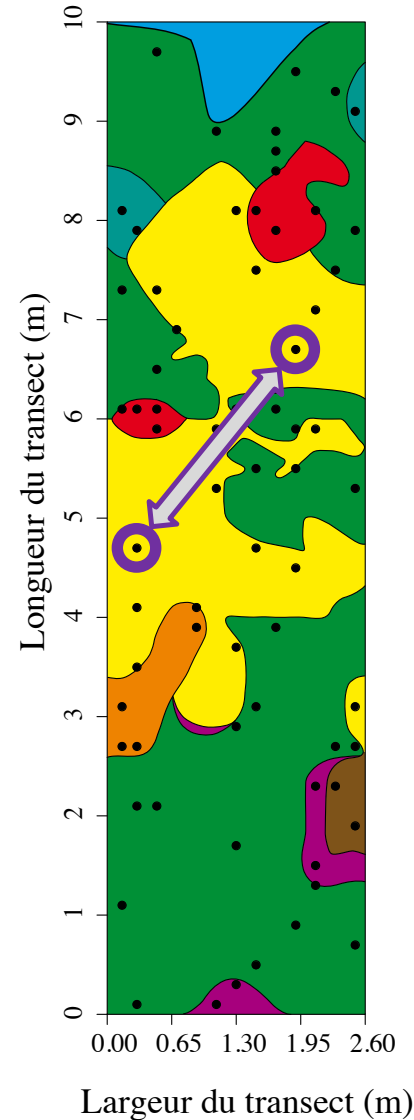
Comment sont distribuées les espèces à travers les échantillons ?

Il y a plusieurs façons de répondre à cette question...

Diversité α

Diversité β

Diversité γ



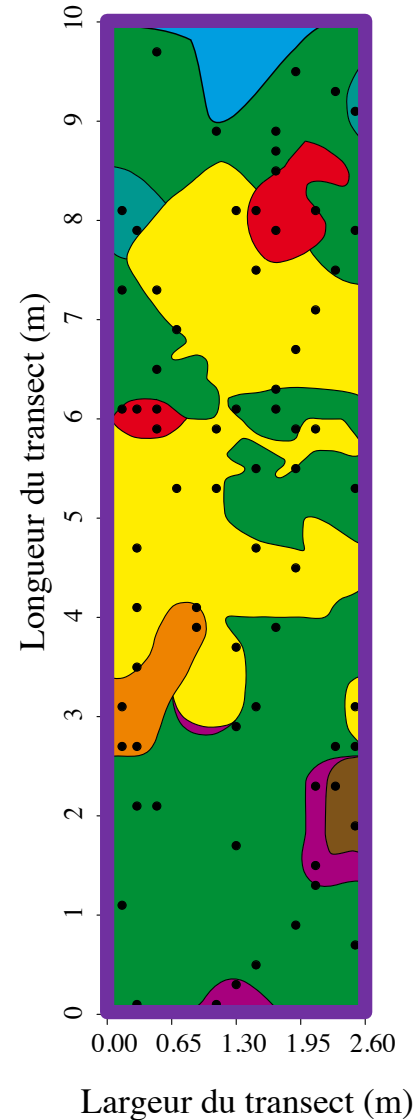
Comment sont distribuées les espèces à travers les échantillons ?

Il y a plusieurs façons de répondre à cette question...

Diversité α

Diversité β

Diversité γ



Comment sont distribuées les espèces à travers les échantillons ?

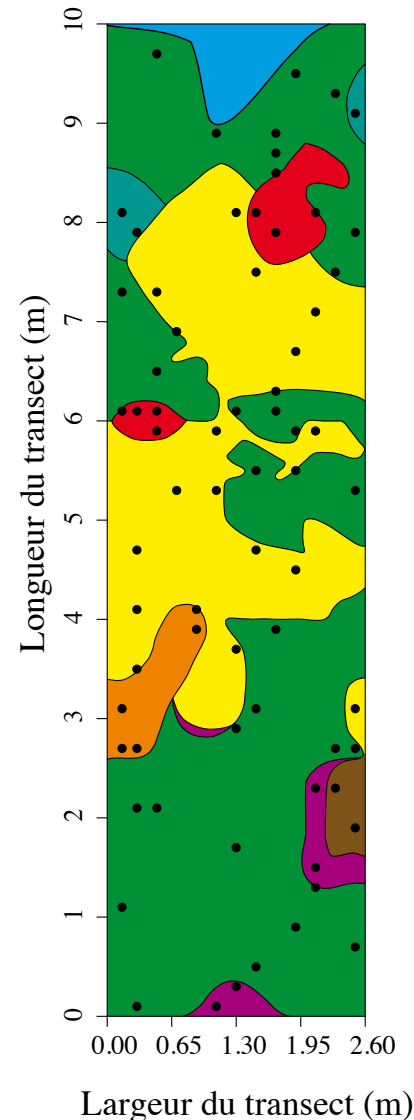
Il y a plusieurs façons de répondre à cette question...

Diversité α

Diversité β

Diversité γ

Se mesure de la même façon



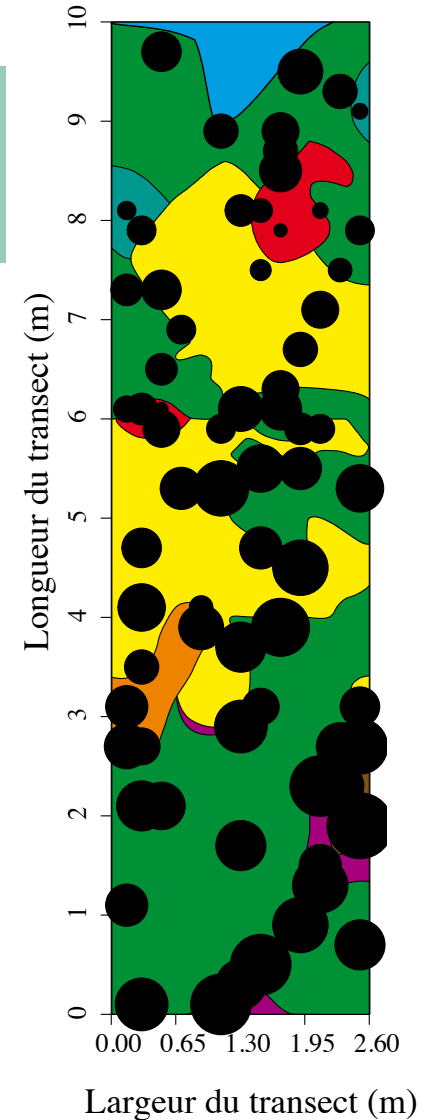
Diversité α

Indices de diversité

```
nsp <- specnumber(mite)
```

```
 1  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 ...  
20 23 19 23 19 21 16 21 16 19 25 19 18 23 18 17 14 18 21 ...
```

Plus on se rapproche de l'eau, moins il y a d'espèces



Autres fonctions de vegan



Indices de diversité α

`fisher.alpha`

`diversity`

`renyi`

`tsallis`

`specnumber`

Diversité α

Courbe d'accumulation d'espèces

```
accum1 <- specaccum(mite, method = "exact")
```

```
accum1
```

Sites	1.00000	2.00000	3.00000	4.00000	5.00000	...
Richness	15.11429	21.62899	25.37589	27.76868	29.39372	...
sd	4.60913	4.54337	4.21962	3.84273	3.48040	...

```
accum2 <- specaccum(mite, method = "random")
```

```
accum2Fit <- fitspecaccum(accum2, model = "arrhenius")
```

Diversité α

Courbe d'accumulation d'espèces

```
accum1 <- specaccum(mite, method = "exact")
```

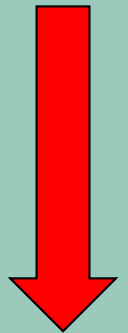
```
accum1
```

Sites	1.00000	2.00000	3.00000	4.00000	5.00000	...
Richness	15.11429	21.62899	25.37589	27.76868	29.39372	...
sd	4.60913	4.54337	4.21962	3.84273	3.48040	...

```
accum2 <- specaccum(mite, method = "random")
```

```
accum2Fit <- fitspecaccum(accum2, model = "arrhenius")
```

$$S = \alpha A^\beta$$



Diversité α

Courbe d'accumulation d'espèces

```
accum1 <- specaccum(mite, method = "exact")
```

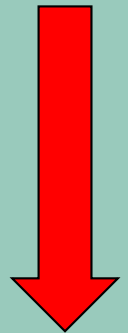
```
accum1
```

Sites	1.00000	2.00000	3.00000	4.00000	5.00000	...
Richness	15.11429	21.62899	25.37589	27.76868	29.39372	...
sd	4.60913	4.54337	4.21962	3.84273	3.48040	...

```
accum2 <- specaccum(mite, method = "random")
```

```
accum2Fit <- fitspecaccum(accum2, model = "arrhenius")
```

$$S = \alpha A^\beta$$



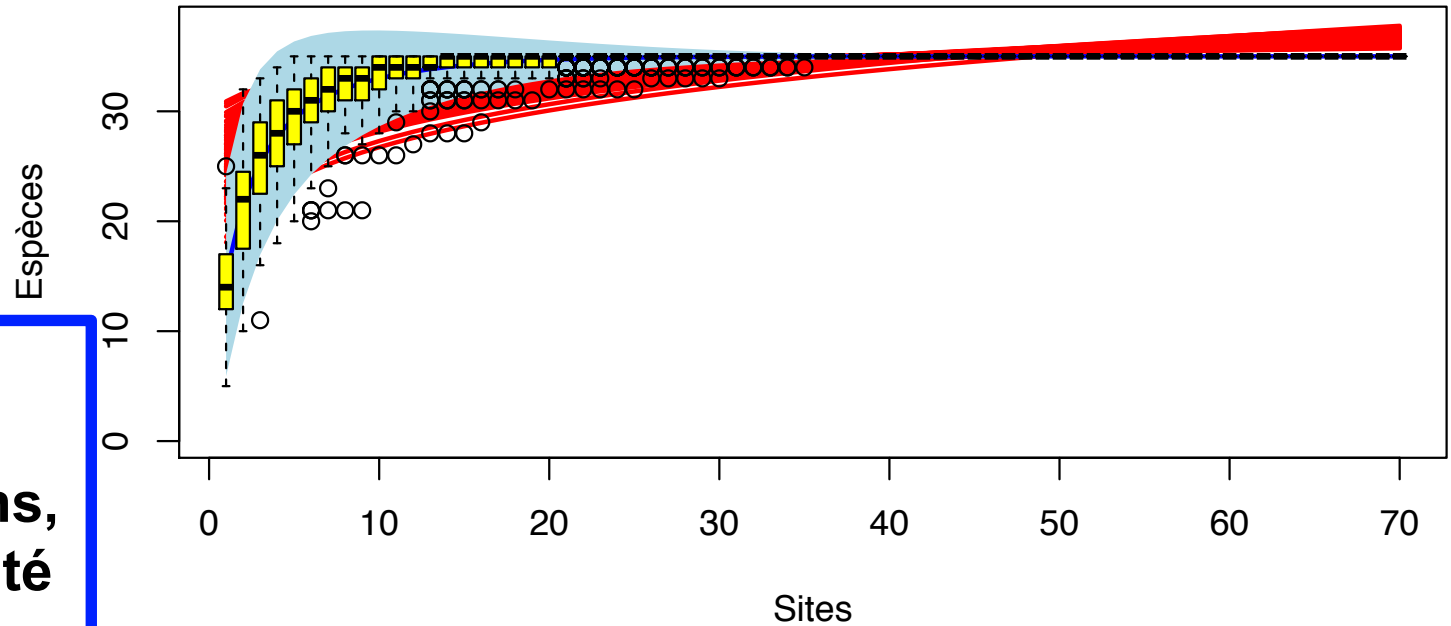
```
plot(accum2Fit, col = "red",  
     ylim = c(0, ncol(mite)+3), ylab = "Espèces")  
plot(accum1, ci.type = "poly", col = "blue",  
     ci.col = "lightblue", add = TRUE)  
boxplot(accum2, col = "yellow", add = TRUE)
```

Diversité α

Courbe d'accumulation d'espèces

On semble n'avoir manqué que quelques espèces dans le transect échantillonné

En moyenne, en considérant une dizaine d'échantillons, on recense la majorité des espèces



```
plot(accum2Fit, col = "red",  
     ylim = c(0, ncol(mite)+3), ylab = "Espèces")  
plot(accum1, ci.type = "poly", col = "blue",  
     ci.col = "lightblue", add = TRUE)  
boxplot(accum2, col = "yellow", add = TRUE)
```

Autres fonctions de vegan

Courbe d'accumulation d'espèces

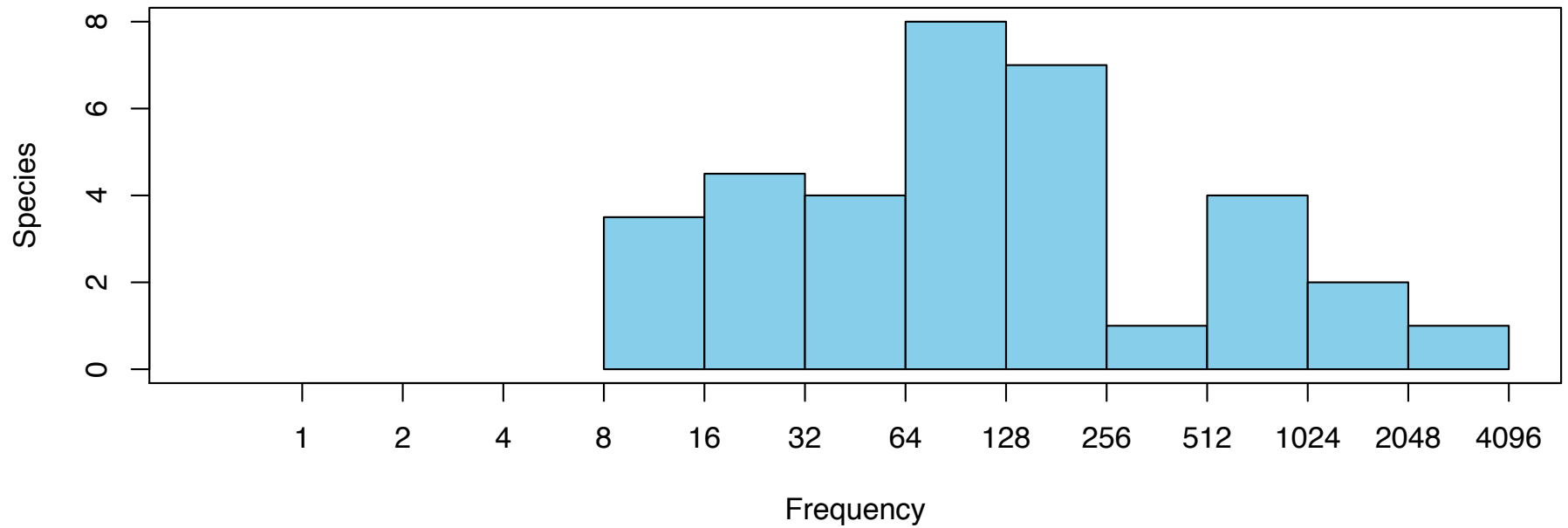
<code>renyiaccum</code>	<code>estaccumR</code>
<code>tsallisaccum</code>	<code>poolaccum</code>
<code>rarefy</code>	<code>specpool</code>
<code>rrarefy</code>	<code>estimateR</code>
<code>drarefy</code>	<code>specaccum</code>
<code>rarecurve</code>	<code>fitspecaccum</code>
<code>rareslope</code>	

Indices de diversité α

- `fisher.alpha`
- `specnumber`
- `renyi`
- `tsallis`
- `specnumber`

Diversité α

Courbe d'abondance d'espèces



Diversité α

Courbe d'abondance d'espèces

```
preston <- prestonfit(colSums(mite))
```

```
Preston lognormal model
```

```
Method: Quasi-Poisson fit to octaves
```

```
No. of species: 35
```

```
      mode      width      S0  
6.882595 2.692890 5.900031
```

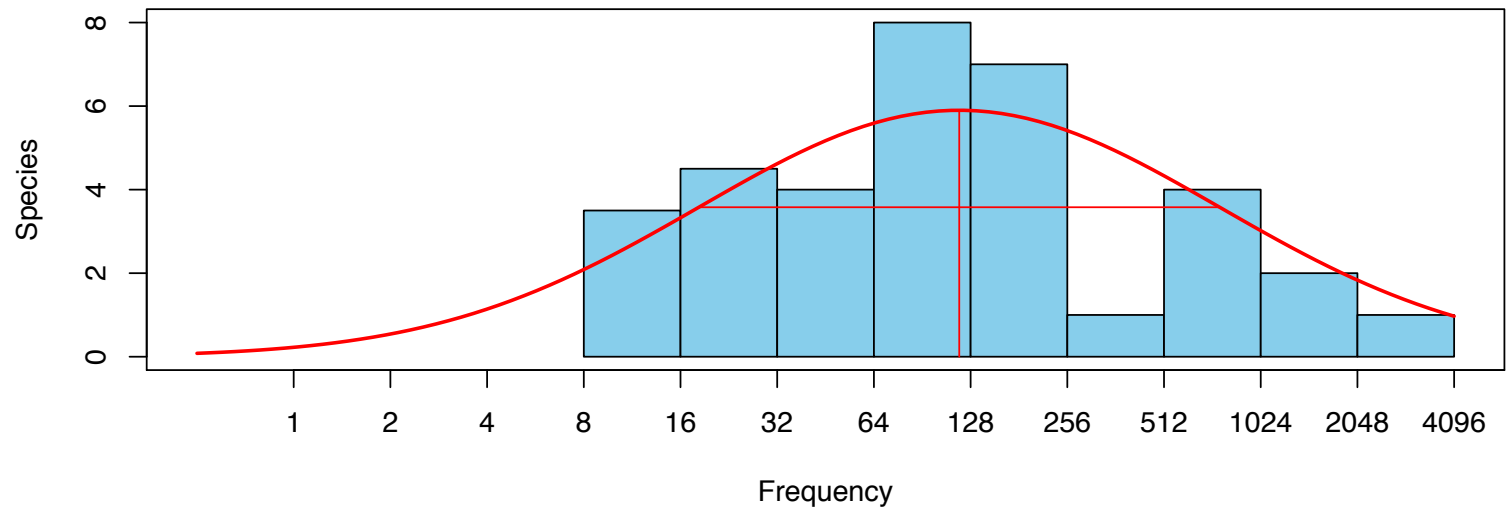
```
Frequencies by Octave
```

	4	5	6	7	8	9	10	
Observed	3.500000	4.500000	4.000000	8.000000	7.000000	1.000000	4.00000	...
Fitted	3.326862	4.620894	5.591499	5.894426	5.413346	4.331128	3.01889	...

Diversité α

Courbe d'abondance d'espèces

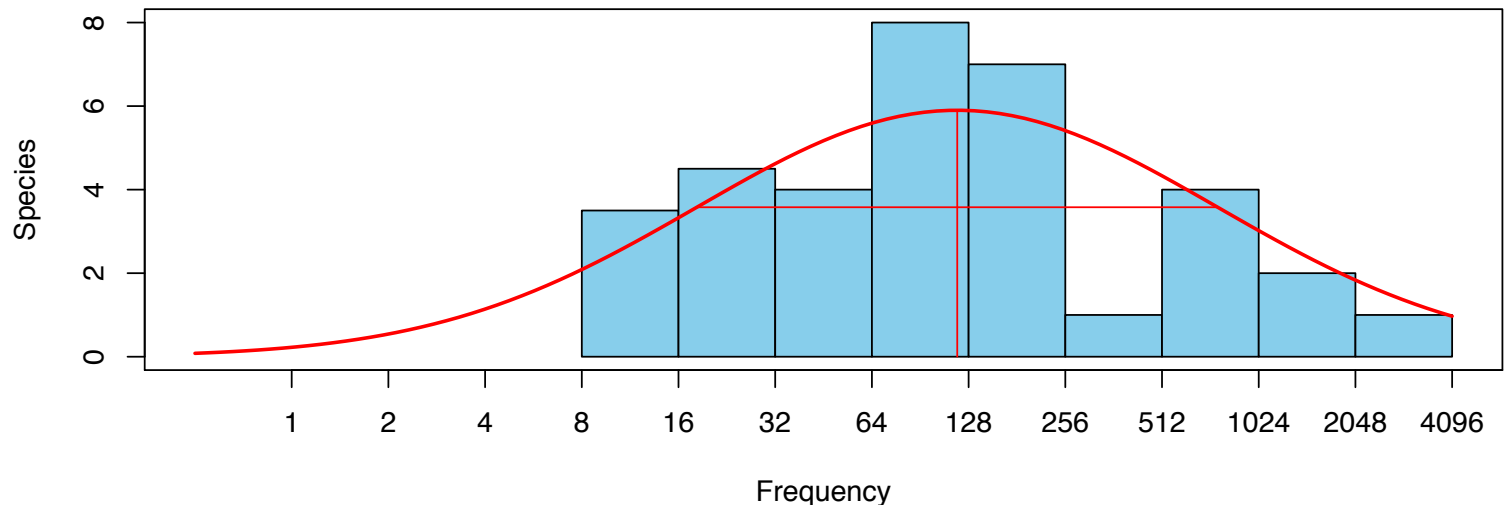
```
preston <- prestonfit(colSums(mite))  
plot(preston)
```



Diversité α

Courbe d'abondance d'espèces

```
preston <- prestonfit(colSums(mite))  
plot(preston)
```



On estime que 4.8 espèces ont été « manqué » lors de l'échantillonnage car elles étaient trop rares

```
veiledspec(preston)
```

Extrapolated	Observed	Veiled
39.825644	35.000000	4.825644

Autres fonctions de vegan

Courbe d'abondance d'espèces

`fisherfit` `rad.null` `rad.zipf`
`prestondistr` `rad.preempt` `rad.zipfbrot`
`radfit` `rad.lognormal`

Courbe d'accumulation d'espèces

`renyiaccum` `estaccumR`
`tsallisaccum` `poolaccum`
`rarefy` `specpool`
`rrarefy` `estimateR`
`drarefy` `specaccum`
`rarecurve` `fitspecaccum`
`rarelope`

Indices de diversité α

`fisher.alpha`
`specnumber`
`renyi`
`tsallis`
`specnumber`

Autres fonctions de vegan

Diversité α

Courbe d'abondance d'espèces

`fisherfit` `rad.null` `rad.zipf`
`prestondistr` `rad.preempt` `rad.zipfbrot`
`radfit` `rad.lognormal`

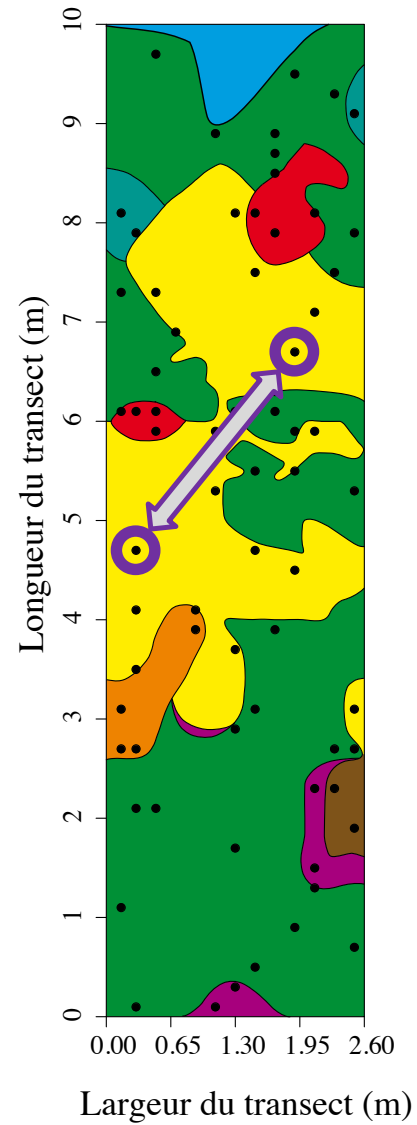
Courbe d'accumulation d'espèces

`renyiaccum` `estaccumR`
`tsallisaccum` `poolaccum`
`rarefy` `specpool`
`rrarefy` `estimateR`
`drarefy` `specaccum`
`rarecurve` `fitspecaccum`
`rarelope`

Indices de diversité α

`fisher.alpha`
`specnumber`
`renyi`
`tsallis`
`specnumber`

Diversité β



Diversité β

Indices de diversité β

Matrices de distances

```
brayMite <- vegdist(mite, method = "bray")
```

```
  1          2          3          4          5          6          7          8
2  0.4656863
3  0.3619632 0.2555066
4  0.4084507 0.2454874 0.2711864
5  0.6224189 0.5717345 0.5636364 0.4432990
6  0.5644699 0.5932914 0.5443038 0.4262626 0.2990196
7  0.5364238 0.5813953 0.5459770 0.4732143 0.3795014 0.1967655
8  0.5714286 0.5634518 0.5256410 0.5242718 0.3538462 0.3552239 0.2847222
    ...          ...          ...          ...          ...          ...          ...          ...
```


Autres fonctions de vegan

Diversité α

Courbe d'abondance d'espèces

`fisherfit` `rad.null` `rad.zipf`
`prestondistr` `rad.preempt` `rad.zipfbrot`
`radfit` `rad.lognormal`

Courbe d'accumulation d'espèces

`renyiaccum` `estaccumR`
`tsallisaccum` `poolaccum`
`rarefy` `specpool`
`rrarefy` `estimateR`
`drarefy` `specaccum`
`rarecurve` `fitspecaccum`
`rarelope`

Indices de diversité α

`fisher.alpha`
`specnumber`
`renyi`
`tsallis`
`specnumber`

Indices de diversité β

`decostand`
`betadiver`
`designdist`
`raupcrick`
`vegdist`

Diversité β

Ordination

Analyse en coordonnées principales

```
acopMite <- wcmdscale(brayMite, eig = TRUE, add = TRUE)
```

```
Call: wcmdscale(d = brayMite, eig = TRUE, add = TRUE)
```

```
      Inertia Rank
```

```
Total   37.83   68
```

```
additive constant 0.335314 (method lingoes)
```

```
Results have 70 points, 68 axes
```

```
Eigenvalues:
```

```
[1] 6.217 2.269 1.690 1.392 1.165 1.057 0.899 0.876 0.763 0.712 0.693  
[12] 0.648 0.600 0.568 0.551 0.537 0.519 0.492 0.476 0.464 0.450 0.446  
[23] 0.430 0.419 0.407 0.406 0.388 0.384 0.380 0.377 0.370 0.364 0.357  
[34] 0.352 0.348 0.344 0.341 0.335 0.333 0.331 0.326 0.322 0.318 0.316  
[45] 0.314 0.309 0.302 0.300 0.295 0.295 0.291 0.290 0.285 0.282 0.277  
[56] 0.276 0.271 0.267 0.265 0.262 0.260 0.250 0.244 0.237 0.233 0.223  
[67] 0.204 0.172
```

```
Weights: Constant
```

Diversité β

Ordination

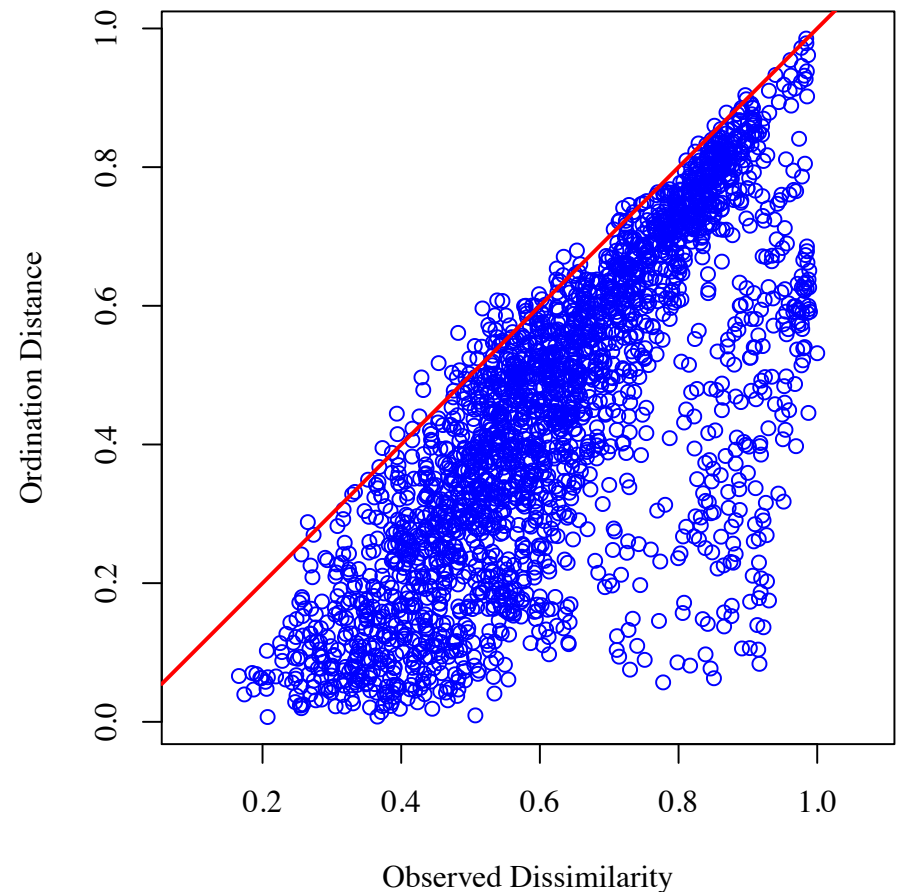
Analyse en coordonnées principales

```
acopMite <- wcmdscale(brayMite, eig = TRUE, add = TRUE)
```

```
stressplot(acopMite)
```

Diagnostique

L'analyse en coordonnées principales sur la distance de Bray-Curtis n'est pas super



Diversité β

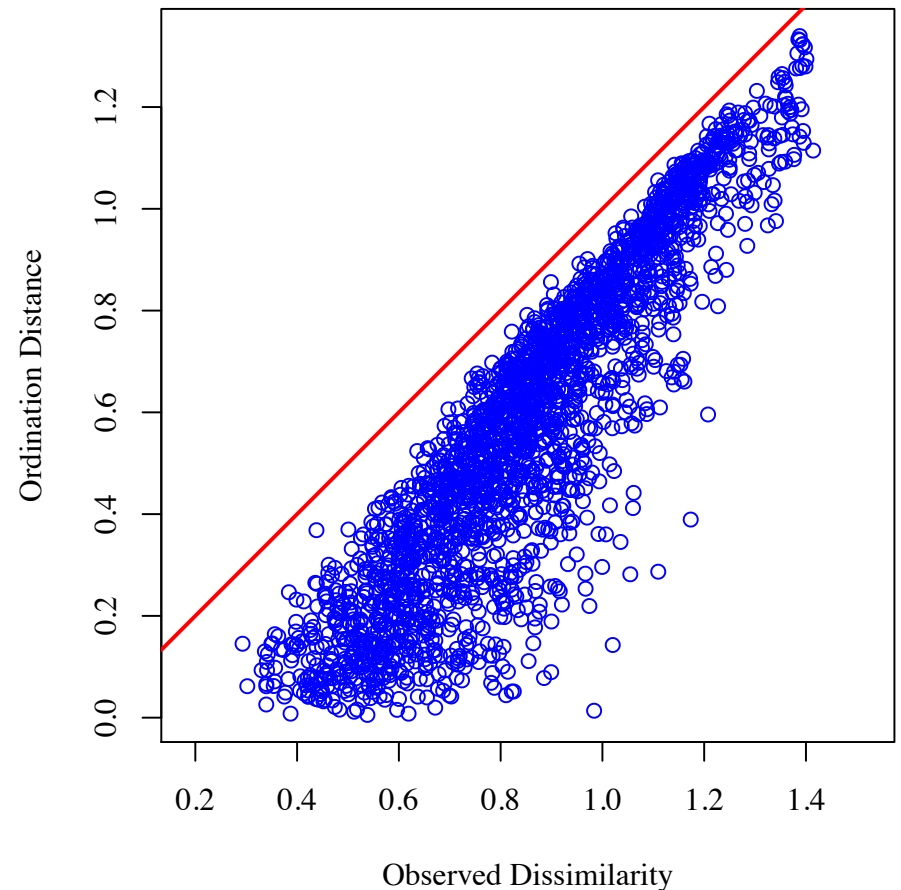
Ordination

Analyse en coordonnées principales

```
hellMite <- dist(decostand(mite, method="hellinger"))  
acopMite <- wcmdscale(hellMite, eig = TRUE, add = TRUE)  
  
stressplot(acopMite)
```

Diagnostic

L'analyse en coordonnées principales sur la distance de Hellinger est meilleur

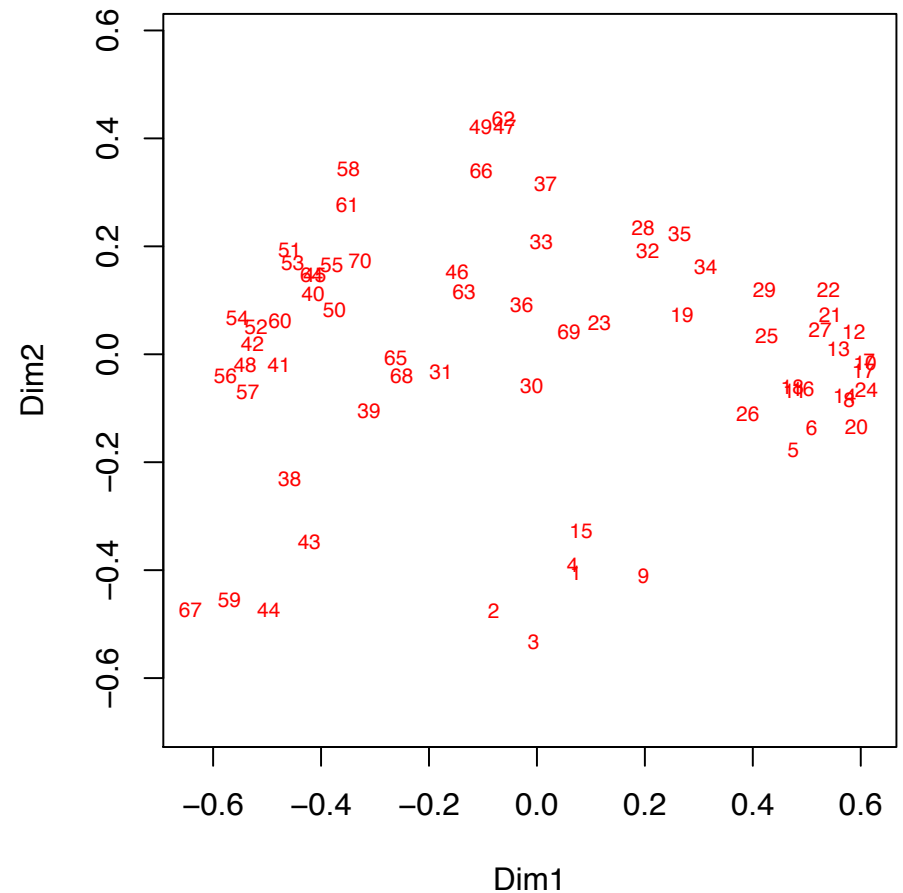


Diversité β

Ordination

Analyse en coordonnées principales

```
hellMite <- dist(decostand(mite, method="hellinger"))  
acopMite <- wcmdscale(hellMite, eig = TRUE, add = TRUE)  
  
plot(acopMite)
```



Autres fonctions de vegan

Diversité α

Courbe d'abondance d'espèces

`fisherfit` `rad.null` `rad.zipf`
`prestondistr` `rad.preempt` `rad.zipfbrot`
`radfit` `rad.lognormal`

Courbe d'accumulation d'espèces

`renyiaccum` `estaccumR`
`tsallisaccum` `poolaccum`
`rarefy` `specpool`
`rrarefy` `estimateR`
`drarefy` `specaccum`
`rarecurve` `fitspecaccum`
`rareslope`

ordination

`decorana`
`wcmdscale`
`monoMDS`
`isoMDS`
`sammon`
`isomap`
`cca`
`rda`

Indices de diversité α

`fisher.alpha`
`specnumber`
`renyi`
`tsallis`
`specnumber`

Indices de diversité β

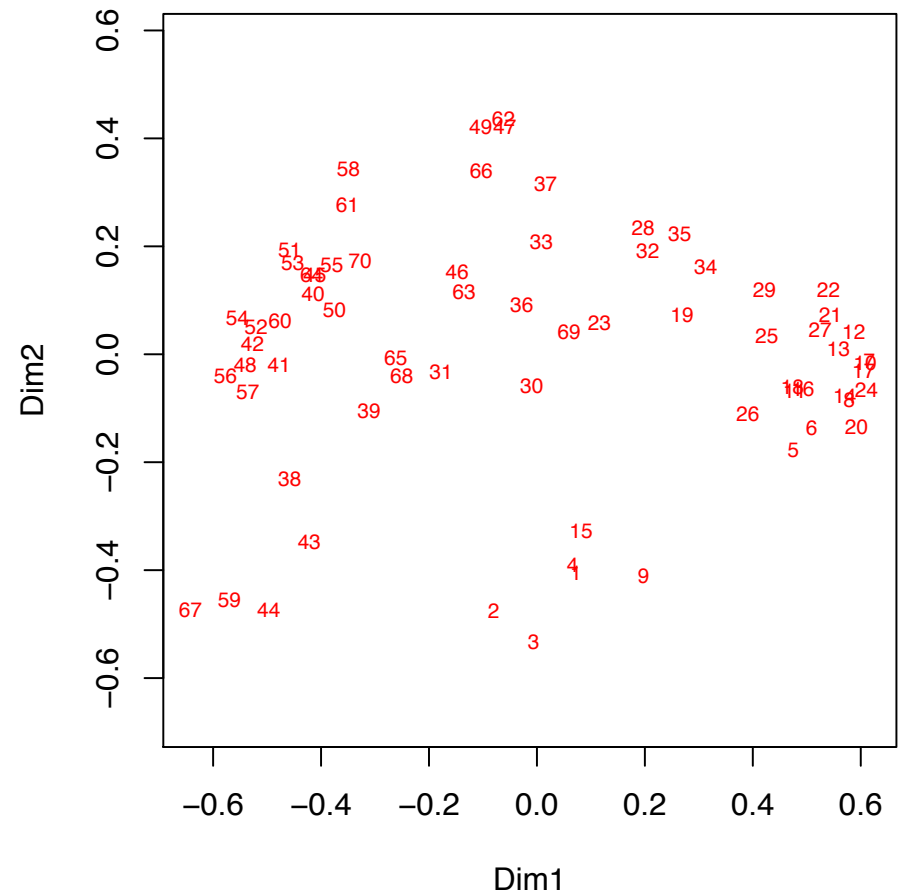
`decostand`
`betadiver`
`designdist`
`raupcrick`
`vegdist`

Diversité β

Ordination

Analyse en coordonnées principales

```
hellMite <- dist(decostand(mite, method="hellinger"))  
acopMite <- wcmdscale(hellMite, eig = TRUE, add = TRUE)  
  
plot(acopMite)
```



Diversité β

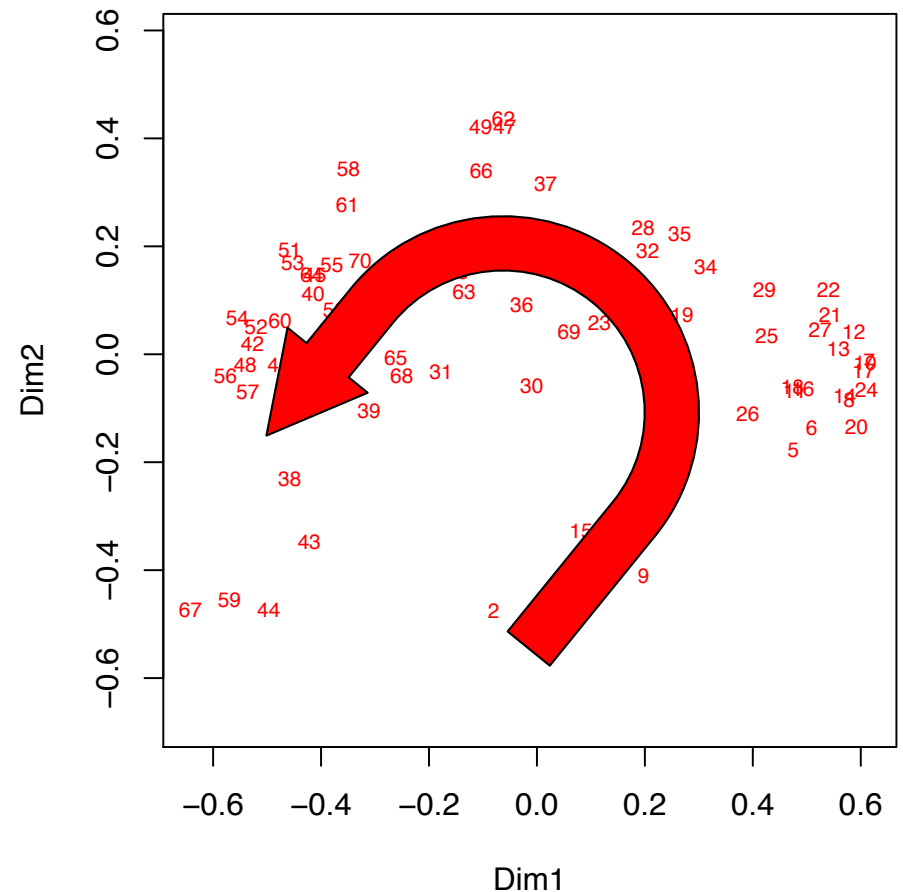
Ordination

Analyse en coordonnées principales

```
hellMite <- dist(decostand(mite, method="hellinger"))  
acopMite <- wcmdscale(hellMite, eig = TRUE, add = TRUE)
```

```
plot(acopMite)
```

Il semble y avoir une structure dans la distribution des échantillons



Diversité β

Ordination

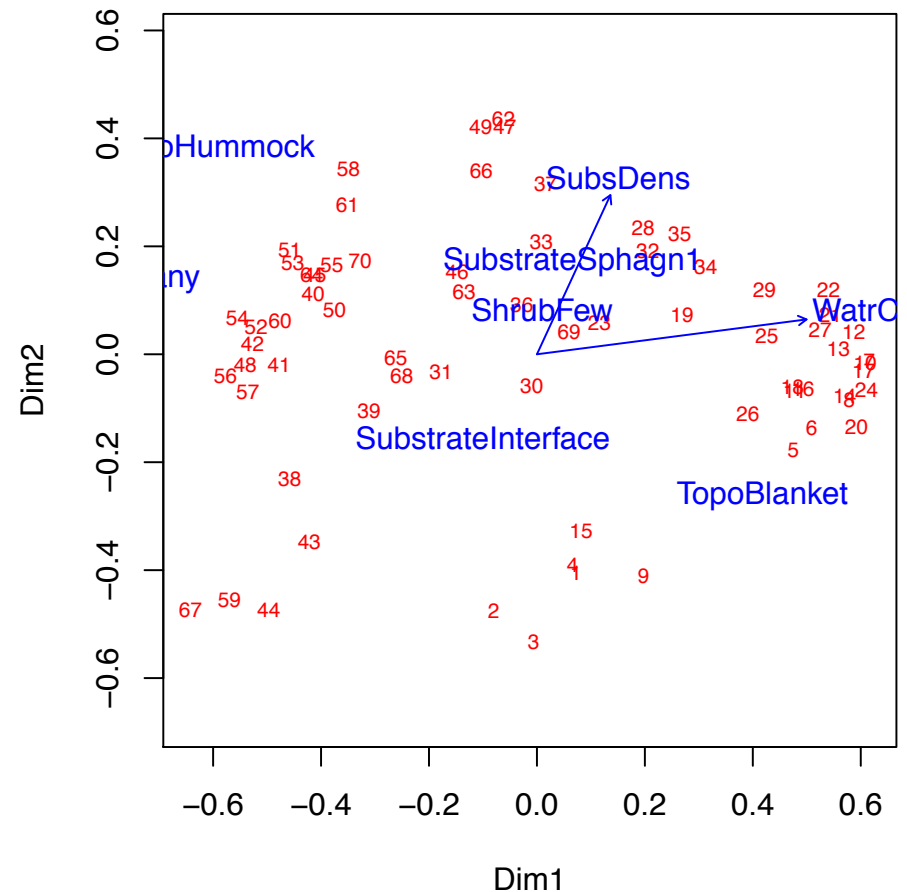
Analyse en coordonnées principales

```
hellMite <- dist(decostand(mite, method="hellinger"))  
acopMite <- wcmdscale(hellMite, eig = TRUE, add = TRUE)
```

```
plot(acopMite)  
plot(envfit(acMite, mite.env))
```

**Ajouter les variables
environnementales *a posteriori***

**Les variables environnementales
mesurées semblent influencer la
similarité entre les échantillons,
mais sont-elles toutes importantes ?**



Diversité β

Ordination

Sélection de variables

```
hell <- decostand(mite, method="hellinger")
rdaBase <- rda(hell~1,data=mite.env)
rdaTout <- rda(hell~.,data=mite.env)
rdaSel<-ordiR2step(rdaBase,scope=formula(rdaTout))
Call: rda(formula = hell ~ WatrCont + Shrub + Substrate + Topo + SubsDens,
data = mite.env)

              Inertia Proportion Rank
Total          0.3943          1.0000
Constrained    0.2076          0.5265    11
Unconstrained  0.1867          0.4735    35
Inertia is variance

Eigenvalues for constrained axes:
      RDA1      RDA2      RDA3      RDA4      RDA5      RDA6      RDA7      RDA8
0.13731 0.02466 0.01382 0.01118 0.00830 0.00548 0.00211 0.00189
Eigenvalues for unconstrained axes:
      PC1      PC2      PC3      PC4      PC5      PC6      PC7      PC8
0.04274 0.02385 0.01720 0.01369 0.01157 0.00968 0.00769 0.00727
(Showned only 8 of all 35 unconstrained eigenvalues)
```

Diversité β

Ordination

Sélection de variables

```
hell <- decostand(mite, method="hellinger")
rdaBase <- rda(hell~1,data=mite.env)
rdaTout <- rda(hell~.,data=mite.env)
rdaSel<-ordiR2step(rdaBase,scope=formula(rdaTout))
Call: rda(formula = hell ~ WatrCont + Shrub + Substrate + Topo + SubsDens,
data = mite.env)
```

	Inertia	Proportion	Rank
Total	0.3943	1.0000	
Constrained	0.2076	0.5265	11
Unconstrained	0.1867	0.4735	35

Inertia is variance

**Toutes les variables
environnementales
sont importantes**

Eigenvalues for constrained axes:

RDA1	RDA2	RDA3	RDA4	RDA5	RDA6	RDA7	RDA8
0.13731	0.02466	0.01382	0.01118	0.00830	0.00548	0.00211	0.00189

Eigenvalues for unconstrained axes:

PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8
0.04274	0.02385	0.01720	0.01369	0.01157	0.00968	0.00769	0.00727

(Showed only 8 of all 35 unconstrained eigenvalues)

Autres fonctions de vegan

Diversité α

Courbe d'abondance d'espèces

fisherfit rad.null rad.zipf
preston distr rad.preempt rad.zipfbrot
radfit rad.lognormal

Courbe d'accumulation d'espèces

renyiaccum estaccumR
tsallisaccum poolaccum
rarefy specpool
rrarefy estimateR
drarefy specaccum
rarecurve fitspecaccum
rareslope

Indices de diversité α

fisher.alpha
specnumber
renyi
tsallis
specnumber

Indices de diversité β

decostand
betadiver
designdist
raupcrick
vegdist

ordination canonique (partielle)

capscale
dbrda
cca
rda
CCorA

Selection de variables

ordistep
ordiR2step
add1.cca
drop1.cca

Diversité β

Ordination multi-échelle

Est-ce que l'espace est important ?

```
msoMite <- mso(rdaSel, mite.xy)
```

```
Call: mso(object.cca = rdaSel, object.xy = mite.xy)
```

```
          Inertia Proportion Rank
Total          0.3943      1.0000
Constrained    0.2076      0.5265   11
Unconstrained  0.1867      0.4735   35
Inertia is variance
```

```
Eigenvalues for constrained axes:
```

```
      RDA1      RDA2      RDA3      RDA4      RDA5      RDA6      RDA7      RDA8
0.13731 0.02466 0.01382 0.01118 0.00830 0.00548 0.00211 0.00189
```

```
Eigenvalues for unconstrained axes:
```

```
      PC1      PC2      PC3      PC4      PC5      PC6      PC7      PC8
0.04274 0.02385 0.01720 0.01369 0.01157 0.00968 0.00769 0.00727
```

```
(Showed only 8 of all 35 unconstrained eigenvalues)
```

```
mso variogram:
```

```
      H  Dist  n  All  Sum  CA  CCA  se
0  0  0.3555  63  0.2042  0.2488  0.1663  0.08252  0.014361
1  1  1.0659 393  0.2473  0.2828  0.1841  0.09869  0.006710
2  2  2.0089 534  0.2987  0.3111  0.1824  0.12872  0.006618 ...
```

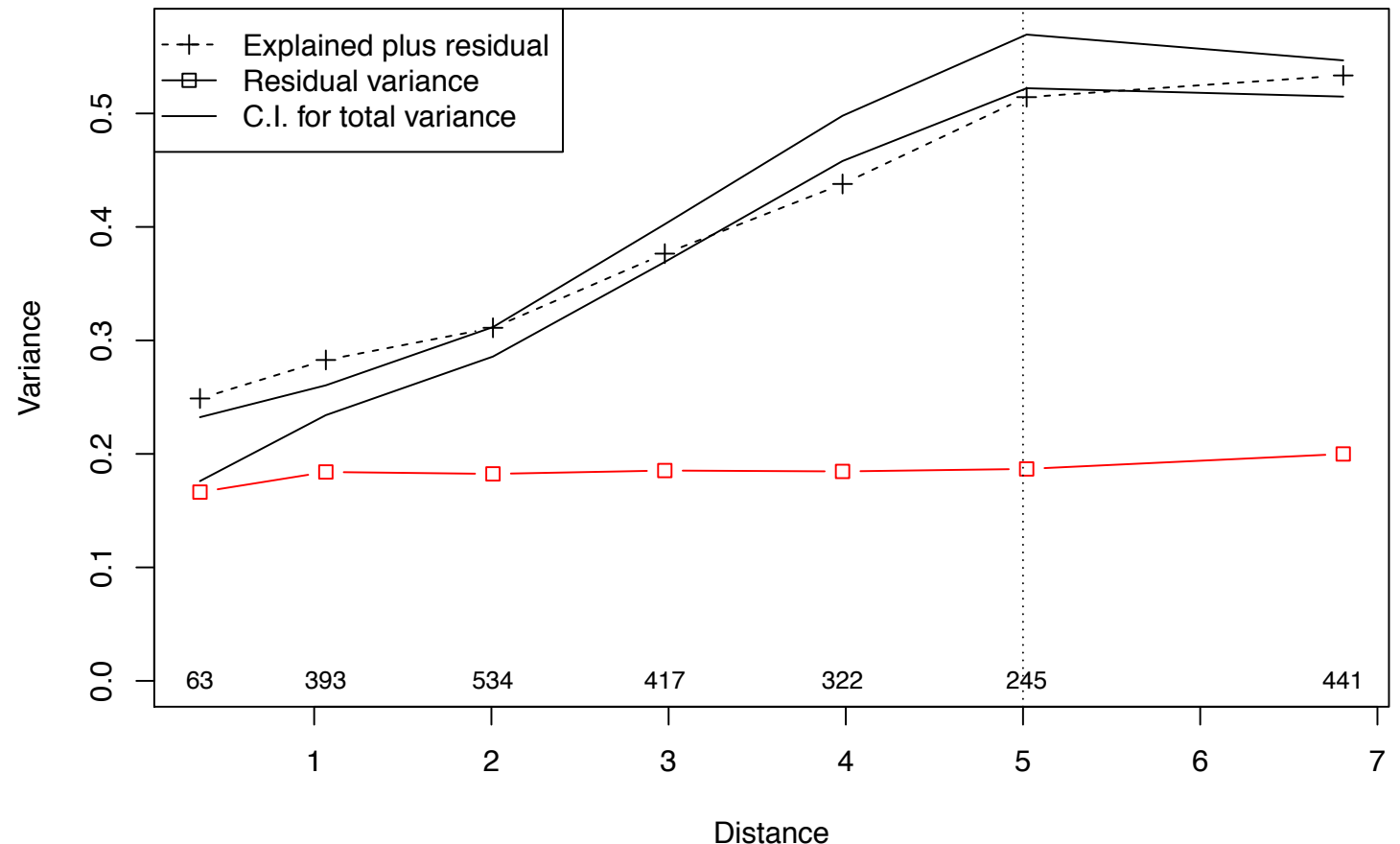
Diversité β

Ordination multi-échelle

Est-ce que l'espace est important ?

```
msoMite <- mso(rdaSel,mite.xy)  
msoplot(msoMite)
```

**Il semble y avoir
une structure
spatiale dans la
distribution de
la communauté
d'oribate**



Autres fonctions de vegan

Diversité α

Courbe d'abondance d'espèces

fisherfit rad.null rad.zipf
preston distr rad.preempt rad.zipfbrot
radfit rad.lognormal

Courbe d'accumulation d'espèces

renyiaccum estaccumR
tsallisaccum poolaccum
rarefy specpool
rrarefy estimateR
drarefy specaccum
rarecurve fitspecaccum
rareslope

Indices de diversité α

fisher.alpha
specnumber
renyi
tsallis
specnumber

Indices de diversité β

decostand
betadiver
designdist
raupcrick
vegdist

ordination canonique (partielle)

capscale
dbrda
cca
rda
CCorA

Selection de variables

ordistep
ordiR2step
add1.cca
drop1.cca

Analyses spatiales

mso
pcnm

Diversité β

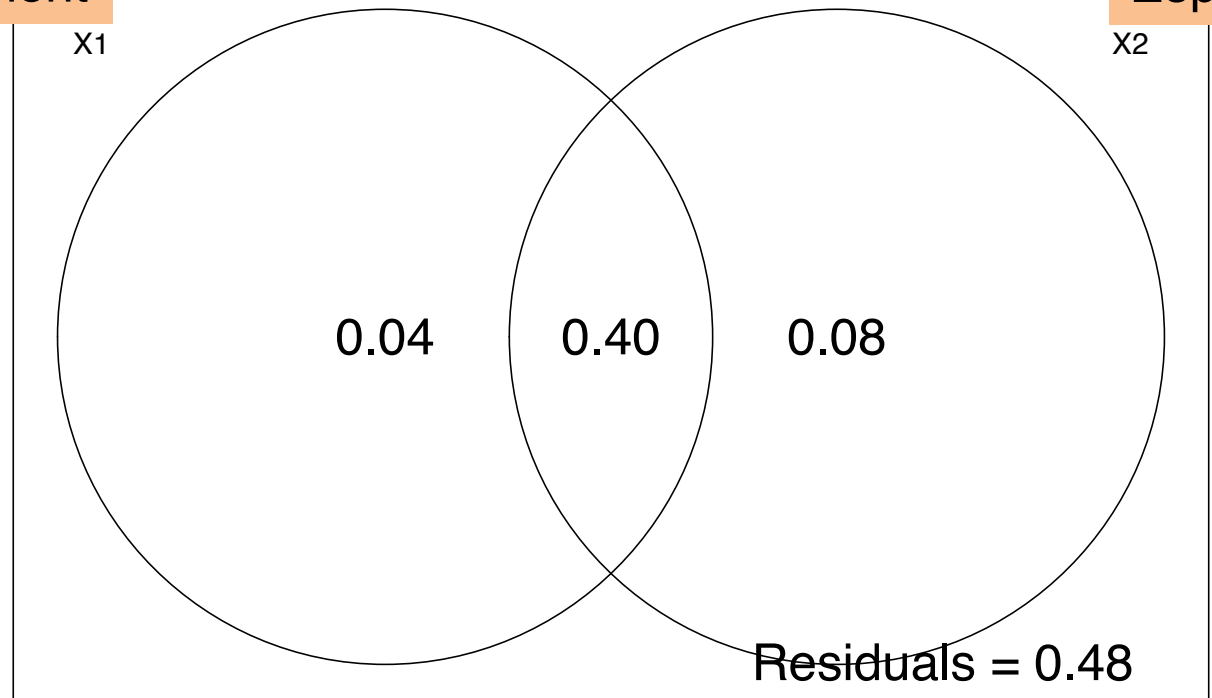
Partition de la variation

Quel est l'importance de l'environnement et de l'espace ?

```
miteEnv <- model.matrix(~.-1, mite.env)
mitePCNM <- pcnm(dist(mite.xy))$vectors
partVar <- varpart(hell, miteEnv, mitePCNM)
plot(partVar)
```

Environnement

Espace



Diversité β

Partition de la variation

Quel est l'importance de l'environnement et de l'espace ?

```
miteEnv <- model.matrix(~.-1, mite.env)
mitePCNM <- pcnm(dist(mite.xy))$vectors
partVar <- varpart(hell, miteEnv, mitePCNM)
plot(partVar)
```

Environnement

Espace

X1

X2

**Une portion importante
de l'environnement est
structurée spatialement**

0.04

0.40

0.08

Residuals = 0.48

Autres fonctions de vegan

Diversité α

Courbe d'abondance d'espèces

fisherfit rad.null rad.zipf
preston distr rad.preempt rad.zipfbrot
radfit rad.lognormal

Courbe d'accumulation d'espèces

renyiaccum estaccumR
tsallisaccum poolaccum
rarefy specpool
rrarefy estimateR
drarefy specaccum
rarecurve fitspecaccum
rareslope

Indices de diversité α

fisher.alpha
specnumber
renyi
tsallis
specnumber

Indices de diversité β

decostand
betadiver
designdist
raupcrick
vegdist

ordination
decorana
wcmdscale
monoMDS
isoMDS
sammon
isomap
cca
rda

ordination canonique (partielle)

capscale

dbrda

cca

rda

CCorA

Partition de la variation

varpart

Selection de variables

ordistep

ordiR2step

add1.cca

drop1.cca

Analyses spatiales

mso

pcnm

Diversité β

Tester un modèle

Est-ce que l'environnement est important si on contrôle pour l'espace ?

```
miteEnvPCNM <- rda(mite, miteEnv, mitePCNM)
```

```
anova(miteEnvPCNM)
```

```
Permutation test for rda under reduced model
```

```
Permutation: free
```

```
Number of permutations: 999
```

```
Model: rda(X = mite, Y = miteEnv, Z = mitePCNM)
```

	Df	Variance	F	Pr(>F)
Model	11	825.22	1.1084	0.407
Residual	15	1015.21		

**L'environnement n'est pas important
si on contrôle pour l'espace**

Autres fonctions de vegan

Diversité α

Courbe d'abondance d'espèces

fisherfit rad.null rad.zipf
preston distr rad.preempt rad.zipfbrot
radfit rad.lognormal

Courbe d'accumulation d'espèces

renyiaccum estaccumR
tsallisaccum poolaccum
rarefy specpool
rrarefy estimateR
drarefy specaccum
rarecurve fitspecaccum
rareslope

Indices de diversité α

fisher.alpha
specnumber
renyi
tsallis
specnumber

Indices de diversité β

decostand
betadiver
designdist

raupcrick
vegdist

ordination
decorana
wcmdscale
monoMDS
isoMDS
sammon
isomap
cca
rda

Test de modèles

anova mantel
permutest procrustes

ordination canonique (partielle)

capscale

dbrda

cca

rda

CCorA

Partition de la variation

varpart

Selection de variables

ordistep

ordiR2step

add1.cca

drop1.cca

Analyses spatiales

mso

pcnm

Autres fonctions de vegan

Diversité α

Courbe d'abondance d'espèces

fisherfit rad.null rad.zipf
 prestondistr rad.preempt rad.zipfbrot
 radfit rad.lognormal

Courbe d'accumulation d'espèces

renyiaccum estaccumR
 tsallisaccum poolaccum
 rarefy specpool
 rrarefy estimateR
 drarefy specaccum
 rarecurve fitspecaccum
 rareslope

Indices de diversité α

fisher.alpha
 specnumber
 renyi
 tsallis
 specnumber

Indices de diversité β

decostand
 betadiver
 designdist

Test de modèles

raupcrick anova mantel
 vegdist permutest procrustes

Diversité β

ordination canonique (partielle)

capscale

dbrda

cca

rda

CCorA

Partition de la variation

varpart

Selection de variables

ordistep

ordiR2step

add1.cca

drop1.cca

Analyses spatiales

mso

pcnm

Partitionnement de la diversité

La diversité α moyenne est comparer à la diversité γ

Quel est l'importance de la diversité α et de la diversité β

```
aPMite <- adipart(mite, index="shannon", nsimul=999)
```

```
adipart object
```

```
Call: adipart(y = mite, index = "richness", nsimul = 999)
```

```
nullmodel method 'r2dtable' with 999 simulations
```

```
options: index richness, weights unif
```

```
alternative hypothesis: statistic is less or greater than simulated values
```

	statistic	SES	mean	2.5%	50%	97.5%	Pr(sim.)	
alpha.1	15.114	-42.528	22.370	22.000	22.371	22.7	0.001	***
gamma	35.000	0.000	35.000	35.000	35.000	35.0	1.000	
beta.1	19.886	42.528	12.630	12.300	12.629	13.0	0.001	***

```
---
```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

La diversité α est plus importante que la diversité β pour structurer la communauté

Autres fonctions de vegan

Diversité α

Courbe d'abondance d'espèces

`fisherfit` `rad.null` `rad.zipf`
`prestondistr` `rad.preempt` `rad.zipfbrot`
`radfit` `rad.lognormal`

Courbe d'accumulation d'espèces

`renyiaccum` `estaccumR`
`tsallisaccum` `poolaccum`
`rarefy` `specpool`
`rrarefy` `estimateR`
`drarefy` `specaccum`
`rarecurve` `fitspecaccum`
`rareslope`

Indices de diversité α

`fisher.alpha`
`specnumber`
`renyi`
`tsallis`
`specnumber`

Indices de diversité β

`decostand`
`betadiver`
`designdist`

Test de modèles

`raupcrick` `anova` `mantel`
`vegdist` `permutest` `procrustes`

Diversité β

ordination canonique (partielle)

`capscale`

`dbrda`

`cca`

`rda`

`CCorA`

Partition de la variation

`varpart`

Selection de variables

`ordistep`

`ordiR2step`

`add1.cca`

`drop1.cca`

Analyses spatiales

`mso`

`pcnm`

Partitionnement de la diversité

`adipart`

`multipart`

Fonctions non discutées



Approches de diagnostics

Classifications

Graphiques dynamiques (rg1)

Indices d'emboîtements

Modèles nuls

Modèles prédictifs

Modèles de cooccurrence

...

Le future pour vegan



Plus vite !

Réimplémentation avec du code compilé (C et/ou Fortran) de diverse fonctions

Plus loin !

Implémentation de nouvelles approches utilisées en écologie des communautés

Merci!