XII. SUPPLEMENTAL INFORMATION

Appendix 38.1. Simple examples of using R (R Core Team 2015) for analyzing data and creating plots as part of the basic and advanced exercises in this chapter.

**How to load R as of October 5, 2015 on a computer running Windows 7**

1. Type or copy and paste into the address window of your browser:

**http://www.R-project.org/**

2. On the left under **Download** click:

**CRAN**

3. Navigate down the list on the left to a geographic area that is close to your location e.g.:

**USA**

4. Click on the web address that appears close to your location, e.g.:

**http://cran.cnr.Berkeley.edu/**

5. Under **Download and Install R**, click on the version appropriate for your computer's operating system, e.g.:

**Download R for Windows**

6. Click

**install R for the first time**

7. Click

**Download R 3.2.2 for Windows (62 megabytes, 32/64 bit)**

\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

**Once R is installed:**

1. On a computer running Windows 7, click the **Start menu**

2. Hover your mouse pointer over **All Programs**

3. Scroll down, click **R** and then double click the version that is appropriate for your computer (32 or 64 bit version)

\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

**How to run the R scripts**

Once R is running, the easiest way to use the R scripts below is to open a new script window by clicking **File** -> **New script**. Once the new script window opens, copy and paste the script you want to use from this file. The individual scripts begin and end with a line of hash characters (#).

To run the script in sections, select the portion starting and ending with two lines of asterisks – the press Ctrl-r. Once the script has run, look at the output in the main window and/or view the graph that was created. Sections are separated by 2 rows of asterisks.

\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

**R script for plotting test site HBI values.**

#########################################################################

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

# Plot of test site HBI values

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

#

# Enter the data from the test sites and print the data

#

#

site <- c("A", "B", "C", "D", "E", "F", "G", "H", "I", "J")

#

sequence <- c(1,2,3,4,5,6,7,8,9,10)

#

ref <- c(3.4,3.2,3.9,5.6,3.1,5.3,4.3,4.3,5.1,3.2)

#

test <- c(4.5,5.2,6.1,7.9,5.2,5.7,6.5,5.4,6.3,4.7)

#

example <- data.frame(site, sequence, ref, test)

#

#

print(example)

#

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

# Plot the "test" HBI values

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

# Create basic point plot without x-axis labels

#

plot (example$sequence, example$test, type="p", pch=16, ylim=c(0,10),

xlab="Sites", ylab="HBI", main="Plot of HBI test values", xaxt="n")

#

#

# Lable x-axis with the site designations

#

axis(1, at=1:10, labels=example$site)

#

#

# Add lines indicating levels of water-quality

#

abline(h=3.75, lty=3); abline(h=4.25, lty=3); abline(h=5.00, lty=3)

abline(h=5.75, lty=3); abline(h=6.50, lty=3); abline(h=7.25, lty=3)

#

#

# Add text indicating water quality levels

#

text(9, 8.5, "Very poor", fon=2)

text(9, 5.4, "Fair", fon=2)

text(9, 2.5, "Excellent", fon=2)

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#######################################################################

**R script for analyzing the difference between test and reference site HBI values by using a t-test.**

#########################################################################

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

# Analyze the difference between test sites and reference

# sites using a t-test, first by hand and then using R

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

# Enter the data and create the dataframe

#

site <- c("A", "B", "C", "D", "E", "F", "G", "H", "I", "J")

#

sequence <- c(1,2,3,4,5,6,7,8,9,10)

#

ref <- c(3.4,3.2,3.9,5.6,3.1,5.3,4.3,4.3,5.1,3.2)

#

test <- c(4.5,5.2,6.1,7.9,5.2,5.7,6.5,5.4,6.3,4.7)

#

example <- data.frame(site, sequence, ref, test)

#

#

# Print the data

#

print(example)

#

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

# Calculate the t-statistic by 'hand' using the HBI data

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

# Calculate values needed for reference data

#

r.n <- length(ref) # n of reference

r.mean <- mean(ref) # mean of reference

r.var <- var(ref) # variance of reference

r.sr <- sum(ref) # sum of all reference values

r.2r <- sum(ref\*ref) # sum of squared reference values

#

#

# Calculate values needed for test data

#

t.n <- length(test)

t.mean <- mean(test)

t.var <- var(test)

t.st <- sum(test)

t.2t <- sum(test\*test)

#

#

# Print out the values and statistics needed to hand calculate

# the t-test

#

#

# Reference site values and statistics

#

# n , mean, variance, sum of x, and sum of squared x =

#

print(r.n);print(r.mean);print(r.var);print(r.sr);print(r.2r)

#

# Test site values and statistics

#

# n , mean, variance, sum of x, and sum of squared x =

#

print(t.n);print(t.mean);print(t.var);print(t.st);print(t.2t)

#

#

# Calculate the pooled variance

#

s2nn <- ((t.2t-(t.mean\*t.st))+(r.2r-(r.mean\*r.sr)))/(t.n+r.n-2)

#

# Pooled variance =

#

print(s2nn)

#

#

# Calculate the t statistic

#

#

ttest <- (t.mean-r.mean)/sqrt(s2nn\*(1/t.n+1/r.n))

#

# The calculated t value =

#

print (ttest)

#

# End of calculated t-test calculations

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

# Calculate the t-test assuming equal variances between groups using R

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

t.test(example$ref,example$test, var.equal=T)

#

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

# Create a boxplot to compare reference and test sites

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

# Create a boxplot based on the quartiles of the reference

# and test data

#

labels <-c("Reference","Test")

#

boxplot(example$ref, example$test, notch = FALSE, names=labels,

xlab="Site type", ylab="HBI",

main="Comparison of Reference and Test sites")

#

# End of Boxplot

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#########################################################################

**R script for analyzing raw and log10 transformed macroinvertebrate assemblage data by Detrended Correspondence Analysis. Two plots can be created. The first is the default vegan plot and the second is a plot of labelled site scores. This example analyzes the relationships among family-level macroinvertebrate data from 3 streams in which flow is controlled by dams and 3 streams in which flow is uncontrolled.**

#########################################################################

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

# Example of Detrended Correspondence Analysis (DCA)

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

# Install the vegan package

#

install.packages("vegan") # follow the directions provided to obtain vegan

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

# Load the vegan package

#

library(vegan)

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

# Input the data on a per taxon basis

#

Baetidae <- c(27, 25, 50, 67, 47, 267)

Heptagen <- c(90, 313, 583, 0, 117, 0)

Ephemere <- c(15, 0, 37, 0, 0, 0)

Tricoryt <- c(0, 0, 0, 37, 0, 0)

Leptophl <- c(20, 10, 25, 0, 20, 0)

Nemourid <- c(55, 15, 67, 0, 187, 113)

Leuctrid <- c(40, 10, 10, 0, 0, 0)

Perlidae <- c(13, 50, 30, 0, 20, 0)

Perlodid <- c(10, 20, 0, 0, 10, 0)

Chlorope <- c(10, 15, 27, 0, 10, 0)

Philopot <- c(0, 0, 10, 0, 0, 0)

Hydropsy <- c(70, 13, 250, 480, 110, 53)

Rhyacoph <- c(10, 23, 120, 10, 30, 0)

Glossoso <- c(0, 10, 130, 0, 10, 55)

Hydropti <- c(0, 0, 0, 55, 0, 0)

Brachyce <- c(10, 10, 20, 0, 137, 10)

Lepidost <- c(40, 10, 0, 10, 0, 15)

Odontoce <- c(0, 10, 0, 0, 0, 0)

Chironom <- c(60, 53, 50, 323, 20, 133)

#

# Create dataframe (name = ds) of input data

#

ds <- data.frame(Baetidae, Heptagen, Ephemere, Tricoryt, Leptophl,

Nemourid, Leuctrid, Perlidae, Perlodid, Chlorope,

Philopot, Hydropsy, Rhyacoph, Glossoso, Hydropti,

Brachyce, Lepidost, Odontoce, Chironom)

#

# Print the data

#

print(ds)

#

# Create a variable (grps) for labeling the plot of site scores

#

grps <- c("u","u","u","c","c","c")

#

print (grps)

#

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

# Analyze the raw data by DCA

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

ds.dca <- decorana(ds)

#

# Ouput summary of the results from the DCA

#

summary(ds.dca)

#

# Create the default DCA plot

#

plot(ds.dca)

#

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

# Create a plot of the site scores labeled by their group membership

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

# Create a variable that containts the site scores of the first two

# axses from the DCA

#

ds.dca.samscores <- scores(ds.dca, display=c("sites"), choices=c(1,2))

#

print (ds.dca.samscores)

#

# Create a dataframe of the site scores and the site group lables

#

newdata <- data.frame(ds.dca.samscores,grps)

#

# Create the labelled plot frame

#

plot(newdata$DCA1, newdata$DCA2, type="n", xlab="DCA axis 1",

ylab="DCA axis 2", main="DCA of site scores")

#

# Add the sites lableled by their group membership

#

text(newdata$DCA1, newdata$DCA2, newdata$grps)

#

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

# Analyze the log10 transformed data by DCA

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

# Create a data file (ds.log) of log10 transformed data

#

ds.log <-log10(ds+1)

#

print(ds.log)

#

# Analyze the transformed data by DCA

#

ds.log.dca <- decorana(ds.log)

#

# Ouput a summary of the results from the DCA

#

summary(ds.log.dca)

#

# Create the default DCA plot

#

plot(ds.log.dca)

#

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

# Create a plot of the site scores labeled by their group membership

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#

#

# Create a variable that containts the site scores of the first two

# axses from the DCA

#

ds.log.dca.samscores <- scores(ds.log.dca, display=c("sites"),

choices=c(1,2))

#

print (ds.log.dca.samscores)

#

# Create a dataframe of the site scores and the site group lables

#

newdata.log <- data.frame(ds.log.dca.samscores,grps)

#

# Create the labelled plot frame

#

plot(newdata.log$DCA1, newdata.log$DCA2, type="n",

xlab="DCA Axis 1", ylab="DCA Axis 2", main="Sample scores")

#

# Add the sites lableled by their group membership

#

text(newdata.log$DCA1, newdata.log$DCA2, newdata.log$grps)

#

#

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

#\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*\*

###########################################################################