

1. EKOLOĢISKIE DATI

Lai analizētu ekoloģiskos datus, parasti tos organizē vienā vai vairākās tabulās. Vienā tabulā ir sugu sastopamības dati (visbiežāk – veģetācijas dati), otrā – informācija par parauglaukumiem. Dažkārt izmanto vēl arī papildus tabulas ar informāciju par parauglaukumiem vai sugām.

Atkarībā no datu apstrādes programmas sugu sastopamības datu tabulā katra rinda atbilst vienai sugai, bet aile – vienam parauglaukumam vai otrādāk. Pirmajā ailē (rindā) parasti ir sugas nosaukums vai akronīms, savukārt pirmajā rindā (ailē) – parauglaukuma apzīmējums. Dažkārt tabulas sākumā ir papildus rindas vai ailes, kur tiek atspoguļota informācija par parauglaukumiem vai sugām. Katras sugas sastopamība parauglaukumā var tikt atspoguļota skaitliski vai ar apzīmējumiem. Ja konstatēta tikai sugas klātbūtne, tad parasti iztrūkumu raksturo "0", bet klātbūtni "1". Kvantitatīva vērtējuma gadījumā bieži tiek izmantots īpatņu skaits, segums (veģetācijas datiem), biomasa vai citi sugas daudzumu raksturojoši rādītāji. Dažkārt kvantitatīvie rādītāji tiek standartizēti, izdalot datus ar maksimālo vērtību. Reizēm vērtības tiek sadalītas klasēs un atspoguļotas ar apzīmējumiem (piemēram, *Braun-Blanquet* skala veģetācijas raksturošanai). Vairums analīžu nepieļauj iztrūkstošas vērtības. Visbiežāk nav pieļaujamas rindas un ailes, kur ir tikai nulles.

Tabula(s) ar informāciju par parauglaukumiem visbiežāk satur vidi raksturojošus datus. Parauglaukumu skaitam un secībai ir jābūt tādi pat kā sugu sastopamības tabulā. Dati var būt raksturoti gan ar skaitliskām, gan kategoriju vērtībām. Te var būt arī iztrūkstošas vērtības, kuru apzīmējums atkarīgs no izmantotās programmatūras. Informāciju mēdz izmantot gan statistiskām analīzēm, gan datu atlasei, gan datu grupēšanai.

Dažkārt var tikt izmantota papildus tabula ar informāciju par sugām. To lielākoties izmanto datu atlasei vai grupēšanai.

1.1. Datu sagatavošana

Visbiežāk datus sagatavo elektronisko tabulu redaktoros, kas pieļauj visdažādāka veida datu iepriekšēju apstrādi. Liela datu apjoma gadījumā informāciju mēdz glabāt datu bāzēs. Datu sagatavošanai un pārveidošanai mēdz izmantot arī cita veida programmatūru, piemēram, teksta redaktoros. Lai arī datu apstrādes programmās bieži iespējams ielasīt elektronisko tabulu, piemēram, XLS formāta failus, tomēr drošāk ir izmantot teksta failus, kur datus atdala ar tabulācijas zīmēm, komatiem, semikoliem, atstarpēm vai dažkārt bez atdalītājiem, bet ar fiksēta garuma rindām.

Nereti datu apstrādes programmas nepieļauj komata kā decimālās zīmes lietojumu. Tādos gadījumos ieteicams sistēmā kā decimālo zīmi iestādīt punktu (*Windows* vidē – *Region – Additional settings, Decimal symbol*).

1.1.1. Teksta faili ar atdalītājiem

Elektronisko tabulu redaktoros (*Microsoft Excel, OpenOffice Calc*) datus var saglabāt failos ar dažādiem atdalītājiem (tabulācijas zīmēm, komatiem, semikoliem u.c.). Ja programmā *Excel* izvēlas formātu *CSV (Comma delimited)*, ne vienmēr tas nozīmē, ka atdalītājs patiešām būs komats – tā būs zīme, kas sistēmā (*Control Panel, Region – Additional settings, List separator*) norādīta kā atdalītājs. Visbiežāk tas ir semikols.

Pēc teksta faila sagatavošanas ieteicams to atvērt ar teksta redaktoru un, ieslēdzot nedrukājamo zīmju parādīšanu, pārlicināties vai tā beigās nav tabulācijas zīmes, atstarpes vai citas liekas zīmes. Ja failā ir zīmes, ko datu apstrādes programma nesaprot, tās var aizvietot

(*Replace*) ar citām vai ne ar ko. Atceramies, ka arī nedrukājamās zīmes (tabulācijas zīmes, rindkopas beigu zīmes, atstarpes) iespējams aizvietot.

Ja datus vēlas ielasīt programmā R, tad failā bieži nepieciešams izdzēst pirmo vērtību un pirmo atdalītāju. Tad pirmā aile tiks ielasīta kā rindu nosaukumi.

1a. piemērs. CSV formāta failu veidošana.

Elektronisko tabulu redaktorā (MS Excel vai Open Office Calc) atver failu `Pavilosta.xls`. Tabulā "Veg" ir ar apzīmējumiem raksturoti veģetācijas seguma dati, izteikti procentos, tabulā "Laukumi" – dati par parauglaukumiem, tabulā "Sugas" – informācija par sugām.

Saglabāt tabulas "Laukumi" un "Sugas" CSV formātā ar nosaukumiem `Plaukumi.csv` un `Psugas.csv`. Atvērt izveidotos failus teksta redaktorā un pārbaudīt to korektumu.

1.1.2. Sugu nosaukumu pārveide

Bieži ir doti pilni sugu nosaukumi, taču datu apstrādes programma pieļauj tikai akronīmus. Tos var iegūt elektroniskajos tabulu redaktoros ar atbilstošām teksta funkcijām. Ja tabulas ailēs A un B ir ģints un sugas nosaukums, tad ailē C ievietota formula `LEFT(A2;4) & LEFT(B2;4)` dos akronīmu, kas veidots no ģints un sugas nosaukumu pirmajiem četriem burtiem.

Ja ģints un sugas nosaukumi ir vienā ailē, piemēram, ailē A, tad var izmantot funkcijas `MID` (ļauj izgriezt tekstu no frāzes vidus) un `FIND` (palīdzēs sameklēt nosaukumus atdalošās atstarpes novietojumu). Akronīma izveidi nodrošinās formula `LEFT(A2;4) & MID(A2;FIND(" ";A2)+1;4)`.

Ja kādi akronīmi atkārtojas, tad atšķirīgus akronīmus ieraksta bez formulu palīdzības.

1b. piemērs. Akronīmu veidošana.

Failā `Pavilosta.xls` izveido jaunu tabulu "Akronimi". Ailē A ar formulu `Sugas!A1` no tabulas "Sugas" ievieto sugu nosaukumus. Izmantojot funkcijas `LEFT`, `MID` un `FIND`, ailē B izveido akronīmus, kas sastāv no pirmajiem četriem ģints un sugas nosaukumu burtiem.

1.1.3. Datu pārveide

Ja veģetācijas datu tabulā parauglaukumos, kur suga nav sastopama, nav norādīta nekāda vērtība, nereti nepieciešams šajās vietās ievietot vērtības 0. Vienkāršs paņemiens ir, izveidot citu tabulu un tajā ievietot vērtības ar formulu `Sheet1!A1`, pēc tam to sakopējot nepieciešamajās šūnās.

Bieži nepieciešams datu pārveidot, kategoriskos datus izsakot skaitliskos vai otrādi. Piemēram, procentos izteiktu augu segumu vietā var būt nepieciešami dati par sugas klātbūtni vai segumu apzīmējumi. To var paveikt, pielietojot funkciju `IF`. Ja tabulā "Sheet1", sākot no šūnas B2, segumi izteikti procentos, tad, ierakstot formulu `IF(Sheet1!B2>0; 1;0)` tabulas "Sheet2" šūnā B2, iegūsim datus par sugas klātbūtni, bet formula `IF(Sheet1!B2<5; IF(Sheet1!B2<1; IF(Sheet1!B2>0; 0;"+");1);2)` dos seguma apzīmējumus "0", "+", "1", "2".

Ja ir pieejami segumu apzīmējumi, kas jāpārvērš procentos izteiktos segumos, tad var rīkoties analogi. Piemēram, ja tabulā ir apzīmējumi "+", "1", "2" un "3", tad formula `IF(Sheet1!B2="+";1; IF(Sheet1!B2=1;3; IF(Sheet1!B2=2;13; IF(Sheet1!B2=3; 38;0))))` to vietā dos vērtības 1, 3, 13 un 38, bet pārējos gadījumos – vērtību 0.

1c. piemērs. Procentu pārveide.

Failā `Pavilosta.xls` izveido jaunu tabulu "Veg2". Izmantojot funkciju `IF`, pārveidot procentos izteiktās vērtības par vērtībām 0 un 1. Saglabāt tabulu CSV formātā ar nosaukumu "Pveg2.csv". Failu atvērt teksta redaktorā un izdzēst pirmo vērtību un pirmo atdalītāju. Fails būs izmantojams programmā R.

Izveido arī tabulu "Veg4". Tajā ievieto atsauces uz tabulas "Veg" šūnām, tā šūnās bez vērtības ievietojot nulles.

1.1.4. Tabulu pagriešana

Nereti tabulu nepieciešams pagriezt, rindu saturu ievietojot ailēs un otrādi. Bieži to dara elektronisko tabulu redaktorā. Ja iezīmētu tabulu iekopē atmiņā (*Edit, Copy*), tad jaunā tabulā to var iekopēt pagrieztā veidā (*Edit, Paste special, Transpose*). Ja kopējamie dati iegūti ar formulām, tad jāatzīmē arī *Value*. Noteikti jāpārlicinās vai izmantotajā tabulu redaktorā pieejams pietiekams aiļu skaits. Ja nav pieejama programma ar pietiekamu aiļu skaitu, datus var pagriezt programmā R, izmantojot funkciju `t`.

Tabulu pagriešanai elektronisko tabulu redaktorā iespējams izmantot arī funkciju `INDEX`, kurai ir trīs parametri. Pirmais ir norāde uz visu pagriežamo tabulu, otrais – rindas numurs, trešais – ailes numurs. Norādē uz tabulu, pie rindu un aiļu apzīmējumiem jāpievieno "\$" zīme, lai kopējot norāde nemainītos. Savukārt rindas numura vietā izmanto funkciju `COLUMN`, bet ailes numura vietā – funkciju `ROW`, kas dod ailes un rindas numurus šūnai, kurā funkcija ierakstīta. Ja jauno tabulu veido ar nobīdi, tad pieskaita vai atņem novirzes vērtību.

Piemēram, ja izejas dati ir tabulā "Sheet1" no šūnas A1 līdz šūnai K20, tad tabulas "Sheet2" šūnā "A1" var ierakstīt formulu `INDEX(Sheet1!A1:K20; COLUMN(); ROW())` un to nokopēt līdz šūnai K20. Ja jauno tabulu vēlas sākt no šūnas B2, tad rindas un ailes vērtībām atņem 1.

1d. piemērs. Tabulu pagriešana.

Failā `Pavilosta.xls` izveido jaunas tabulas "Veg3" un "Laukumi2". Izmantojot funkcijas `INDEX`, `ROW` un `COLUMN`, pagriezt tabulas "Veg" un "Laukumi". Pirmajā rindā ievietojamo informāciju ņemt no tabulas "Akronimi". Saglabāt tabulu "Veg" CSV formātā ar nosaukumu "Pveg3.csv". Failu atvērt teksta redaktorā un izdzēst pirmo vērtību un pirmo atdalītāju. Fails būs izmantojams programmā R.

2. piemērs. Datu sagatavošana.

Elektronisko tabulu redaktorā (`MS Excel` vai `OpenOffice Calc`) atver failu `Uzava.xls`. Tabulā "Veg" ir procentos izteikti veģetācijas seguma dati, tabulā "Laukumi" – dati par parauglaukumiem, tabulā "Sugas" – informācija par sugām.

Izveidot tabulas "Veg2", "Veg3" un "Laukumi2". Tabulā "Veg2", izmantojot funkciju `IF`, parādīt sugu sastopamību parauglaukumos ar vērtībām 0 vai 1. Tabulās "Veg3" un "Laukumi2" pagriezt datus no tabulām "Veg" un "Laukumi", rindās izvietoto informāciju ievietojot ailēs. Sugu nosaukumus pārveidot par akronīmiem.

Tabulas "Veg3", "Laukumi" un "Sugas" saglabāt CSV formātā ar semikoliem vai komatiem kā atdalītājiem, piešķirot attiecīgi failu nosaukumus `Uveg3.csv`, `Ulaukumi.csv`, `Usugas.csv`. Izveidotos failus atvērt teksta redaktorā un pārlicināties par failu korektumu. Ja teksts ievietots pēdējās, tās likvidēt ar aizvietošanas palīdzību. Failā `Uveg3.csv` izdzēst pirmo vērtību un pirmo atdalītāju.

2. DATU APSTRĀDE ELEKTRONISKO TABULU REDAKTOROS

Vispārīgu statistisko informāciju par ekoloģiskajiem datiem iespējams iegūt, pielietojot elektronisko redaktorus. Tos bieži izmanto, lai iegūtu apkopojošus datus gan par sugām, gan parauglaukumiem, piemēram, sugu sastopamību vai vidējos segumus gan visā datu kopā, gan pēc kādiem parametriem nodalītās grupās.

Šim nolūkam visbiežāk izmanto funkcijas `Count`, `Sum`, `Average` vai to selektīvos analogus `Countif`, `Sumif`, `Averageif`.

Sugu statistika

Bieži noskaidro katras sugas sastopamību visos parauglaukumos vai to grupās. To mēdz atspoguļot kā parauglaukumu skaitu, kur suga sastopama, vai izteikt procentos no kopējā parauglaukumu skaita.

Šim nolūkam var pielietot funkcijas `count` un `countif`, ja norādīts sugu segums procentos, vai `sum` un `sumif`, ja norādīta sugu klātbūtne ar 0 vai 1.

Parasti veido atsevišķu tabulu, un rezultātu ieguvei izmanto veģetācijas segumu vai klātbūtnes tabulas, kā arī tabulas ar parauglaukumu datiem, ja sastopamību aprēķina selektīvi pa parauglaukumu grupām.

3. piemērs. Sugu sastopamība.

Failā `Pavilosta.xls` izveido jaunu tabulu "Sugu_dati". Ailē A, sākot ar ceturto rindu, ievieto sugu nosaukumus. Ailē B noskaidro katras sugas sastopamību ar formulu `COUNT(veg!2:2)`. Blakus ailē to izsaka procentos no kopējā parauglaukumu skaita.

Tabulā "Laukumi2" ailē D, norādītas vērtības P1, P2 un P3, kas norāda uz parauglaukumu grupām ar atšķirīgiem vides apstākļiem. Ar formulu `SUMIF(Laukumi2!$4:$4;"P1";'Veg2'!2:2)` noskaidro sugu sastopamību grupā P1. Blakus ailē ievieto formulu `100*D3/COUNTIF(Laukumi2!$4:$4;"P1")`, izsakot sastopamību procentos.

Četrās nākamajās ailēs noskaidro arī sugu sastopamību grupās P2 un P3. Pirmajās trīs rindās ievieto aiļu vai aiļu grupu apzīmējumus (1. attēls).

Minētos datus aprēķina arī failā `Uzava.xls`, rēķinot sugu sastopamību visā datu kopā un parauglaukumu grupās U1 un U2.

=AVERAGEIF(Laukumi2!\$4:\$4;Sugu_dati!K\$3;'Veg4'!2:2)													
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M
1		Sugu sastopamība											
2		Kopā		P1		P2		P3		Vidējais segums %			
3		N	%	N	%	N	%	N	%	Kopā	P1	P2	P3
4	Achillea millefolium	3	6	0	0	3	15	0	0	0.1	0.0	0.2	0.0
5	Agrostis tenuis	1	2	0	0	1	5	0	0	0.0	0.0	0.1	0.0
6	Allium sp.	2	4	0	0	2	10	0	0	0.0	0.0	0.1	0.0
7	Ammophila arenaria	10	20	0	0	0	0	10	100	3.4	0.0	0.0	17.0
8	Artemisia campestris	14	28	0	0	12	60	2	20	0.8	0.0	1.7	0.7
9	Briza media	1	2	0	0	1	5	0	0	0.0	0.0	0.1	0.0
10	Calamagrostis epigeios	30	60	10	50	20	100	0	0	1.4	0.8	2.9	0.0
11	Carex arenaria	42	84	20	100	18	90	4	40	4.1	6.2	3.8	0.5

1. attēls. Sugu datu aprēķina tabula.

Nereti izmanto informāciju par sugu vidējiem segumiem. Šim nolūkam visbiežāk pielieto funkcijas `average` un `averageif`. Rēķinot vidējos segumus, jāizmanto tabula, kur parauglaukumiem bez attiecīgās sugas norādīta vērtība nulle. Ja vērtība netiks norādīta, tad vidējais segums tiks rēķināts tikai parauglaukumiem ar sugas klātbūtni, kas arī var būt noderīgi.

4. piemērs. Sugu vidējie segumi.

Faila `Pavilosta.xls` tabulas "Sugu_dati" ailē J noskaidro katras sugas vidējo segumu visos parauglaukumos ar formulu `AVERAGE(veg4!2:2)`. Blakus ailēs, pārkopējot formulu `AVERAGEIF(Laukumi2!$4:$4;Sugu_dati!K$3;'Veg4'!2:2)` no ailes K uz ailēm L un M, vidējos segumus aprēķina selektīvi katrai parauglaukumu grupai (1. attēls).

Minētos datus aprēķina arī failā `Uzava.xls`, rēķinot sugu vidējos segumus visā datu kopā un parauglaukumu grupās U1 un U2.

Sugu skaits parauglaukumos

Bieži tiek rēķināta vispārīga statistika katram parauglaukumam atsevišķi. Vēlāk to var izmantot, rēķinot vispārīgu statistiku visai datu kopai vai atsevišķi parauglaukumu grupām, kā arī pielietojot ordinācijā.

Ļoti bieži tiek rēķināts sugu skaits parauglaukumā, kas ir viens no sugu daudzveidības rādītājiem (sugu bagātība, *species richness*). To var paveikt ar funkcijām `count` un `sum` vai, rēķinot noteiktām sugu grupām, arī ar `countif` vai `sumif`.

=SUMIF(Sugas!\$C\$2:\$C\$76;"I";'Veg2'!B\$2:B\$76)											
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	
1	ID	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
2	Apz	P01	P02	P03	P04	P05	P06	P07	P08	P09	P
3	Vieta	Pāvilosta	Pāvilosta	Pāvilosta	Pāvilosta	Pāvilosta	Pāvilosta	Pāvilosta	Pāvilosta	Pāvilosta	P
4	Terit	P1	P1	P1	P1	P1	P1	P1	P1	P1	P
5	O	2	1	2	3	2	2	3	3	2	
6	Smilts	2	1	1	1	2	1	2	2	1	
7	Grants	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
8	Pelni	4.99	4.987	4.984	4.986	4.987	4.986	4.988	4.982	4.974	
9	Organika	0.0103	0.013	0.0163	0.014	0.013	0.014	0.0123	0.0177	0.0263	
10	PhKCl	5.683	5.49	5.517	5.687	5.79	5.96	6	5.373	5.7	
11	P	0.3354	0.5058	0.6005	0.5876	0.4018	0.7098	0.3933	0.4602	0.9523	
12	Sugu skaits	14	14	12	13	13	12	12	16	13	
	Laukstaugu stāva										
13	sugu skaits	6	6	5	7	8	6	7	9	7	
14	Sūnu sugu skaits	4	5	4	3	2	3	2	4	3	
15	Ķērpju sugu skaits	4	3	3	3	3	3	3	3	3	

2. attēls. Sugu skaita aprēķins parauglaukumos.

5. piemērs. Sugu skaita novērtējums parauglaukumos.

Faila `Pavilosta.xls` tabulas "Laukumi2" 12. rindā noskaidro sugu skaitu katrā parauglaukumā ar formulu `SUM('Veg2'!B$2:B$76)` 13. rindā noskaidro lakstaugu sugu skaitu, pielietojot formulu `SUMIF(Sugas!C2:C76;"I";'Veg2'!B$2:B$76)`. Nākamajās divās rindās vērtību "I" nomaina uz "s" un "k", attiecīgi aprēķinot sūnu un ķērpju sugu skaitu (2. attēls).

Iegūtos rezultātus ievieto tabulas "Laukumi" ailēs no L līdz O ar formulu `INDEX(Laukumi2!$12:$15;COLUMN()-11;ROW())` (4. attēls).

Minētos datus aprēķina arī failā Uzava.xls.

Ellenberga sugu indikatorvērtību pielietojums

Ekoloģiskos datu analīzē, bieži tiek izmantoti dažādi vides faktori. Tomēr daudzos gadījumos to ieguve ir apgrūtināta, jo saistīta ar salīdzinoši dārgām ķīmiskām analīzēm. Vācu zinātnieks H. Ellenbergs sniedza augu sugu saistības ar noteiktiem vides faktoriem (apgaismojumu, temperatūru, klimata kontinentalitāti, augsnes mitrumu, skābumu un sāļumu) novērtējumu deviņu baļļu skalā no viena līdz deviņi. Papildus vēl mēdz pielietot apzīmējumu „x”, ja suga ir indifereņa pret attiecīgi faktoru. Citi autori vēlāk šos datus ir papildinājuši, tos sniedzot arī sūnām un ķērpjiem, kā arī precizējot indikatorvērtības dažādiem reģioniem. Šie dati bieži tiek izmantoti, lai ekoloģiskos pētījumos netieši novērtētu vides faktorus, indikatorvērtības attiecinot uz parauglaukumiem atkarībā no sugu sastāva tajos.

Vērtības var tikt pielietotas dažādi. Bieži tās mēdz izmantot gan, lai grupētu sugas pa noteiktām klasēm. Citkārt pielieto to skaitliskās vērtības, lai rēķinātu vidējo parauglaukuma indikatorvērtību atkarībā no noteiktu sugu klātbūtnes.

Elektronisko tabulu redaktoros ar funkcijām `countif` un `sumif` var noskaidrot attiecīgā parauglaukuma sugu skaitu vai segumu atbilstošajās indikatorvērtību klasēs.

Nereti uz parauglaukumiem attiecina arī vidējās Ellenberga indikatorvērtības. Tās rēķinot izmanto tikai tās klases, kurām ir skaitlisks apzīmējums. Korektākus rezultātus dod vidējās svērtās vērtības, kas ir atkarīgas no sugu skaita vai to seguma attiecīgajā klasē. Šim nolūkam jāsummē visu klašu vērtību reizinājums ar sugu skaitu vai to segumu attiecīgajā klasē un tas jādala ar visu segumu summu (pielieto tikai skaitlisko klašu datus).

B15		fx {=SUM(B\$4:B\$12*\$A\$4:\$A\$12)/SUM(B\$4:B\$12)}																			
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U
1	Indikatorvērtības	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
2	NA	30	35	40	75	75	85	80	80	45	95	21	16	50	20	65	25	35	20	20	40
3	x	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
4	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
5	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
6	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
7	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
8	5	5	1	5	5	5	0	0	3	0	0	11	0	2	21	20	4	5	0	0	2
9	6	15	10	10	10	20	30	10	10	20	40	15	10	5	11	5	10	5	0	0	20
10	7	5	16	5	13	10	6	16	19	24	11	6	5	3	20	18	6	7	7	10	8
11	8	18	30	30	21	15	17	13	13	16	1	41	23	15	31	17	20	15	35	25	15
12	9	45	33	35	15	20	12	15	12	35	4	57	66	55	30	15	41	69	50	50	28
13	Klases 1-7	25	27	20	28	35	36	26	32	44	51	32	15	10	52	43	20	17	7	10	30
14	Klases 8-9	63	63	65	36	35	29	28	25	51	5	98	89	70	61	32	61	84	85	75	43
15	Vidējā svērtā indikatorvērtība	7.9	7.9	7.9	7.5	7.4	7.2	7.6	7.4	7.7	6.4	7.9	8.4	8.5	7.3	7	8	8.4	8.5	8.5	7.6

3. attēls. Ellenberga indikatorvērtību pielietojums parauglaukuma augsnes skābuma novērtējumam.

6. piemērs. Ellenberga indikatorvērtību pielietojums.

Failā `Pavilosta.xls` izveido tabulu "Skabums". Ailē A norāda iespējamās indikatorvērtības – „NA” (nav datu), „x” (indiferenta suga) un tālāk skaitļus no 1 līdz 9. Sākot no ailes B, pirmajā rindā ievieto parauglaukumu apzīmējumus.

Ar formulu `SUMIF(Sugas!$E:$E;Skabums!$A2;'Veg4'!B:B)` šūnā B2 noskaidro sugu segumus, kas atbilst norādītajai klasei. Formulu var nokopēt, lai iegūtu rezultātus visām indikatorvērtību klasēm un parauglaukumiem.

13. un 14. rindā summē visu sugu segumus, kas pieder klasēm no 1 līdz 7 un 8 līdz 9. 15. rindā ievieto formulu `SUM(B$4:B$12*A4:A12)/SUM(B$4:B$12)`. Pēc formulas uzrakstīšanas jānospiež tastatūras taustiņi `Shift+Ctrl+Enter`, kas nodrošinās masīvu formulas (*array formula*) izveidi (3. attēls).

Iegūtos rezultātus ievieto tabulas "Laukumi" ailēs no P līdz R ar formulu `INDEX(Skabums!$13:$15;COLUMN()-15;ROW())` (4. attēls).

Tabulu "Laukumi" saglabā CSV formātā failā `Plaukumi.csv`.

Minētos datus aprēķina arī failā `Uzava.xls`.

	A	B	C	D	L	M	N	O	P	Q	R
	ID	Apz	Vieta	Terit	Sugu.sk	Lakst.sk	Sunu.sk	Kepju.sk	Baz.seg	Skab.seg	Skab.vid
	1	P01	Pāvilosta	P1	14	6	4	4	25	63	7.94
	2	P02	Pāvilosta	P1	14	6	5	3	27	63	7.93
	3	P03	Pāvilosta	P1	12	5	4	3	20	65	7.94
	4	P04	Pāvilosta	P1	13	7	3	3	28	36	7.48
	5	P05	Pāvilosta	P1	13	8	2	3	35	35	7.36
	6	P06	Pāvilosta	P1	12	6	3	3	36	29	7.17
	7	P07	Pāvilosta	P1	12	7	2	3	26	28	7.61
	8	P08	Pāvilosta	P1	16	9	4	3	32	25	7.37
	9	P09	Pāvilosta	P1	13	7	3	3	44	51	7.69

4. attēls. Parauglaukumu dati.

Parauglaukumu grupu statistika

Iegūtos datus par parauglaukumiem iespējams eksportēt, lai turpmāk izmantotu statistiskās analizē, piemēram, ordinācijās. Nereti rēķina parauglaukumu grupu statistiku, visbiežāk rēķinot vidējos rādītājus katrā grupā.

Vēlāk tos iespējams salīdzināt ar dažādām statistiskām metodēm. Tā kā šie dati visbiežāk neseko normālajam sadalījumam, tad pielieto neparametriskās metodes, piemēram, Vilksona testu.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I
	Teritorijas	Sugu.sk	Lakst.sk	Sunu.sk	Kepju.sk	Baz.seg	Skab.seg	Skab.vid	
	P1	13.0	6.3	3.7	3.1	28.0	54.9	7.8	
	P2	25.4	18.1	4.9	2.4	75.9	48.2	7.3	
	P3	10.8	7.5	3.1	0.2	17.9	72.1	8.1	

5. attēls.

6. piemērs. Ellenberga indikatorvērtību pielietojums.

Failā `Pavilosta.xls` izveido tabulu "Grupas". Ailē A norāda parauglaukumu grupu apzīmējumus – P1, P2, P3. Sākot no ailes B, pirmajā rindā ievieto parauglaukumu apzīmējumus.

Ar formulu `=AVERAGEIF(Laukumi!$D:$D;Grupas!$A2;Laukumi!L:L)` noskaidro vidējos parauglaukumu rādītājus katrai parauglaukumu grupai.

Minētos datus aprēķina arī failā `Uzava.xls`.

3. SUGU DAUDZVEIDĪBA

Sugu daudzveidība ir viens no trim bioloģiskās daudzveidības līmeņiem. Ekoloģiskajos pētījumos tas tiek analizēts visbiežāk. Sugu daudzveidība ietver divas komponentes – sugu bagātību (*species richness*) un sugu vienmērīgumu (*species evenness*). Pirmā no tām ir vienkāršs sugu skaits, bet otrā norāda uz katras sugas sastopamības īpatsvara vienmērīgumu. Vienmērīgumu iespējams novērtēt tikai, ja sugu sastopamība vērtēta kvantitatīvi.

Daudzveidību konkrētajā vietā ietekmē arī teritorijas neviendabīgums. Ja aplūkotajā vietā ir salīdzinoši vienmērīgi vides apstākļi, sugu skaits būs mazāks, ja vides apstākļi daudzveidīgāki – arī sugu skaits būs lielāks. Daudzveidība ir atkarīga arī no teritorijas lieluma, jo tā lielāka, jo arī daudzveidība būs lielāka. Tātad korekti salīdzināt daudzveidību var tikai vienāda lieluma teritorijām.

Sugu daudzveidības analizēm iespējams izmantot visai daudz dažādas programmatūras. Vienkāršākos gadījumos var izmantot elektronisko tabulu redaktorus, uzrakstot nepieciešamās formulas.

Te tiks aplūkotas programmas R funkciju bibliotēkas “*vegan*” un “*BiodiversityR*”.

3.1. Programmas R bibliotēkas “*vegan*” un “*BiodiversityR*”

Minētās funkciju bibliotēkas domātas ekoloģisko datu analīzei. Bibliotēka “*vegan*” piedāvā divas nozīmīgas funkciju grupas. Pirmā ietver daudzfaktoru analīzes (galvenokārt ordinācijas), bet otrā – sugu daudzveidības novērtēšanas metodes. Savukārt bibliotēka “*BiodiversityR*” papildina “*vegan*” bibliotēku galvenokārt sugu daudzveidības novērtēšanas jomā.

Paketes un papildus informāciju par tām var iegūt vietnēs:

<http://cran.r-project.org/web/packages/vegan/index.html>,

<http://cran.r-project.org/web/packages/BiodiversityR/index.html>.

7a. piemērs. Programmas R bibliotēkas “*vegan*” un “*BiodiversityR*”.

Atver programmu R un izpilda komandas

```
> library(vegan)
> library(BiodiversityR)
> help(diversity)
> help(BiodiversityR)
```

Tiek ielādētas abas bibliotēkas un atvērti logi ar informāciju par “*vegan*” funkciju *diversity* un vispārīgu informāciju par bibliotēku “*BiodiversityR*”. Ja logu lejasdaļā izvēlas izcēlumu “*Index*”, tad var piekļūt aprakstiem par visām šo bibliotēku funkcijām.

3.1.1. Datu sagatavošana

Analizējamie dati var tikt organizēti vairākās tabulās. Nozīmīgākā ir sugu sastopamības datu tabula, kur sugas ir izvietotas ailēs, bet parauglaukumi – rindās. Sastopamību raksturo kvantitatīvi, piemēram, norādot segumu procentos, īpatņu skaitu, klātbūtni/iztrūkumu apzīmējot ar vērtībām 1 un 0 vai izmantojot citus apjomu raksturojošus rādītājus. Šajā tabulā nedrīkst būt iztrūkstošas vērtības. Parauglaukumu un sugu apzīmējumus (parasti akronīmus) atspoguļo kā rindu un aiļu nosaukumus.

Papildus iespējams izmantot tabulas ar parauglaukumu (vides) datiem vai informāciju par sugām. Parauglaukumu un sugu secībai šajās tabulās jābūt tādai pat kā sugu sastopamības tabulā. Var tikt izmantota gan kvantitatīva, gan kvalitatīva informācija. Iespējamās arī iztrūkstošas vērtības.

7b. piemērs. Datu ielasīšana.

Programmā R ielasa 1a. piemērā izveidoto parauglaukumu un sugu datu tabulas, kā arī 1d. piemērā izveidoto veģētācijas datu tabulu.

```
> vide<-read.csv("plaukumi.csv",header=TRUE,sep=",")
> veg<-read.csv("pveg3.csv",header=TRUE,sep=",")
> sugas<-read.csv("psugas.csv",header=TRUE,sep=",")
```

Izmantojot komandas `names` un `rownames`, aplūko abu tabulu aiļu un rindu nosaukumus.

```
> names(vide)
> rownames(vide)
```

4.1.2. Datu apskate un atlase

Tabulu pilnībā var aplūkot, ievadot tās nosaukumu. Savukārt uz atsevišķām ailēm atsaucas, norādot tabulas nosaukumu un aiz "\$" zīmes ailes nosaukumu. Uz rindām, ailēm vai atsevišķām šūnām var arī atsaukties, aiz tabulas nosaukuma kvadrātiekvāš liekot norādes uz rindu un aiļu kārtas numuriem.

7c. piemērs. Datu apskate.

Komandas datu apskatei.

```
> vide[1,] # Tabulas pirmā rinda
> vide[,2] # Tabulas otrā aile
> vide$Terit # Aile "Terit"
> vide[1:2,1:3] # Tabulas pirmās divas rindas un pirmās trīs ailes
> vide$Terit[1:5] # Ailes "Terit" pirmās piecas rindas
```

Datus var atlasīt balstoties uz loģiskiem vektoriem, kuru garums atbilstošs tabulas rindu vai aiļu skaitam un satur vērtības "TRUE" vai "FALSE". Norādi uz loģisko vektoru liek kvadrātiekvāš aiz tabulas nosaukuma.

Loģiskos vektorus izveido ar loģisko izteiksmju palīdzību, kur izmanto zīmes "==" , "<" , ">" , "<=" , ">=" un loģiskos operatorus "!" (*not*) , "&" (*and*) un "|" (*or*).

7d. piemērs. Datu atlase.

Komandas datu atlasei.

```
> P1<-vide$Terit=="P1" # Vektors biotopu grupas "P1" atlasei
> P2<-vide$Terit=="P2" # Vektors biotopu grupas "P2" atlasei
> P3<-vide$Terit=="P3" # Vektors biotopu grupas "P3" atlasei
> Carearen<-veg$Carearen>0 # Vektors parauglaukumu ar Carex arenaria
  atlasei
> Carearen0<-!Carearen # Vektors parauglaukumu bez Carex arenaria
  atlasei
> lakst<-sugas$Stavs=="1" # Vektors lakstaugu stāva sugu atlasei
> veg[P1,1:10] # Pirmās desmit ailes ar P1 grupas datiem
> veg[Carearen,1:10] # Pirmās desmit ailes ar Carex areanaria
> veg[Carearen & P3, ] # P3 grupa ar Carex areanaria
```

3.2. Sugu bagātība

Sugu bagātība (*species richness*) jeb sugu skaits ir visvienkāršākais un sugu klātbūtnes novērtējuma gadījumos arī vienīgais izmantojamais daudzveidības rādītājs. Ja sugu sastopamības datu tabula sagatavota korekti, tad aiļu skaits sakrīt ar aplūkotās teritorijas sugu bagātību. Visbiežāk sugu skaita novērtēšanai ierīko parauglaukumus, kuriem jābūt vienāda lieluma, jo izmēri ietekmē sugu skaitu.

3.2.1. Vidējais sugu skaits parauglaukumā

Sugu skaitu katrā parauglaukumā var noskaidrot, izmantojot bibliotēkas "veg" funkciju `specnumber`, kā pirmo parametru norādot sugu sastopamības tabulu. Otrs parametrs ir `MARGIN` ar noklusēto vērtību 1. Tā rezultātā tiek izveidots vektors ar sugu skaitu katrā parauglaukumā. Ja otra parametra vērtība ir 2, tad tiek noskaidrots katras sugas parauglaukumu skaits.

Bieži novērtē sugu skaita atšķirības atkarībā no dažādiem faktoriem, piemēram, teritorijas, vides apstākļiem, kādas sugas klātbūtnes utt. Parauglaukumi tiek grupēti atkarībā no pētāmā faktora un šajās grupās tiek novērtēts sugu skaits.

Absolūto sugu skaitu visā parauglaukumu klāstā vai parauglaukumu grupās, kas izdalītas, balstoties uz noteiktu faktoru, var noskaidrot, izmantojot bibliotēkas "BiodiversityR" funkciju `diversityresult`. Jānorāda sekojoši parametri: `x` – sugu sastopamības datu tabula; `y` – vides datu tabula; `factor` – parauglaukumu grupēšanai izmantotās vides datu tabulas ailes nosaukums; `level` – vērtība grupēšanai; `index` – sugu daudzveidības rādītājs, šajā gadījumā "richness".

8a. piemērs. Sugu skaits.

Sugu bagātības noskaidrošanai var izmantot funkciju `diversityresult`.

```
> diversityresult(veg, index="richness") # Kopējais sugu skaits
> diversityresult(veg, y=vide, factor="Terit", level="P1",
  index="richness") # Sugu skaits parauglaukumu grupā P1
> diversityresult(veg, y=vide, factor="Terit", level="P2",
  index="richness") # Sugu skaits parauglaukumu grupā P2
> diversityresult(veg, y=vide, factor="Terit", level="P3",
  index="richness") # Sugu skaits parauglaukumu grupā P3
```

Sugu bagātības noskaidrošanai parauglaukumu grupās, izmantot 7d. piemērā veidotos loģiskos vektorus.

```
diversityresult(veg[P1, ], index="richness") # Sugu skaits
  parauglaukumu grupā P1
diversityresult(veg[Carearen, ], index="richness") # Sugu skaits
  parauglaukumos ar Carex arenaria
diversityresult(veg[Carearen0, ], index="richness") # Sugu skaits
  parauglaukumos bez Carex arenaria
```

Tomēr kopējo sugu skaitu grupās korekti var salīdzināt tikai tad, ja parauglaukumu skaits tajās ir vienāds. Visbiežāk tas tā nav. Viena no iespējām ir salīdzināt vidējo sugu skaitu katras izdalītās grupas parauglaukumā.

8b. piemērs. Sugu vidējais skaits parauglaukumā.

```
> sugu.sk<-specnumber(veg) # Sugu skaits katrā parauglaukumā
> mean(sugu.sk) # Vidējais sugu skaits visos parauglaukumos
```

```
> tapply(sugu.sk, vide$Terit, mean) # Vidējais sugu skaits noteiktas
  teritorijas parauglaukumos
```

Ja vēlas vidējo sugu skaitu noskaidrot parauglaukumu grupām, kas izdalītas pēc vairākiem parametriem vai skaitliskiem parametriem, vai uzskaitīt tikai daļu no sugām, tad jāveic datu atlase. Izmantot 7d. piemērā izveidotos loģiskos vektorus.

```
> P1.sugu.sk<-specnumber(veg[P1, ])
> P2.sugu.sk<-specnumber(veg[P2, ])
> lakst.sugu.sk<-specnumber(veg[, lakst])
> Carearen.sugu.sk<-specnumber(veg[Carearen, ])
> Carearen0.sugu.sk<-specnumber(veg[Carearen0, ])
> mean(P1.sugu.sk)
> mean(P2.sugu.sk)
> mean(Carearen.sugu.sk)
> mean(Carearen0.sugu.sk)
```

Statistikai atšķirību novērtēšanai nav ieteicams izmantot Stjūdentu testu, jo sugu skaits bieži seko nevis normālajam, bet gan Puasona sadalījumam. Var izmantot neparametriskus testus, piemēram, Vilkoksona (*Wilcoxon*) testu, kas pazīstams arī kā Manna-Vitnija (*Mann-Whitney*) tests.

8c. piemērs. Vilkoksona tests.

Izmantot 8b. piemērā izveidotos vektorus ar sugu skaitu parauglaukumos.

```
> wilcox.test(P1.sugu.sk, P2.sugu.sk)
> wilcox.test(Carearen.sugu.sk, Carearen0.sugu.sk)
```

Ja p-vērtība (*p-value*) ir mazāka par izvēlēto būtiskuma līmeni (parasti 0.05), tad atšķirības starp sugu skaitu ir būtiskas.

9. piemērs. Vidējā sugu skaita novērtējums.

7. un 8. piemērā atspoguļotās lietas paveikt arī ar Užavas datiem. Bez tam noskaidrot sugu skaitu katrā parauglaukumā un vidējo un kopējo sugu skaitu parauglaukumos ar *Achillea millefolium* un *Sedum acre*. Ar Vilkoksona testu pārbaudīt vai šo sugu klātbūtne būtiski ietekmē sugu skaitu parauglaukumā. Teksta failā saglabāt R vidē iegūto informāciju par sugu kopējo skaitu, vidējo sugu skaitu un Vilkoksona testā iegūtām p-vērtībām.

4.2.2. Sugu akumulācijas līknes

Apvienojot divus parauglaukumus, bieži kopējais sugu skaits nesakrīt ar abu parauglaukumu sugu skaita summu, jo daļa sugu ir abos parauglaukumos. Apvienojot divus citus parauglaukumus, šis skaitlis visticamāk atšķirsies. Ja vēlamies korekti raksturot sugu skaitu divos parauglaukumos, jāaplūko visi iespējamie varianti un jāiegūst vidējais sugu skaits. Šādi apvienojot trīs, četrus utt. parauglaukumus, sugu skaits pakāpeniski augs. Līkni, kas iegūta no vidējā apvienoto parauglaukumu sugu skaita, sauc par sugu akumulācijas līkni. Vidējos iegūst, pārbaudot visus iespējamus variantus vai arī veicot noteiktu skaitu nejaušu izvēļu.

Sugu akumulācijas līkņu izejas datu aprēķinam var izmantot paketes "veg an" funkciju `specaccum` vai paketes "Biodiversity R" funkciju `accumresult`, bet grafiku veidošanai attiecīgi funkcijas `plot` vai `accumplot`. Funkcija `accumcomp` ļauj izveidot kompleksu grafiku, veidojot dažādas līknes parauglaukumiem ar atšķirīgu norādīto faktoru.

Šīs funkcijas aprēķina arī vidējā sugu skaita reprezentācijas rādītājus, izmantojot divas dažādas pieejas. Ja minētajās funkcijās parametrs `conditional=TRUE`, tad tiek izmantota

Jari Oksanen izstrādātā metode, kur pie maksimālā parauglaukumu skaita $SD=0$. Tomēr dažādu līkņu statistiskai atšķirību novērtēšanai tos var izmantot tikai pie nosacījuma, ja parauglaukumi aptver visu pētīto ģenerālkopu. Ja parametrs `conditional=FALSE`, tad tiek izmantota R. K. Colwell et. al. (2004) izstrādātā metode, kas balstās uz ekstrapolētu sugu skaita vērtību visā aplūkotajā teritorijā (gamma daudzveidību). Tad SD vērtība vienmēr ir lielāka par nulli. Ticamības intervālu attēlošanai funkcijās `plot` vai `accumplot` jānorāda parametra `ci` vērtība, kas var būt Stjudenta kritērija vērtība pie izvēlēta būtiskuma līmeņa α un n , kas atbilst kopējam parauglaukumu skaitam. Kritērija iegūšanai var izmantot funkciju `qt` ar parametriem $p=(1-\alpha/2)$ un $df=n-1$.

10. piemērs. Sugu akumulācijas līknes.

Veido sugu akumulācijas līknes ar dažādiem parametriem.

```
> ac1<-specaccum(veg) # Akumulācijas datu aprēķins
> ac2<-specaccum(veg,method="random") # Aprēķins ar nejaušu izvēli
> plot(ac1) # Līkne ar reprezentācijas rādītājiem
> plot(ac1,ci=0) # Līkne bez reprezentācijas rādītājiem
> plot(ac2,ci.type="line") # Reprezentācijas rādītāji atspoguļoti ar
  līniju
```

Vairākas akumulācijas līknes, datu sadalot pēc faktora tabulas "vide" ailē "Terit".

```
> accumcomp(veg, vide, "Terit")
```

Vairākas līknes var zīmēt arī iepriekš datus atlasot. Izmantot 12c. piemērā veidotos loģiskos vektorus.

```
> ac3<-specaccum(veg[P1,],conditioned=FALSE)
> ac4<-specaccum(veg[P2,],conditioned=FALSE)
> ac5<-specaccum(veg[P3,],conditioned=FALSE)
> plot(ac4,ci=0)
> plot(ac3,ci=0,col="Blue",add=TRUE)
> plot(ac5,ci=0,col="Red",add=TRUE)
> legend("bottomright",c("P2","P3","P1"),lty=1,col=c("Black",
  "Blue","Red"))
```

Līknes ar 95% ticamības intervāliem.

```
> plot(ac4,ci=qt(p=1-0.05/2,df=length(ac5$sites)),col="Green",
  ci.type="line",ci.lty=3)
> plot(ac3,ci=qt(p=1-0.05/2,df=length(ac3$sites)),col="Blue",
  ci.type="line",ci.lty=3,add=TRUE)
> plot(ac5,ci=qt(p=1-0.05/2,df=length(ac4$sites)),col="Red",
  ci.type="line",ci.lty=3,add=TRUE)
> legend("bottomright",c("P2","P1","P3"),lty=1,col=c("Green",
  "Blue","Red"))
```

Izveidot sugu akumulācijas līknes ar 95% ticamības intervāliem parauglaukumos ar un bez *Carex arenaria* (10b. piemērs).

10c. piemērs. Sugu akumulācijas līknes.

Izmantot failus Užavas datus. Ar funkcijām `specaccum` un `plot` izveidot divus grafikus ar sugu akumulācijas līknēm ar 95% ticamības intervāliem parauglaukumos ar un bez *Achillea millefolium* un *Sedum acre*. Grafikus saglabāt kā attēlus JPG formātā.

3.3. Daudzveidības novērtējums

Ja sugu sastopamība vērtēta kvantitatīvi, tad sugu daudzveidību var aplūkot, izmantojot arī daudzveidības indeksus, kuros papildus sugu bagātībai ir ietverts arī sugu vienmērīguma novērtējums.

Vispārīgā gadījumā sugu daudzveidību raksturo formula

$$H_{\alpha} = \frac{1}{1-\alpha} \log\left(\sum_{i=1}^n p_i^{\alpha}\right),$$

kur H_{α} – Rényi jeb Hill daudzveidība, n – sugu skaits, p_i – i -tās sugas daudzuma īpatsvars, $\alpha \geq 0$. Atkarībā no α vērtības iegūst dažādus daudzveidības rādītājus, no kuriem vairāki ir plaši izmantoti daudzveidības indeksi. Pie $\alpha = 0$ iegūst sugu bagātību, pie $\alpha = 1$ – Šenona indeksu, bet pie $\alpha = 2$ – inverso Simpsona indeksu.

4.3.1. Daudzveidības indeksi

Daudzveidības indeksus katram parauglaukumam var aprēķināt, izmantojot paketes "vegan" funkciju `diversity`. Pirmais parametrs ir sugu sastopamības datu tabula. Atkarībā no otra parametra `index` vērtības ("shannon", "simpson", "invsimpson") iegūst attiecīgi Šenona, Simpsona vai inverso Simpsona indeksu.

Vienmērīguma novērtēšanai var izmantot Pielou nevienmērības indeksu (*Pielou evenness index*), ko iegūst Šenona indeksu dalot ar logaritmētu sugu skaitu.

Lai salīdzinātu daudzveidības atšķirības parauglaukumu grupām, var aprēķināt šo indeksu vidējās vērtības.

11a. piemērs. Daudzveidības indeksi.

Daudzveidības indeksu aprēķins ar funkciju `diversity`.

```
> shan<-diversity(veg,index="shannon")
> simp<-diversity(veg,index="simpson")
> invsimp<-diversity(veg,index="invsimpson")
> J<-shan/log(specnumber(veg))
```

Aprēķināt iegūto indeksu vidējās vērtības parauglaukumu grupām P1, P2, P3. Rezultātus saglabāt teksta failā.

Paketes "Bio diversity R" funkcijas `diversityresult` un `diversitycomp` ļauj iegūt daudzveidības indeksus, kas raksturo visu izvēlēto datu kopu. Tomēr jāatceras, ka šajā gadījumā rezultātus ietekmē parauglaukumu skaits. Lai rezultātus salīdzinātu, ieteicams atlasīt vienādu parauglaukumu skaitu.

11b. piemērs. Daudzveidības indeksi.

Daudzveidības indeksu aprēķins ar funkciju `diversityresult`. Izmantot 7d. piemērā veidotos datu atlasēs vektorus.

```
> shan_all<-diversityresult(veg,index="Shannon")
> veg.p1<-veg[P1,] #P1 grupas veģetācijas dati
> veg.p2<-veg[P2,] #P2 grupas veģetācijas dati
> veg.p3<-veg[P3,] #P3 grupas veģetācijas dati
> shan.p1<-diversityresult(veg.p1,index="Shannon")
> shan.p2<-diversityresult(veg.p2,index="Shannon")
> shan.p3<-diversityresult(veg.p3,index="Shannon")
```

Nejauši atlasa 30 pludmaļu, primāro kāpu un pelēko kāpu parauglaukumus un aprēķina Šenona indeksu. Rezultātus saglabā teksta failā.

```
> shan.p1.2<-diversityresult(veg.p1[sample.int(nrow(veg.p1),
  size=30,replace=TRUE),],index="Shannon")
> shan.p2.2<-diversityresult(veg.p2[sample.int(nrow(veg.primk)
  ,size=30,replace=TRUE),],index="Shannon")
> shan.p3.2<-diversityresult(veg.p3[sample.int(nrow(veg.pelk),
  size=30,replace=TRUE),],index="Shannon")
```

4.3.2. Rényi daudzveidība

Ranžējot parauglaukumus vai to grupas pēc daudzveidības rādītājiem, ne vienmēr visi rādītāji dos vienādu rezultātu. Nereti viens daudzveidības indekss ir lielāks vienā parauglaukumā, bet cits – otrā. Tāpēc pilnībā novērtēt daudzveidības atšķirības var tikai aplūkojot to visās izpausmēs, ko reprezentē Rényi jeb Hill daudzveidība.

To var iegūt, izmantojot paketes "vegan" funkciju `renyi`, kas aprēķina daudzveidības indeksus H_α katram parauglaukumam, pie dažādām α vērtībām (pēc noklusējuma 0, 0.25, 0.5, 1, 2, 4, 8, 16, 32, 64 un bezgalība). Funkcija `plot` grafiski atspoguļo katra izvēlētā parauglaukumu daudzveidības vērtības, vienlaikus norādot visas datu kopuma minimālās, maksimālās un vidējās vērtības.

12a. piemērs. Rényi daudzveidība.

Daudzveidības indeksu aprēķins ar funkciju `renyi`. Ar funkciju `plot` rezultātus atspoguļo grafiski.

```
> ren <-renyi(veg)
> plot(ren[2:5,]) # grafiki 2., 3., 4. un 5. parauglaukumiem.
```

Attēlu analīze liecina, ka tikai parauglaukumā 2. un 5. ir atšķirīga. Pārējos gadījumos atsevišķi daudzveidības indeksi ir lielāki vienā parauglaukumā, bet citi – otrā.

Brīvi izvēlēties vēl divas četru parauglaukumu grupas Užavas datu kopā. Aprēķināt Rényi daudzveidību un izveidot grafikus. Attēlus saglabāt, ievietot teksta dokumentā un norādīt, kuriem parauglaukumiem vērojama atšķirība daudzveidībā.

Parauglaukumu grupu rezultātu iegūšanai izmanto funkcijas `renyiaccum`, kas dod akumulācijas līknes izvēlētajiem daudzveidības līmeņiem, nejauši izvēloties parauglaukumus norādītā skaitā (parametrs `permutations`)

12b. piemērs. Rényi daudzveidības akumulācijas līknes.

Daudzveidības akumulācijas līkņu aprēķins ar funkciju `renyiaccum`. Ar funkciju `plot` rezultātus atspoguļo grafiski un grafikus saglabā.

```
> ren.ac.p1<-renyiaccum(veg.p1,permutations=500)
> ren.ac.p2<-renyiaccum(veg.p2,permutations=500)
> ren.ac.p3<-renyiaccum(veg.p3,permutations=500)
> plot(ren.ac.p1,ylim=c(0,4))
> plot(ren.ac.p2,ylim=c(0,4))
> plot(ren.ac.p3,ylim=c(0,4))
```

Tulītējai līkņu salīdzināšanai var izmantot funkciju `renyicomp`, kur bez sugu sastopamības datu tabulas vēl jānorāda parauglaukumu datu tabula (parametrs `y`) un grupēšanas faktora ailes nosaukums (parametrs `factor`).

12c. piemērs. Rényi daudzveidības akumulācijas līkņu salīdzināšana.

Daudzveidības akumulācijas līkņu aprēķins ar funkciju `renyicomp`. Ieklikšķinot grafikā, tiek ievietota leģenda.

```
> ren.comp<-renyicomp(veg,y=vide,factor="Terit")
```

14. piemērs. Rényi daudzveidības akumulācijas līknes.

Izmantot Užavas datus Ar funkcijām `renyiaccum` un `plot` izveidot grafikus ar sugu Rényi akumulācijas līknēm parauglaukumos ar un bez *Achillea millefolium* un *Sedum acre*. Grafikus saglabāt kā attēlus JPG formātā.

Literatūra

Colwell R.K., Mao C.X., Chang J., 2004. Interpolating, extrapolating, and comparing incidence-based species accumulation curves. *Ecology*, Ecology 85:2717–2727.