

# Quantifier et spatialiser la connectivité

## Calculer des indices de connectivité avec BioDispersal

Mathieu Chailloux – INRAE Montpellier – UMR TETIS – [mathieu.chailloux@inrae.fr](mailto:mathieu.chailloux@inrae.fr)

26 avril 2022

## 1. Préparation

### 1.1. Installation

Télécharger et installer QGIS depuis la page <https://www.qgis.org/fr/site/forusers/download.html> (par défaut choisir *Installeur QGIS autonome –Version long terme*).

Pour installer BioDispersal, lancer QGIS, aller dans le menu *Extension->Installer/Gérer les extensions*

- Pour installer la version stable publiée, aller dans l'onglet *Toutes*, taper *BioDispersal* dans la barre de recherche, sélectionner la ligne correspondant à BioDispersal, appuyer sur *Installer le plugin*
- Pour installer une version expérimentale transmise par archive, aller dans l'onglet *Installer depuis un zip*, sélectionner le fichier correspondant à l'archive zip, appuyer sur *Installer le plugin*

Une icône de cerf apparaît dans la barre d'outils ainsi qu'un nouveau fournisseur de traitement dans la boîte à outils de traitements.

Le document *NoticeUtilisation\_BioDispersal.pdf* détaille le fonctionnement de l'extension.

Installer le plugin *QuickMapServices*.

Aller dans le menu *Internet->QuickMapServices->Search QMS*.

Taper *bdortho* dans la barre de recherche et double cliquer sur le résultat pour afficher la couche.

Ce plugin permet d'accéder à un grand catalogue de services proposant des fonds de plan et des images.

### 1.2. Espèce cible

Dans ce TP nous allons travailler sur le Semi-Appolon.

Certaines espèces présentant un enjeu de cohérence nationale pour la Trame verte et bleue (TVB) ont fait l'objet d'une synthèse bibliographique : <http://trameverteetbleue.fr/documentation/cote-recherche/syntheses-bibliographiques-especes>

Les habitats d'une espèce peuvent être décrits aussi dans la base INPN : [https://inpn.mnhn.fr/espece/cd\\_nom/54502](https://inpn.mnhn.fr/espece/cd_nom/54502)

### 1.3. Données d'entrée

Ouvrir le dossier *TP\_BioDispersal*.

Ouvrir le projet *TP\_BioDispersal.qgz* dans QGIS.

Les données d'entrée sont déjà chargées dans le projet sur l'étendue du département de l'Hérault.

Toutes les données sont téléchargeables sous licence ouvertes depuis les catalogues [IGN](#), [Theia](#), et du [MTE](#).

Elles sont divisées en 3 groupes :

- *Donnees\_OS* : données d'occupation du sol qui couvrent tout le territoire
- *Donnees\_outes\_surf* : données surfaciques thématiques qui permettent de compléter l'occupation du sol initiale
- *Donnees\_lineaires* : données linéaires ayant un rôle important dans la fragmentation

Afficher et explorer les groupes et couches de données fournies.

Les données sont datées de 2018, sauf pour la couche de haies qui est une nouveauté de 2022.

### 1.4. Zone d'étude

Le groupe ZoneEtude contient 3 couches d'emprise : le département de l'Hérault et 2 EPCI.

Pour réduire l'effet frontière, il est conseillé d'élargir la zone d'étude, idéalement d'une distance égale à la dispersion maximum de l'espèce cible.

*Q1 : Quelle distance retenir d'après la fiche espèce ?*

*Q2 : Appliquer un tampon cette distance à chaque EPCI et enregistrer les couches dans le répertoire Source/ZoneEtude*

*Q3 : Copier le style des couches initiales aux couches nouvellement créées*

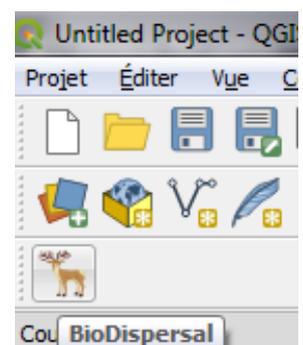
*Q4 : A votre avis sur quel EPCI allons-nous travailler ? Pourquoi ?*

## 2. BioDispersal

Lancer BioDispersal en appuyant sur l'icône de cerf dans la barre de menu.

L'interface graphique se décompose en plusieurs onglets, chacun correspondant à une étape de la procédure initiale de BioDispersal.

Pour plus de détail sur [BioDispersal](#) et la procédure associée, un [guide d'utilisation](#) et des [tutoriels vidéo](#) sont disponibles.



### 2.1. Paramètres généraux

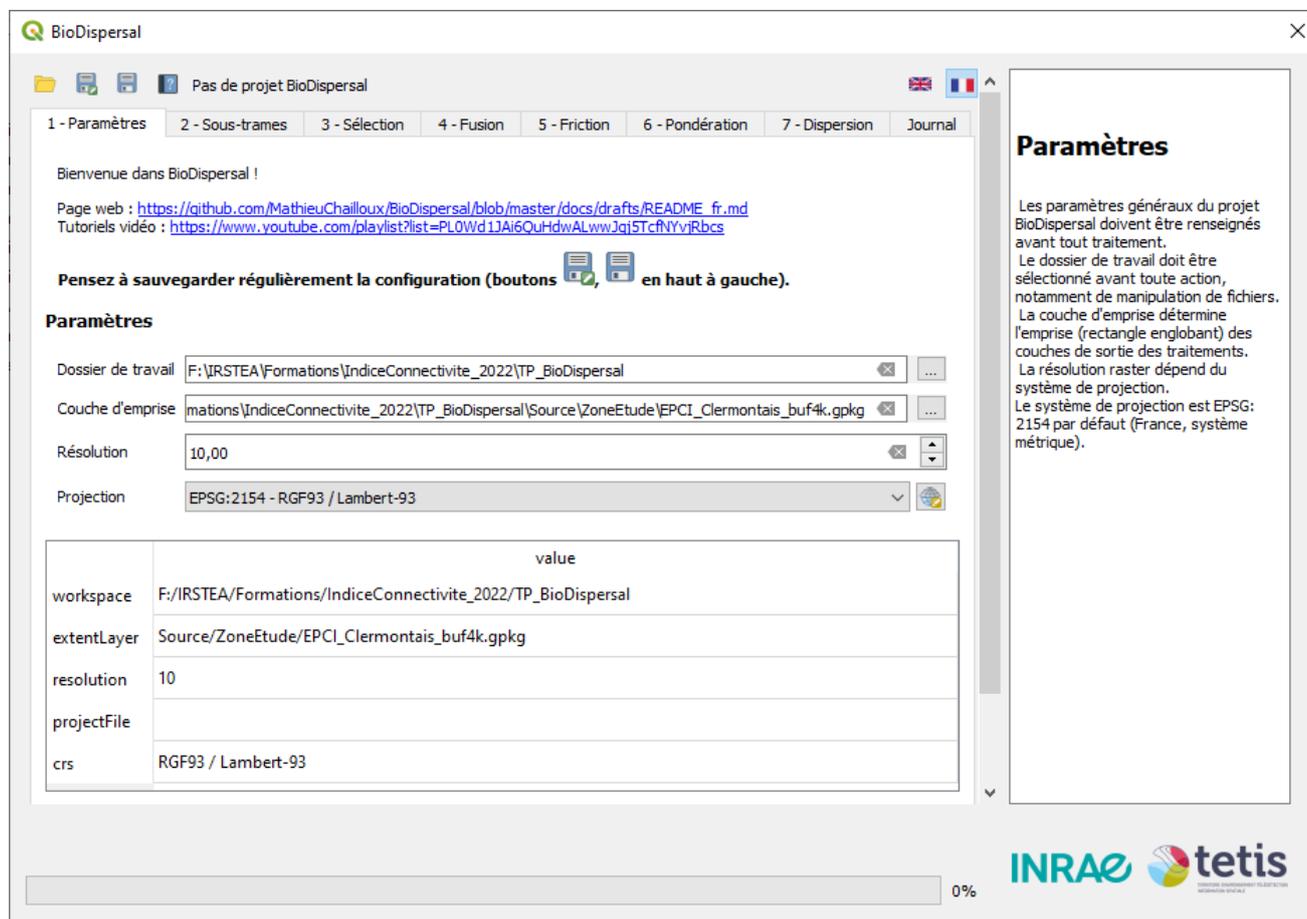
Renseigner les paramètres généraux qui seront utilisés pour tout le projet :

- Le dossier de travail est le répertoire *TP\_BioDispersal*
- La couche d'emprise créée précédemment

- La résolution spatiale de 10 mètres. Ce paramètre est très important car il détermine l'échelle de calcul, impactant le volume des données et les temps de calcul. Il est conseillé de commencer par une résolution élevée quitte à l'affiner par la suite.
- Le système de projection métrique Lambert-93

Enregistrer le projet dans le fichier *TP\_BioDispersal/TP\_BioDispersal.xml*.

Penser à sauvegarder fréquemment le projet (à chaque étape ou traitement par exemple).

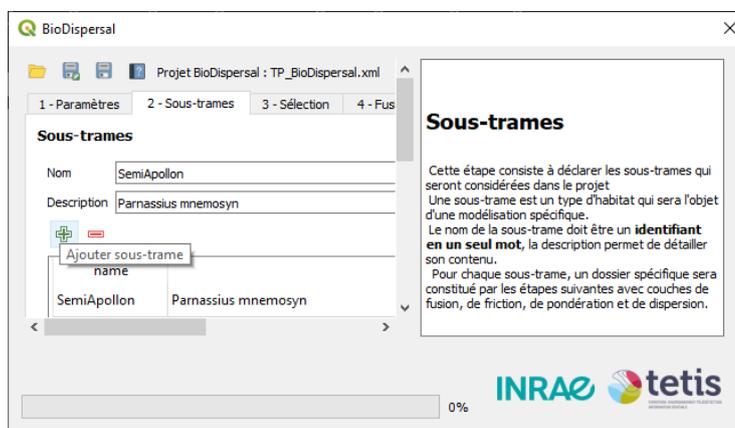


## 2.2. Sous-trames

L'onglet *Sous-trames* sert à définir des sous-trames, des cortèges d'espèces ou des espèces cibles qui seront l'objet de l'étude.

Le nom doit être un identifiant court sans espace ni caractères spéciaux et la description permet de préciser l'espèce en renseignant par exemple son nom scientifique.

Ajouter une ligne pour le Semi-Apollon



## 2.3. Sélection

L'onglet sélection permet de sélectionner, organiser et uniformiser les données.

Il faut *a minima* une couche qui couvre l'ensemble du territoire (groupe *Donnees\_OS*), nous allons utiliser la couche OSO dans ce TP, qu'il est ensuite possible de compléter par d'autres sources de données.

Cette étape se passe en 2 temps avec d'abord le paramétrage des sélection et leur affectation à un groupe, puis la génération des couches (1 par groupe).

Paramétrer les sélection suivantes en créant les groupes si besoin :

- La couche OSO dans le groupe *os* (*Occupation du sol*)
- La couche PARCELLES\_GRAPHIQUES : sélection par champ sur le champ *CODE\_GROUP*, groupe *rpg* (*Registre Parcellaire Graphique*)
- La couche BD\_FORET : sélection par champ sur le champ *TFV\_G11*, groupe *foret*
- La couche ROUTE : sélection par expression en utilisant le calculateur d'expressions
  - Les tronçons non fictifs (attribut *FICTIF*), au sol (attribut *POS\_SOL*), qui font partie (attribut *NATURE*) d'une autoroute ou d'une route à 2 chaussées, groupe *route1*
  - Les tronçons non fictifs, au sol qui font partie d'une route à 1 chaussée, groupe *route2*
  - La couche TRONCON\_HYDROGRAPHIQUE : sélection par expression des tronçons non artificialisés et non fictifs
- La couche HAIE : sélection par expression avec une expression vide (sélection de tous les éléments), groupe *haie*

**Sélection**

1 - Couche d'entrée  
Format:  Vecteur  Raster  
Sélectionner couche: ROUTE  
Ouvrir couche: [ ]

2 - Mode de sélection  
Mode de sélection:  Par champ  Par expression  
Expression: POS\_SOL = 0 AND NATURE IN ('Route à 1 chaussée')

3 - Groupe  
Ajouter au groupe: route2  
Créer nouveau groupe: route2 [Route fragmentantes] [Ajouter]

Enregistrer sélection

Groupes  Afficher classes

name	descr	
os	Occupation du sol	Raste
rpg	Registre Parcellair...	Polyg
haie		Line
foret		Polyg
route1	Routes très ...	Line
route2	Route ...	Line

La sélection consiste à extraire et uniformiser les données d'entrée. Une sélection s'effectue depuis une couche d'entrée selon un mode et affecte un groupe et une classe au résultat.

**Couche d'entrée**  
Le format (raster ou vecteur) de la couche d'entrée doit être renseigné.  
La couche doit être chargée dans le projet QGIS pour être sélectionnée.

**Mode de sélection**

- Vecteur
  - Par champ : les entités de la couches sélectionnées sont regroupées selon les valeurs du champ sélectionné.
  - Par expression : sélectionne les entités selon l'expression renseignée. Si l'expression est vide, toutes les entités sont sélectionnées.
- Raster
  - Créer classes : génère automatiquement les classes depuis les valeurs de la première bande et le groupe
  - Le mode de ré-échantillonnage dépend du type de donnée (plus proche voisin pour une donnée discrète, moyenne pour une donnée continue)

**Groupes**  
Les groupes de fusion réunissent des données de thématiques similaires (occupation du sol, routes, cours d'eau) possédant la même géométrie (ponctuelle, linéaire, surfacique ou raster)

**Classes**  
Les classes de friction sont automatiquement générées par le plugin.

in_layer	mode	mode_val	group
Source/OSO_2018/OSO_2018_DPT_34_mask.tif	RClasses	near	os
Source/BDTOPO_2022/1_DONNEES_LIVRAISON_2022-03-00081...	VExpr		haie
Source/RPG/PARCELLES_GRAPHIQUES_D34.gpkg	VField	CODE_GROUP	rpg
Source/BDFORET/BD_Foret_V2_Dep034_2018.shp	VField	TFV_G11	foret
Source/BDTOPO_2018/BDT_2-2_SHP_LAMB93_D034-ED181/...	VExpr	"FICTIF" = 'Non' AND ...	route1
Source/BDTOPO_2018/BDT_2-2_SHP_LAMB93_D034-ED181/...	VExpr	"FICTIF" = 'Non' AND ...	route2

Appliquer seulement aux lignes sélectionnées

Lancer les sélections

Fetching unique values... DONE

100%

INRAE tetis

Une fois toutes les sélections paramétrées, appuyer sur *Lancer les sélections*

BioDispersal génère alors 1 couche raster par groupe qui sont chargées directement dans QGIS.  
Créer un nouveau groupe dans le panneau de couches de QGIS et y transférer les couches nouvellement générées.

## 2.4. Fusion

L'onglet permet de constituer une couche d'occupation du sol complète pour chaque espèce cible en sélectionnant et hiérarchisant les couches créées à l'étape précédente.

Sélectionner *SemiAppolon* dans la liste déroulante.

Si rien ne s'affiche dans le tableau, appuyer sur *Recharger les couches* 

Hiérarchiser les couches en plaçant en-dessous la couche OSO, puis les autres couches surfaciques, et enfin les couches linéaires. Les couches situées au-dessus seront prioritaires.

*Quelle couche est prioritaire entre route1 et route2 ?*

*Quelle couche est prioritaire entre routes cours d'eau ?*

*Quelle couche est prioritaire entre routes et haies ?*

*Quelle couche est prioritaire parmi les autres couches surfaciques ?*

Appuyer sur *Fusionner les couches*.

Les couches générées sont directement chargées dans QGIS.

## 2.5. Friction

L'onglet Friction permet d'affecter les classes de favorabilité pour chaque poste d'occupation du sol et chaque espèce cible.

Pour plus de praticité nous allons travailler dans un logiciel de tableur.

Exporter la table dans un fichier CSV , par exemple *SemiAppolon.csv*.

Ouvrir le fichier avec un logiciel de tableur comme LibreOffice.

Copier la colonne *class\_descr* (description textuelle de chaque classe) depuis le fichier *SemiAppolon\_descr.csv*.

Nous allons classer les postes d'occupation du sol en 5 classes de favorabilité allant de 1 pour la classe la plus favorable à 5 pour la classe la plus défavorable. D'après vos connaissances et la documentation de l'espèce, trouver un exemple de poste d'occupation du sol pour chaque classe de favorabilité.

Ouvrir avec LibreOffice le fichier *SemiAppolon\_values.csv* qui contient un exemple de classification.

Retourner dans l'onglet Friction de BioDispersal et importer la classification  depuis le fichier *SemiAppolon\_values.csv*.

Appuyer sur *Produire les couches de friction*.

La couche de favorabilité *SemiAppolon\_friction* est directement chargée dans QGIS.

Enregistrer cette couche sous le nouveau nom *SemiAppolon\_favorability* et copier le style.

## 3. Indices de connectivité

Ouvrir la boîte à outils de traitement (menu *Traitement->Boîte à outils*).

Aller dans le fournisseur *BioDispersal->Connectivity indices*.

### 3.1. Indice de connectivité

Double-cliquer sur le traitement *Indice de connectivité*.

Sélectionner la couche de favorabilité pour le paramètre *Input layer*.

Renseigner la distance de dispersion pour le paramètre *Window size*.

ATTENTION la distance est exprimée en pixels, il faut diviser la distance métrique par la résolution spatiale.

Renseigner la valeur classe de la classe la plus favorable.

Spécifier le fichier de sortie (par exemple *SemiAppolon\_IC.tif*).

Appuyer sur *Exécuter*. Le calcul peut prendre quelques minutes.

Appliquer un dégradé de couleur *RdYIGn* à la couche résultat.

### 3.2. Indice de surface

Double-cliquer sur le traitement *Indice de surface*.

Renseigner la couche d'entrée et la distance de la même manière que précédemment.

Renseigner l'ordre de classes de favorabilité dans le paramètre *Classes order* : 5,4,3,2,1

Appuyer sur *Exécuter*.

Appliquer un dégradé de couleur *RdYIGn* à la couche résultat.

### 3.3. Indice de connectivité simplifié

Double-cliquer sur le traitement *Indice de connectivité simplifié*.

Renseigner la couche d'entrée, la distance et l'ordre des classes de la même manière que précédemment.

Appuyer sur *Exécuter*.

Appliquer un dégradé de couleur *RdYIGn* à la couche résultat.

*Pour aller plus loin : faites varier la taille de fenêtre glissante et observer les différences de temps de traitement et de résultats.*

## 4. Autres méthodes de caractérisation de la connectivité

Nous allons maintenant explorer d'autres méthodes permettant de caractériser la connectivité.

### 4.1. Aires potentielles de dispersion

La méthode des aires potentielles de dispersion est la méthode initialement associée à BioDispersal.

Le principe est de calculer les espaces atteignables pour une espèce / sous-trame depuis une couche de réservoirs et une couche de coefficients de friction.

Utiliser l'algorithme *BioDispersal :extractPatchesR* pour constituer une couche de réservoirs.

Retourner à l'étape de friction et changer les classes de favorabilité pour des coefficients de friction qui quantifient la résistance d'un milieu au déplacement de l'espèce cible.

Sauvegarder ces nouveaux coefficients dans le fichier *SemiApollon\_coeffs.csv*.

Générer une nouvelle couche de friction.

Aller à l'étape 7 – *Dispersion*.

Sélectionner la couche de patches pour la couche de départ.

Sélectionner la couche de friction nouvellement générée.

Renseigner le coût maximal qui dépend de la distance de dispersion (cf description dans le panneau d'aide).

## 4.2. Graphes paysagers

Installer le plugin *Graphab*.

Si le plugin QGIS ne fonctionne pas, l'exécutable initial de graph est fourni dans le répertoire *Outils*.

Pour plus d'information sur cet outil : <https://sourcesup.renater.fr/www/graphab/fr/home.html>

Des tutoriels vidéo montrant comment combiner BioDispersal et Graphab dans son interface graphique initiale sont disponibles [ici](#).

Appliquer l'algorithme Exporter vers graphab à la couche de friction créée précédemment et l'enregistrer sous le nom *SemiApollon\_friction\_graphab.tif*.

Aller dans le fournisseur de traitement Graphab dans la boîte à outils.

Appeler le traitement *Créer un projet* en renseignant les paramètres

- Nom du projet : *TP\_Graphab*
- Carte du paysage : sélectionner la couche *SemiApollon\_merged.tif*
- Codes d'habitat : ouvrir la table de coefficients de friction dans un logiciel de tableur et renseigner les codes correspondants aux habitats
- Taille minimale des taches : renseigner la taille minimale de patch (en hectares) pour qu'un patch de l'espèce cible soit fonctionnel
- Répertoire de création du projet : créer un nouveau répertoire *Graphab* et le sélectionner

Appeler le traitement *Créer un jeu de liens* avec les paramètres suivants :

- Fichier XML du projet : sélectionner le fichier projet créé à l'étape précédente
- Nom du jeu de liens : *SA\_cost*
- Type de distance : *cost*
- Raster de coût externe : sélectionner la couche *SemiApollon\_friction\_graphab.tif*

Appliquer le traitement *Créer un graphe* avec les paramètres suivants :

- Fichier XML du projet : sélectionner le fichier projet
- Nom du jeu de liens : *SA\_cost*
- Nom du graphe : *SA\_cost\_[dispersionMax]*
- Unité de distance : *Coût*
- Seuil de distance : renseigner la distance maximale *dispersionMax* utilisée à l'étape 7 de BioDispersal

Calculer la métrique globale EC et une métrique locale.

## 4.3. Circuits électriques

Installer Julia et Circuitscape :

<https://github.com/Circuitscape/Circuitscape.jl/blob/master/README.md#Installation>

Suivre le tutoriel vidéo suivant avec les données utilisées dans ce TP :

<https://www.youtube.com/watch?v=yc9lJOSpi6Q>