

BioIndexa, outil de calcul d'indice de biodiversité, comparaison des versions V2007 et V2020

Annie Hofstetter

INRAE, UMR CEE-M Montpellier



Contexte



Source Collège Argia Bordeaux

Définitions



Biodiversité = diversité biologique

Différents types :

Spécifique = richesse + abondance

Génétique ou
Taxonomique = distance phylogénétique
phylogénétique : + historique

Ecosystémique ou
fonctionnelle : + résilience des écosystèmes

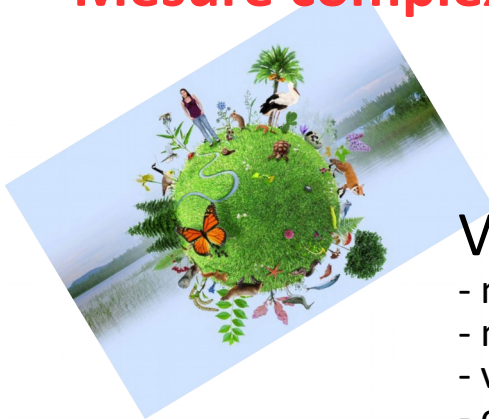
+ composante Espace :

α habitat, temps = local

β Taux de remplacement = sites

γ nouvelles espèces = région

Mesure complexe !



Indicateurs

Indices

Variables :

- niveau de perception (écosystème, espèce, gène)
- milieu (agriculture, forêt, mer)
- valeur patrimoniale (espèce emblématique)
- caractère fonctionnel (résilience)
- état de pression positif (extinction) ou négatif (espèce invasive)
- biologie (espèce hybride)



Création de l'outil



Calcul d'indice, pourquoi faire ?



Critère additif :

Comptage = nombre d'espèces dans un écosystème

Introduction des fonctions de dissimilarité entre espèces

Agrégation des dissimilitudes cardinales (Weitzman)

Agrégation des dissimilitudes ordinales (Bervoets et Gravel)

Valeur des attributs réalisés (Nehring et Puppe)



Weitzman, distance génétique

Ensemble S d'espèces, dissimilarité entre chaque paire d'espèces

Sous ensemble Q de S , sous ensemble Q' de S qui contient l'espèce i

Comparaison de la diversité de Q à celle de Q' en mesurant la dissimilarité entre l'espèce i et l'ensemble Q

MAIS

Fonction d'une valeur initiale arbitraire (Q , $t=0$, 1 espèce)
favorise (poisson, gorille)
à (ouistiti, gorille)

Temps de calcul très long
car algorithme récursif
et max 30 espèces

Technologies :

HTML + Javascript + PHP + MySQL

Réponse à un cahier des charges

Application sur Internet : portabilité et convivialité

Plus rapide que le calcul de Weitzman

Outil BioIndexa

IDDN.FR.001.080016.000.R.P.2009.000.31235

Saisie à repenser, fichier externe

Changement d'orientation des recherches

Attractivité moyenne...



BioIndexa - Calculation of the diversity index value - Mozilla Firefox

http://www1.montpellier.inra.fr/lameta/biodiv/login.php

Les plus visités: Mandriva, Mandriva Store, Mandriva Expert, Community, Mandriva Wiki, Jamendo

Appel à communication... BioIndexa - Calculation of t... qub uk - Recherche Google

Don't forget any field.

Login:
Password:
log in

BioIndexa

INRA

A tool for the computation of the index of biodiversity based on dissimilarities

This page has been developed and is maintained by LAMETA. It is dedicated to Weitzman's diversity index, which assesses the diversity of a set (of genes, species, ecosystems, political options, whatever...) based on a particular aggregation of the dissimilarities between its elements. The original reference is:

M. L. Weitzman (1992) ?On Diversity,? Quarterly Journal of Economics, 1992, 107, pp 363?406. (pdf, restricted access)

A simple description of several indexes including Weitzman's, along with their respective properties, can be found at:

Auloung, S.; Figuières, C.; Erdlenbruch K. (2005). "Un tour d'horizon des critères d'évaluation de la diversité biologique". Economie Publique, 16-1, 3-46.

Auloung, S.; Figuières, C.; Erdlenbruch K. (2008). "Criteria for assessment of biodiversity: properties and difficulties of use". INRA Sciences Sociales, 4-5.

Please contact us to obtain a login: C. Figuières or Annie.Hofstetter@supagro.inra.fr

BioIndexa - Calculation of the diversity index value - Mozilla Firefox

http://www1.montpellier.inra.fr/lameta/biodiv/biodiv1.php?n=5

Les plus visités: Mandriva, Mandriva Store, Mandriva Expert, Community, Mandriva Wiki, Jamendo

Biodiversité -- SupAgro Fl... BioIndexa - Calculation of t... qub uk - Recherche Google

Data input

Your sample has 5 species (5 is an integer). Please enter the names of the species below:

Labels: cat, pig, dog, cow, bee

Matrix of dissimilarities between elements:

Note: by definition the diagonal of the matrix is filled with zeros. And it is not necessary to fill the cells below the diagonal (because dissimilarities are symmetric). Note also that you can enter only non negative numbers. If you put 2 decimal marks, only the first will be considered. If you leave a cell, this amounts to assign the number 0.

Now you can enter your data.

	1	2	3	4	5
1	0	55	100	12	25
2		0	3	26	78
3			0	58	3
4				0	54
5					0

Submit

BioIndexa - Calculation of the diversity index value - Mozilla Firefox

http://www1.montpellier.inra.fr/lameta/biodiv/login.php

Les plus visités: Mandriva, Mandriva Store, Mandriva Expert, Community, Mandriva Wiki, Jamendo

Biodiversité -- SupAgro Fl... BioIndexa - Calculation of t... qub uk - Recherche Google

OK, you are connected

Welcome to BioIndexa home page!

This page has been developed and is maintained by LAMETA. It is dedicated to Weitzman's diversity index, which assesses the diversity of a set (of genes, species, ecosystems, political options, whatever...) based on a particular aggregation of the dissimilarities between its elements. The original reference is:

M. L. Weitzman (1992) ?On Diversity,? Quarterly Journal of Economics, 1992, 107, pp 363?406. (pdf, restricted access)

A simple description of several indexes including Weitzman's, along with their respective properties, can be found at:

Auloung, S.; Figuières, C.; Erdlenbruch K. (2005). "Un tour d'horizon des critères d'évaluation de la diversité biologique". Economie Publique, 16-1, 3-46.

Auloung, S.; Figuières, C.; Erdlenbruch K. (2008). "Criteria for assessment of biodiversity: properties and difficulties of use". INRA Sciences Sociales, 4-5.

You can also find out explanations about the computational details of this index below:

Hofstetter A. and C. Figuières (2008), "A program to compute Weitzman's diversity index", mimeo. (pdf)

This page computes Weitzman's index from pairwise dissimilarities between elements (for instances species). You can provide those data by entering them on-line in a matrix (if there are less than 20 elements). For larger samples, we are currently working out a second version of the page where the user will be offered the possibility to download a pre-existing file. In the meantime, you can send your data as a table (ascii, csv, xls, ods or xml format) to Annie.Hofstetter@supagro.inra.fr, who will compute the index for you

Below are three illustrations:

- Premises (from Weitzman, 1992).
- Caves (from Weitzman, 1992).
- European cattle breeds (from Thuan d'Anstet, 2006).

It's up to you!

Number of species?
Submit

Display of the diversity index value - Mozilla Firefox

http://www1.montpellier.inra.fr/lameta/biodiv/un.php?label[]=cat&label[]=pig&label[]=dog&label[]=cow&label[]=bee

Les plus visités: Mandriva, Mandriva Store, Mandriva Expert, Community, Mandriva Wiki, Jamendo

Biodiversité -- SupAgro Fl... Display of the diversity ind... qub uk - Recherche Google

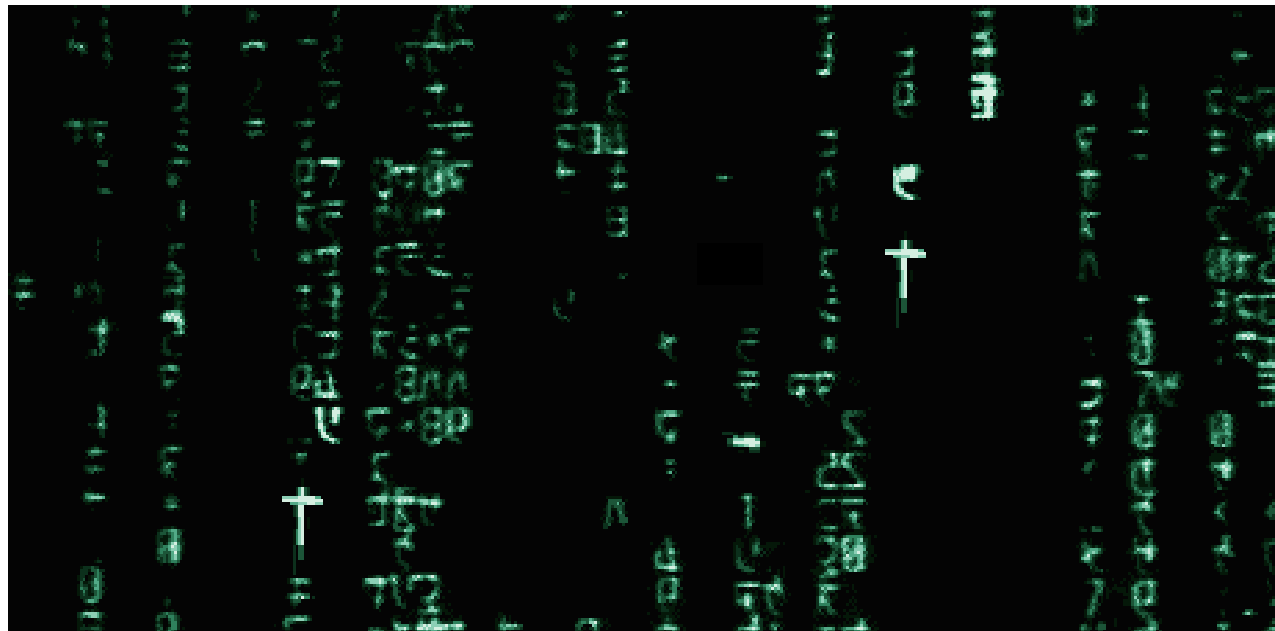
BioIndexa

INRA

Weitzman's diversity index is being computed for your sample of 5 species. Please wait.

The value of the index is: 119

Titre :



Sous titre : entre temps, exploitation,
(non) valorisation, intérêt moindre, etc.

Technologie :

R

Réponse... au (premier) confinement

Travailler sur les matrices avec R

Plus rapide que V2007 : développement et calcul !



Comparaisons

Développement

Calculs

Quelques limites

Comparaison / développement



Développement	Version V2007	Version V2020
Temps de développement À nuancer par...	2 mois Application web à finaliser	10 jours Déroulement déjà en tête
Nombre de scripts	4, ce nombre est lié à ce qui était attendu dans le cahier des charges : application web	1
Nombre de lignes uniquement algorithme	Environ 1000 lignes	150 lignes
Outils	PHP, MySQL, HTML, Javascript	R
Remarques	Outils libres mais plusieurs technologies	Un seul outil libre

Comparaison / développement



Développement	Version V2007	Version V2020
Orientation du calcul	Application web intégrée Approche BD relationnelle Traitement algorithmique horizontal (tuple)	Approche matricielle Traitement algorithmique vertical (matrice)
Machine et logiciels	Processeur AMD Athlon 64 3.4GHz, Linux Mandrake 10.0, Xampp 1.6.1 pour Linux (base MySQL 5.0.37, serveur Apache 2.2.4, PHP 5.2.1)	Processeur 8 Cores Intel Core, 3,6GHz Linux Mageia RStudio 2009-2013 V99.9.9

Comparaison / temps de calcul



Temps de calcul		Version V2007	Version V2020
Matrice de données simples (1,0)	100 espèces	≈ 1 min	≈ 2 sec
	500 espèces	≈ 2 H	≈ 4 min
	1000 espèces	> 6 j	≈ 35 min
Matrice de données aléatoires	100 espèces	≈ 1 H	< 1 sec
	500 espèces	≈ 19 H	≈ 15 sec
	1000 espèces	≈ 6 j	≈ 2 min

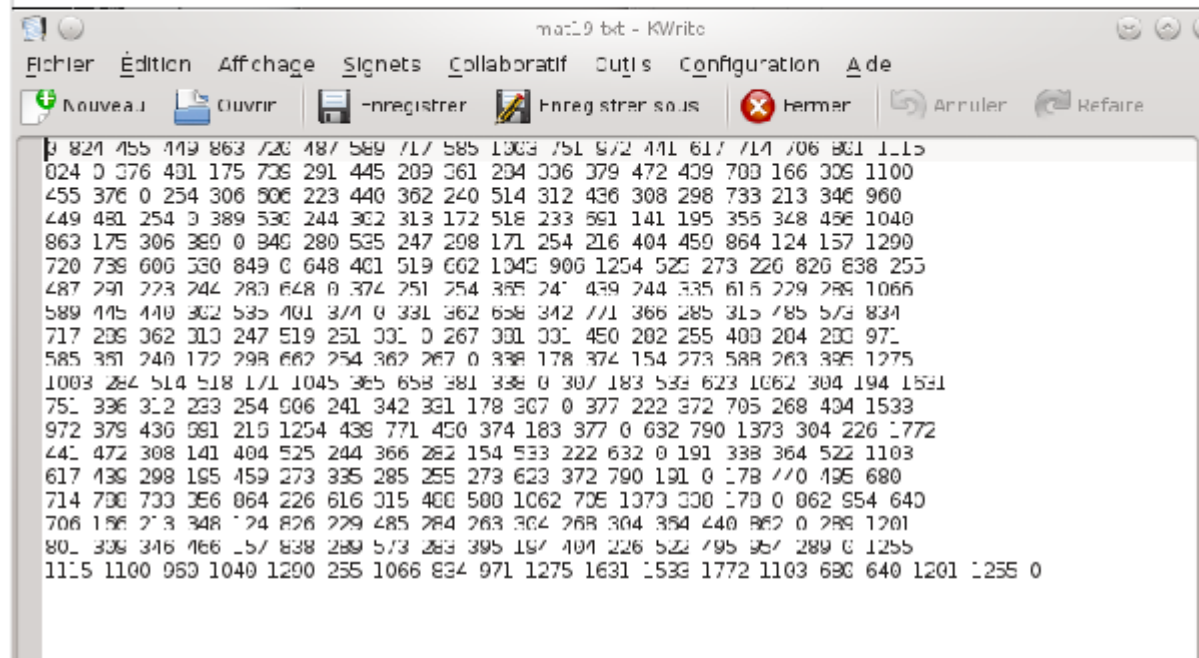
Comparaison / quelques limites



Limites	Version V2007	Version V2020
Saisie	Plus ergonomique en web mais limitée en taille	Fichier .txt convenable et il existe des mots réservés, par exemple T pour TRUE ne peut pas être utilisé comme libellé
Déploiement	Aurait pu être très utilisée par une large diffusion sur le net	Dépendante de l'utilisation de l'outil R (disponibilité, maîtrise)
Valorisation	Dépôt APP de cette version	La première déclaration vaut pour la méthode de calcul comme pour l'algorithme sur le code

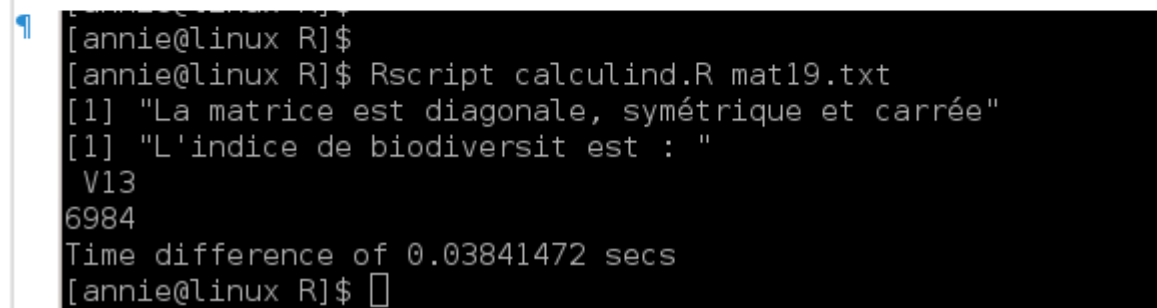
Matrice 19 races de vaches cf. Weitzman

Fichier mat19.txt passé en argument de la commande.



Exécution

Ligne_de_commande_Linux% Rscript calculind.R mat19.txt



```
[annie@linux R]$
[annie@linux R]$ Rscript calculind.R mat19.txt
[1] "La matrice est diagonale, symétrique et carrée"
[1] "L'indice de biodiversité est : "
V13
6984
Time difference of 0.03841472 secs
[annie@linux R]$
```

Conclusion



Développement :

Vive le confinement !

À suivre...

Article Cahier des techniques INRAE – NOV'AE

<https://www6.inrae.fr/novae/Les-Cahiers-parus/Les-N-reguliers/2021/Cahier-N-103/Art4-ct103-2021>

Relancer l'intérêt sur les indices de biodiversité

Code à disposition



Merci de votre attention

Annie.Hofstetter@inrae.fr