

Problématique:

Représenter un espace des ressemblances / différences entre échantillonnages géo-référencés pour une métrique n'existant que de façon relative

alors que

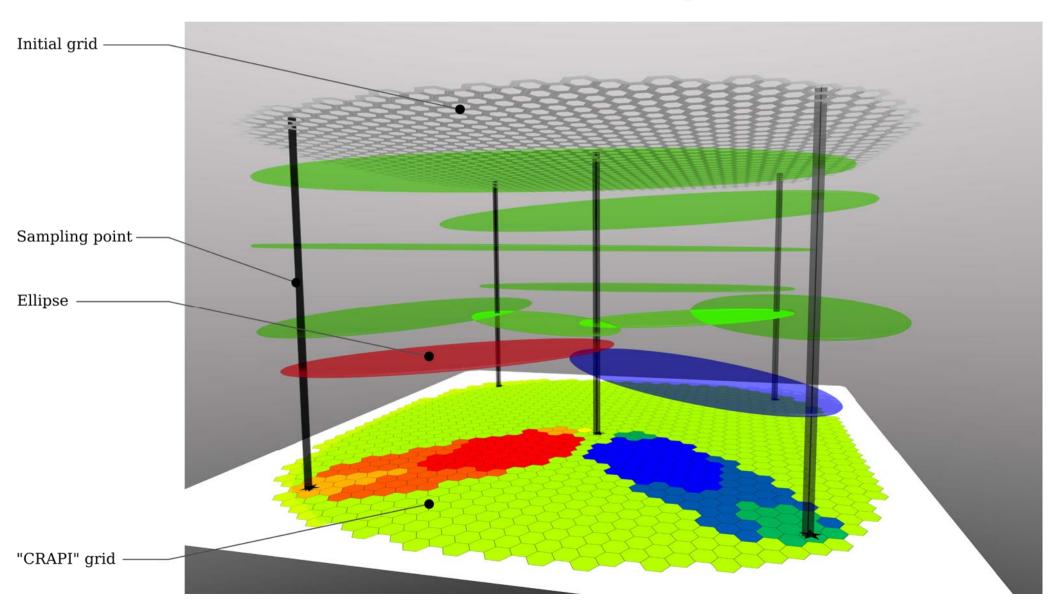
les cartes représentent des données scalaires (valeur locale d'un indice quelconque)

Cas concret : distances génétiques & paysage

La solution proposée par CRAPI

- Réseau de comparaisons dont les arcs sont des ellipses géolocalisées (les échantillons sont aux foyers) avec pour attribut la valeur de la distance génétique
- Calcul de la moyenne pondérée des valeurs des ellipses dans chaque maille d'une grille superposée (pondération de chaque ellipse par l'inverse de son aire)
- Lissage par fenêtre glissante
- Significativité par rapport à la même analyse sur des données permutées

Le principe en image



Significativité

Comparaison avec des permutations (1 à 10) :

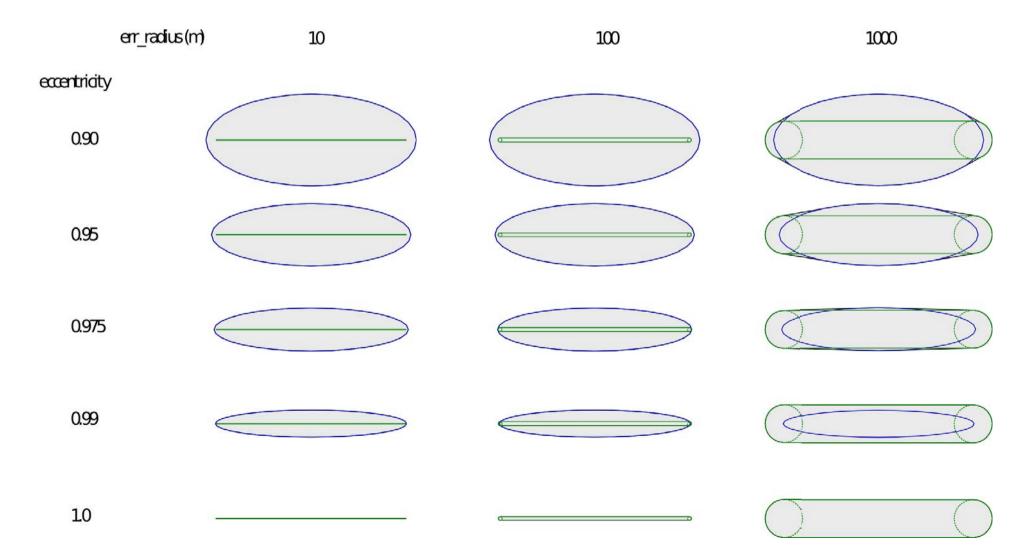
- Permutation des positions géographiques
- Analyse CRAPI
- Fenêtre glissante sur chaque cellule et ses voisines
 --> moyenne
- Distribution des moyennes issues des permutations
- Même fenêtre glissante sur les valeurs non permutées
- Rang de la moyenne non permutée dans la queue basse ou haute (<5% ou >95%) de la distribution permutée

Paramètres

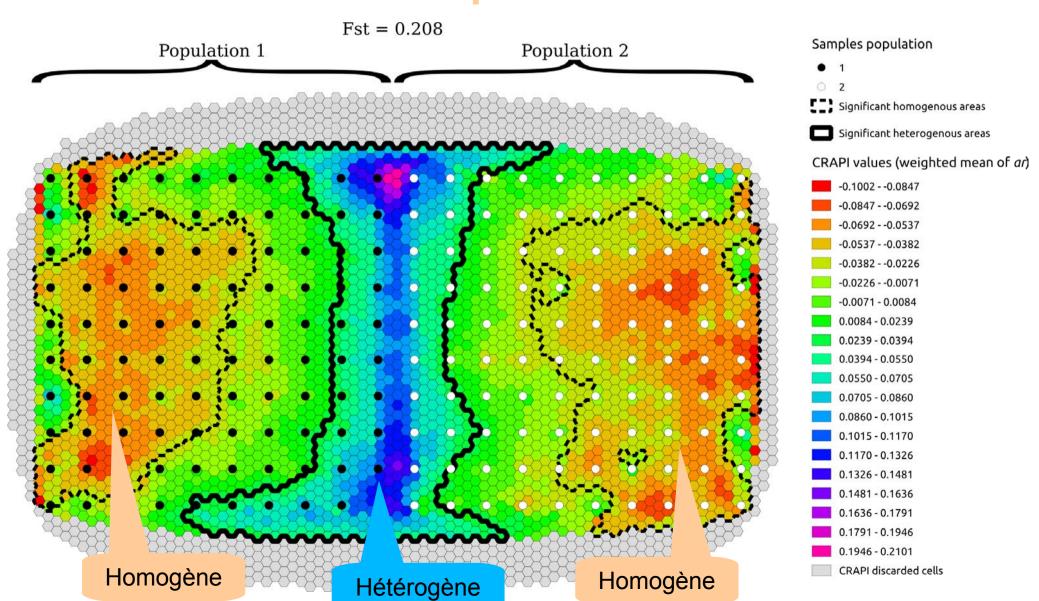
- Table des échantillons géolocalisés
- Table des relations entre échantillons
- Table des résultats
- Rayon de la fenêtre glissante en mètres
- Forme des ellipses excentricité
- Erreur de localisation en mètres
- (détail à suivre)
- Nombre de cellules de la grille
 OU demi-longueur d'une cellule en mètres
- Élimination des effets de bord typiquement <20% des sommes des poids
- Éventuellement, distance minimale / maximale entre les échantillons en mètres

Paramètres de l'ellipse

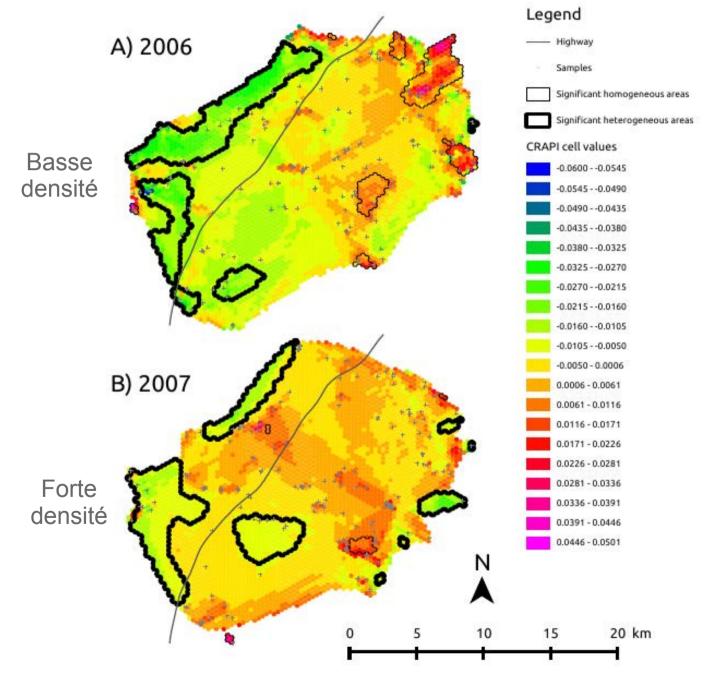
La forme du polygone dépend de l'excentricité de l'ellipse et du cercle d'erreur



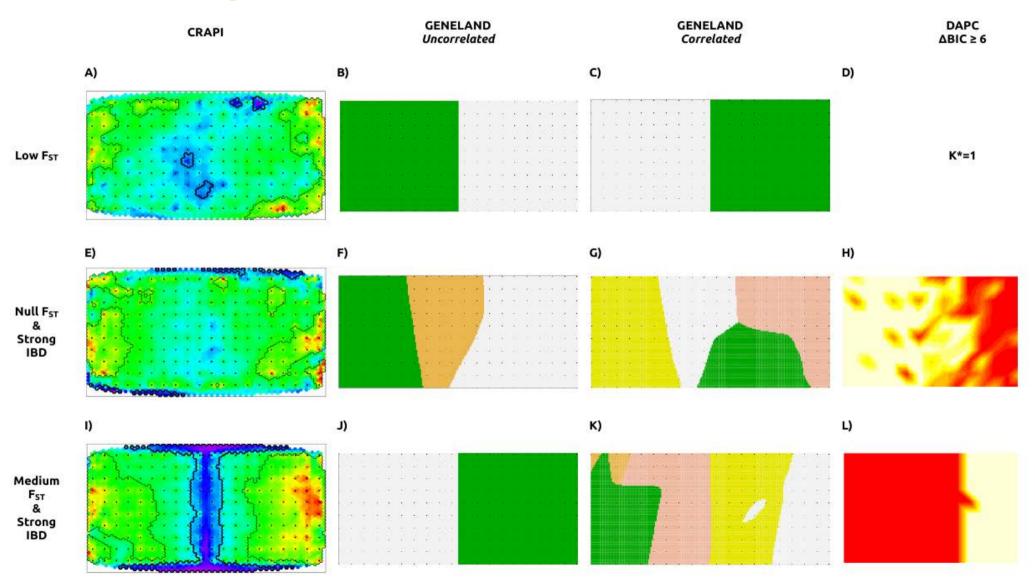
Interprétation



rongeur cyclique (Microtus arvalis)



Comparaison avec d'autres méthodes



Nécessite:

- Données géoréférencées (GPS)
- Volumes importants de données (>> 100 échantillons)
- Bonne couverture spatiale (homogénéité)

Permet:

- Souplesse face aux questionnements (pas d'hypothèses !)
- Lien direct avec logiciels de cartographie (fastoche!)

Moins cher que gratuit, grâce aux logiciels libres

Base de données spatialisée PostgreSQL (calculs), R (interface), QGis (cartographie)

... mais une machine correcte, quand même ...

... car le temps de calcul est de :

~1h
200 échantillons
1000 cellules
1 permutation



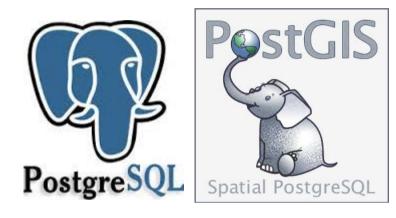


~2 jours
1500 échantillons
5000 cellules
10 permutations



Concrètement?

- On crée une base avec les extensions PostGIS et CRAPI PostgreSQL
- On prépare un fichier des échantillons (nom/id, x, y, ...) tableur, R, ...



- On prépare un fichier des distances génétiques SPAGeDi, phylip, ...
- On charge les fichiers dans deux tables dans la base R + librairies
- On lance la requête de calcul R + librairies ou PostgreSQL
- Cartographie des résultats R + librairies ou QGis

Cartographie

Script R

- exemple dans la documentation
- automatisable



QGis

- accède directement aux tables (points, résultats)
- interactif
- ajout d'autres données (paysage)



Article "in prep" (presque fini)

Bientôt à vous de ...

- de faire les échantillonages (individuellement géoréférencés!)
- de séquencer / génotyper (have fun !)
- de tout mettre en base de données (comme ça c'est fait !)
- de CRAPIfier les données (easy !)
- de faire et regarder les jolies cartes (avec du paysage!)
- d'inventer des hypothèses (farfelues, de préférence!)
- puis de les tester autrement (car avec CRAPI on ne teste rien!)

Une idée folle, et une bande de fous...











Rattus norvegicus pour l'inspiration ;-)

