

BING-F4002 Acquisition et analyse de données

Fiche TP 5 : Expliquer les répartitions

Dufrêne M. - Gilbert M.

(avec la collaboration initiale de - Barbier N. - Deblauwe V.)

Version d'octobre 2015

Solutions proposées (mais il y en d'autres ...)

TP : Q1

Construire d'abord une distribution d'abondance théorique d'abondance d'une espèce en fonction d'un facteur écologique (relation linéaire et gaussienne) puis utilisation des outils statistiques connus pour reconstruire le modèle à priori.

Q1a : Comment interprétez-vous les résultats des estimations des paramètres a et b ? Augmenter la proportion de « hasard » et analyser son impact sur les résultats.

Solution potentielle pour la Q1a

L'impact du caractère aléatoire (hasard=5, 10, 20, ...) se marque d'abord sur le paramètre intercept b puis c'est le paramètre pente a qui devient non significatif quand son rôle dans la prédiction des abondances devient minime. Il est aussi possible d'imposer une variation aléatoire sur la pente.

Q1b : Comment feriez-vous pour faire varier aléatoirement la pente cette fois ?

Solution potentielle pour la Q1b

taxon = (a + hasard * alea) * facteur1 * + b

Q1c : Appliquer cette approche à un modèle de régression multiple avec un deuxième facteur écologique.

Solution potentielle pour la Q1c

rm(list=ls())

1. Creation d'une liste de valeurs pour un facteur écologique

fact1 <- seq(0.5, 20, by = 0.5)

fact2 <- seq(1, 4, by = 1)

taxon = 0

fichier = data.frame(facteur1=fact1, facteur2=fact2, taxon)

2. Construction d'un modèle linéaire multiple $Y = b_0 + b_1 \cdot X_1 + b_2 \cdot X_2$

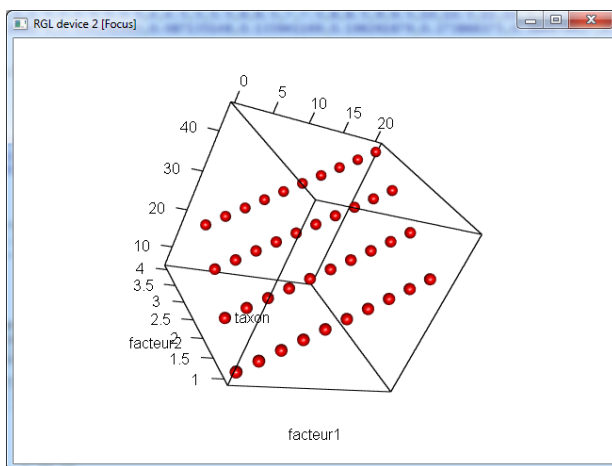
b0 = 3 ; b1 = 1.5 ; b2 = 3

fichier\$taxon = b0 + b1 * fichier\$facteur1 + b2 * fichier\$facteur2

plot(fichier\$facteur1, fichier\$taxon)

```
plot(fichier$facteur2, fichier$taxon)
```

```
# plot3D
library(rgl)
with(data = fichier,
      plot3d(x = facteur1,
             y = facteur2,
             z = taxon,
             type = "s",
             col = "red",
             size = 2)
)
```



4. Régression linéaire

```
myReg = lm(fichier$taxon ~ fichier$facteur1 + fichier$facteur2)
summary(myReg)
```

Call:

```
lm(formula = fichier$taxon ~ fichier$facteur1 + fichier$facteur2)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-3.537e-15	-1.745e-15	-9.457e-16	6.281e-16	2.200e-14

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	3.000e+00	1.923e-15	1.560e+15	<2e-16 ***
fichier\$facteur1	1.500e+00	1.151e-16	1.303e+16	<2e-16 ***
fichier\$facteur2	3.000e+00	5.944e-16	5.047e+15	<2e-16 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 4.184e-15 on 37 degrees of freedom

Multiple R-squared: 1, Adjusted R-squared: 1

F-statistic: 1.049e+32 on 2 and 37 DF, p-value: < 2.2e-16

Les paramètres b0, b1 et b2 sont bien égaux à 3.0, 1.5 et 3.0.

Q1d : Appliquer cette approche à un modèle de régression gaussienne avec un facteur écologique.

Solution potentielle pour la Q1d

$$\text{taxon} = c * \exp^{[-1/2 * (x - u)^2 / t^2]}$$

avec u = l'optimum, c = l'abondance maximum à l'optimum et t = tolérance

Solution potentielle pour la Q1c

```
rm(list=ls())
```

```
# 1. Creation d'une liste d'abondance pour un facteur écologique
```

```
fact1 <- seq(0.0, 20, by = 0.5)
```

```
# parametres de l'equation gaussienne
```

```
c = 20 ; t = 3 ; u = 10 ;
```

```
taxon = c * exp( -0.5 * (fact1 - u)*(fact1 - u) / (t*t))
```

```
plot(fact1, taxon,
```

```
pch = 19,
```

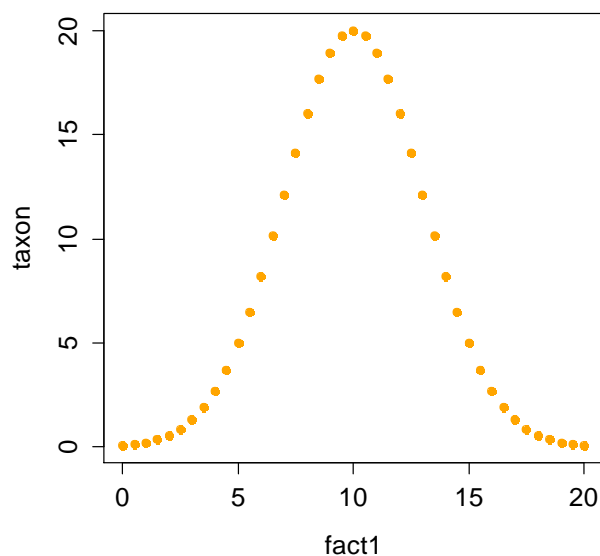
```
cex = 1,
```

```
col = "orange")
```

```
# forme du symbole
```

```
# taille du symbole
```

```
# couleur du symbole
```



```
# transformation pour la regression gaussienne
```

```
# log neperien des abondances pour obtenir une parabole qui va permettre d'utiliser une regression polynomiale d'ordre 2
```

```
abond = log(taxon)
```

```
fact2 = fact1*fact1
```

```
plot(fact1, abond,
```

```
pch = 19,
```

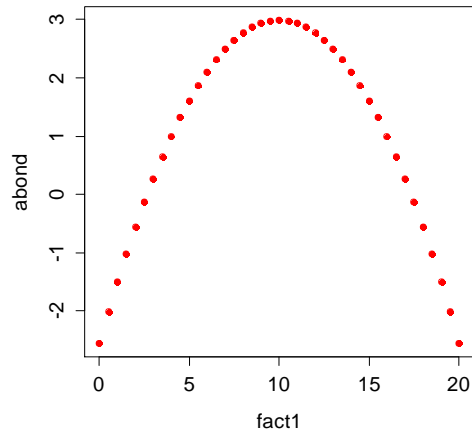
```
cex = 1,
```

```
col = "red")
```

```
# forme du symbole
```

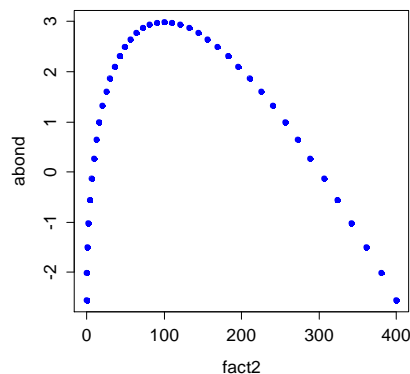
```
# taille du symbole
```

```
# couleur du symbole
```



```
plot(fact2, abond,
     pch = 19,
     cex = 1,
     col = "blue")
```

forme du symbole
taille du symbole



```
# Regression polynomiale
fichier = data.frame(facteur1=fact1, facteur2=fact2, abond)
myReg = lm(abond ~ fact1 + fact2, fichier)
summary(myReg)
```

```
Call:
lm(formula = abond ~ fact1 + fact2, data = fichier)
```

```
Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-6.741e-15 -5.070e-16 -1.360e-17  2.970e-16  1.368e-14
```

```
Coefficients:
            Estimate Std. Error    t value Pr(>|t|)
(Intercept) -2.560e+00  1.153e-15 -2.220e+15  <2e-16 ***
fact1        1.111e+00  2.667e-16  4.165e+15  <2e-16 ***
fact2       -5.556e-02  1.289e-17 -4.309e+15  <2e-16 ***
---

```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

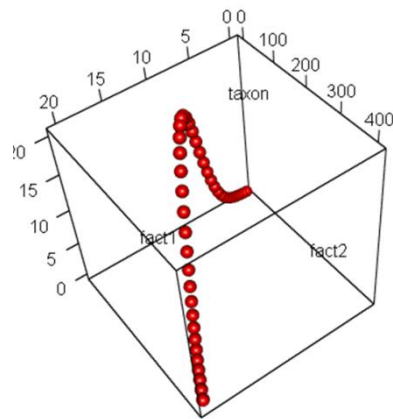
```
Residual standard error: 2.582e-15 on 38 degrees of freedom
Multiple R-squared: 1, Adjusted R-squared: 1
F-statistic: 9.282e+30 on 2 and 38 DF, p-value: < 2.2e-16
```

```
param = data.frame(coefficients(myReg))  
param
```

```
              coefficients.myReg.  
(Intercept)    -2.55982328  
fact1           1.11111111  
fact2          -0.05555556
```

```
b0 = param[1,1];  
b1 = param[2,1];  
b2 = param[3,1];
```

```
# plot3D  
library(rgl)  
with(data = fichier,  
      plot3d(x = fact1,  
             y = fact2,  
             z = taxon,  
             type = "s",  
             col = "red",  
             size = 2)  
)
```



```
# Calcul des parametres initiaux de la gaussienne a partir des parametres de la regression  
polynomiale
```

```
u = - b1/(2*b2); u  
t = 1/sqrt(-2*b2); t  
c = exp(b0 + b1*u + b2*u*u); c
```

```
> u = - b1/(2*b2); u  
[1] 10  
> t = 1/sqrt(-2*b2); t  
[1] 3  
> c = exp(b0 + b1*u + b2*u*u); c  
[1] 20
```

1. Expliquer l'ordination AFC du fichier des Carabides par les variables écologiques disponibles

TP : Q2

On a réalisé une AFC sur le fichier des Carabides. Comment expliquer la position des stations sur les axes de l'AFC par des variables écologiques ?

Le principe de ce TP est expliqué ci-dessus.

```
# Lecture des jeux de donnees
# =====
rm(list=ls())
# Definition de la directory de travail
# Attention !!! Pas d'accents et inversion des \
setwd("D:/Dufrene/GXABT Enseignements/ULB BING-F4002 Acquisition et analyse de
donnees/TP5 - Expliquer/Donnees")
# Pour verifier :
getwd()
```

```
[1] "D:/Dufrene/GXABT Enseignements/ULB BING-F4002 Acquisition et analyse d
e donnees/TP5 - Expliquer/Donnees"
```

```
# Lecture de donnees
eco=read.table('carabides_32sta_12eco.txt', h=T, sep="\t", row.names="Stations")
esp=read.table('carabides_32sta_103esp.txt', h=T, sep="\t", row.names="Stations")
```

```
# realise une AFC sur le fichier especes
# =====
```

```
library(vegan)
```

```
esp.ca <- cca(esp)
summary(esp.ca)
```

```
call:
cca(X = esp)
```

Partitioning of mean squared contingency coefficient:

	Inertia	Proportion
Total	7.239	1
Unconstrained	7.239	1

Eigenvalues, and their contribution to the mean squared contingency coefficient

Importance of components:

	CA1	CA2	CA3	CA4	CA5	CA6	CA7
Eigenvalue	0.9138	0.7984	0.69291	0.59967	0.5357	0.51243	0.46014
Proportion Explained	0.1262	0.1103	0.09571	0.08283	0.0740	0.07078	0.06356
Cumulative Proportion	0.1262	0.2365	0.33223	0.41506	0.4891	0.55984	0.62340

Scaling 2 for species and site scores

* Species are scaled proportional to eigenvalues

* Sites are unscaled: weighted dispersion equal on all dimensions

```
# recupere les coordonnees des stations (lignes) et des especes (colonnes) sur les axes CA1 et CA2
```

```
coordolig <- as.data.frame(scores(esp.ca, scaling=1, display="wa"))
coordocol <- as.data.frame(scores(esp.ca, scaling=1, display="spe"))
```

```

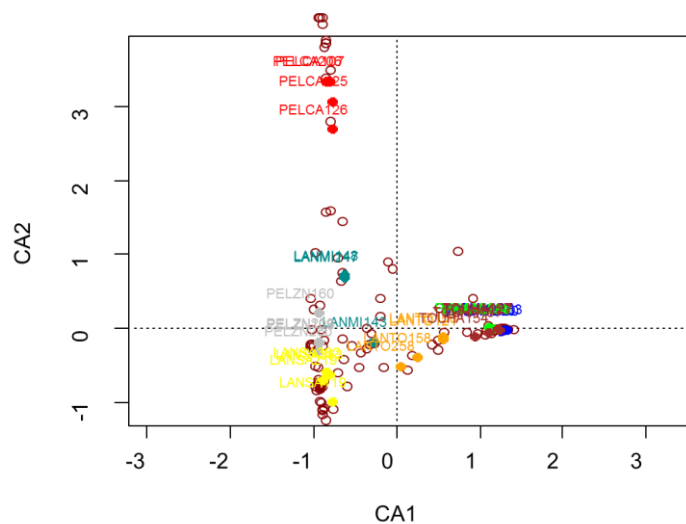
# Graphique amélioré
# =====

plot(esp.ca, type = "n") # plot vide
# coordonnées des colonnes - espèces
points(coordocol$CA1, coordocol$CA2,
       col='darkred',
       pch = 1)
colvec <- c("blue", "darkcyan", "yellow", "orange", "red", "grey", "green", "brown")

points(coordolig$CA1, coordolig$CA2,
       col = colvec[eco$Habitats],
       pch = 16)

text(coordolig$CA1, coordolig$CA2,
     labels = rownames(coordolig), # label de stations sur le graphique
     col = colvec[eco$Habitats],   # couleur du label (peut être un vecteur)
     pos = 3,                     # position du label
     cex = 0.6)                  # taille du label

```



```

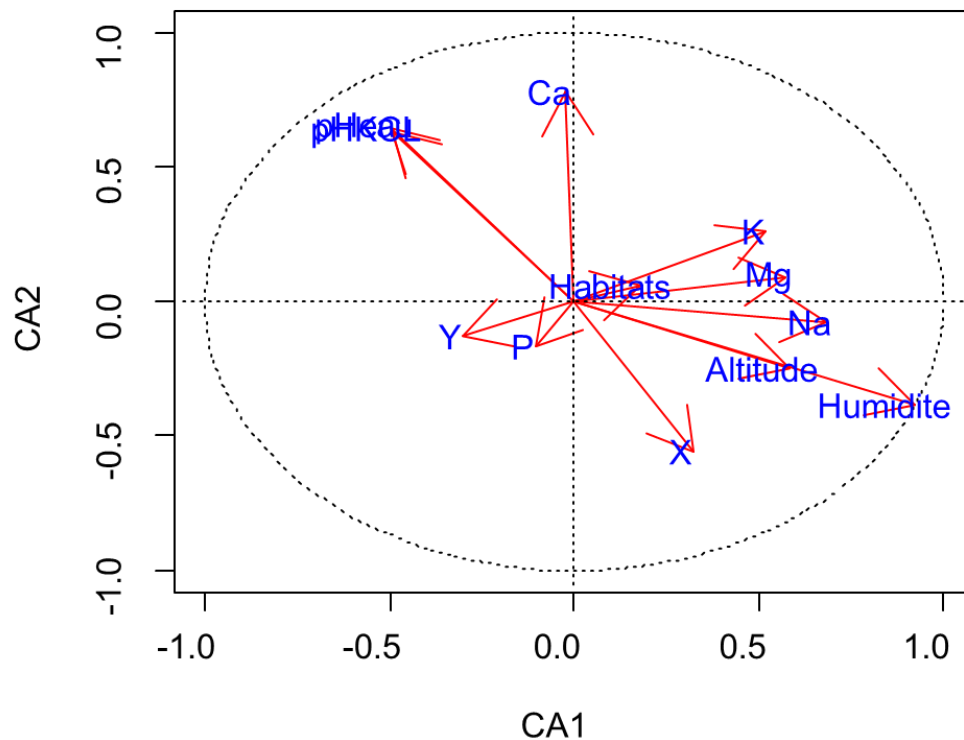
# Cercle des correlations
# =====

# calcul de la correlation
correlation = data.frame(cor(eco, coordolig))
correlation

# representation du cercle des correlations
a <- seq(0,2*pi,length=100)
plot( cos(a), sin(a),
     type = 'l', lty = 3,
     xlab = 'CA1', ylab = 'CA2',
     main = "Correlation circle")
arrows(0,0, correlation$CA1, correlation$CA2, col='red')
text(correlation$CA1, correlation$CA2,rownames(correlation), col='blue')
abline(h=0, lty=3) # axe horizontal (lty = type de la ligne)
abline(v=0, lty=3) # axe vertical (lty = type de la ligne)

```

Correlation circle



TP : Q3

Réalisez une PCoA sur le fichier des Carabides et expliquer la position des stations sur les axes de l'AFC par des variables écologiques.

realise une PCoa sur le fichier especes

=====

library(vegan)

**# Transformation log
logesp=log(esp+1)**

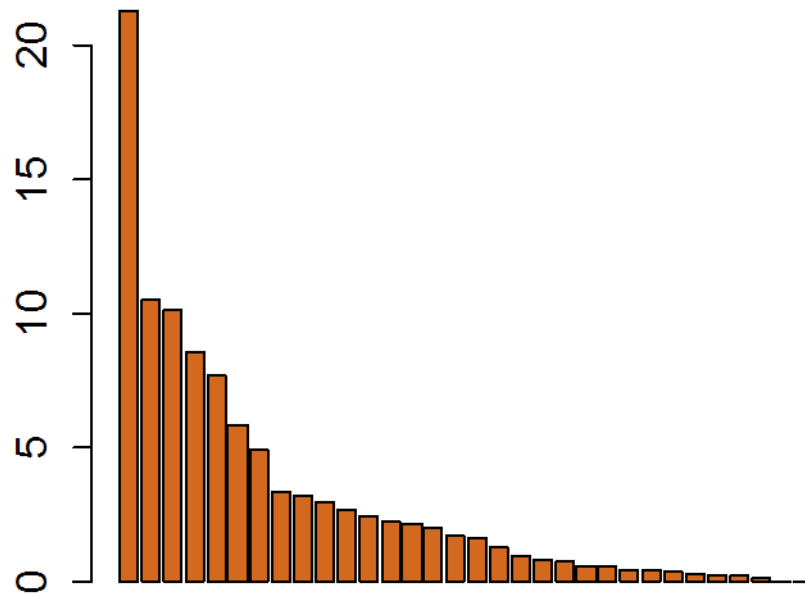
**# Matrice de distance de Bray-Curtis
d14 = vegdist (esp, method = "bray")**

PCoA

esp.pcoa <- cmdscale(d14, add= TRUE, eig= TRUE)

Calcul des valeurs propres

**valeurs_propres = round(esp.pcoa\$eig/sum(esp.pcoa\$eig)*100, digits = 2)
barplot(valeurs_propres, col = "chocolate")**



recupere les coordonnees des stations (lignes) sur les axes Dim1 et Dim2

```
coordolig = data.frame(scores(esp.pcoa))
```

Graphique amélioré

=====

```
ordiplot(esp.pcoa, type = "n") # plot vide
```

Voir les correspondances entre les habitats et les codes stations

```
table(eco$Habitats, substr(rownames(esp),1,5))
```

quand eco\$Habitats = 1 => col= "blue", ...

```
colvec <- c("blue", "darkcyan", "yellow", "orange", "red", "grey", "green", "brown")
```

```
points(coordolig$Dim1, coordolig$Dim2,
```

```
col = colvec[eco$Habitats],
```

```
pch = 16)
```

```
text(coordolig$Dim1, coordolig$Dim2,
```

```
labels = rownames(coordolig), # label de stations sur le graphique
```

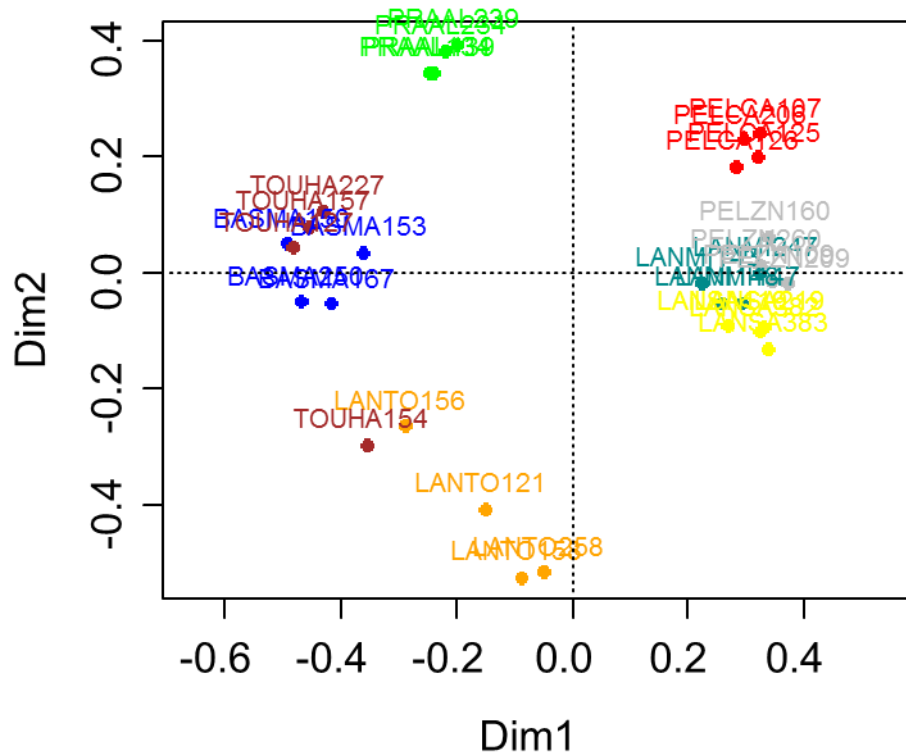
```
col = colvec[eco$Habitats], # couleur du label (peut être un vecteur)
```

```
pos = 3, # position du label
```

```
cex = 0.6) # taille du label
```

```
abline(h=0, lty=3) # axe horizontal (lty = type de la ligne)
```

```
abline(v=0, lty=3) # axe vertical (lty = type de la ligne)
```



```
# Cercle des correlations
```

```
# =====
```

```
# calcul de la correlation
```

```
correlation = data.frame(cor(eco, coordlig))
```

```
correlation
```

```
# representation du cercle des correlations
```

```
a <- seq(0,2*pi,length=100)
```

```
plot( cos(a), sin(a),
```

```
      type = 'l', lty = 3,
```

```
      xlab = 'PCoA1', ylab = 'PCoA2',
```

```
      main = "Correlation circle")
```

```
arrows(0,0, correlation$Dim1, correlation$Dim2, col='red')
```

```
text(correlation$Dim1, correlation$Dim2,rownames(correlation), col='blue')
```

```
abline(h=0, lty=3) # axe horizontal (lty = type de la ligne)
```

```
abline(v=0, lty=3) # axe vertical (lty = type de la ligne)
```

=====

TP : Q4

Réalisez un test de Mantel (voir cours) entre une matrice de distances biologiques (Carabides) et une matrice de distance écologique (variables écologiques).

Le principe de ce TP est expliqué ci-dessus.

Lecture des jeux de donnees

```
# =====
```

```
rm(list=ls())
```

```
# Definition de la directory de travail
```

```
# Attention !!! Pas d'accents et inversion des \
```

```
setwd("D:/Dufrene/GXABT Enseignements/ULB BING-F4002 Acquisition et analyse de  
donnees/TP5 - Expliquer/Donnees")
```

```
# Pour verifier :
```

```
getwd()
```

```
[1] "D:/Dufrene/GXABT Enseignements/ULB BING-F4002 Acquisition et analyse d  
e donnees/TP5 - Expliquer/Donnees"
```

Lecture de donnees

```
eco=read.table('carabides_32sta_12eco.txt', h=T, sep="\t", row.names="Stations")
```

```
esp=read.table('carabides_32sta_103esp.txt', h=T, sep="\t", row.names="Stations")
```

Transformation log pour les espèces

```
logesp=log(esp+1)
```

```
attach(eco)
```

```
logeco=data.frame(pHeau, pHKCL, logP=log(P+1), logK=log(K+1), logCa=log(Ca+1),  
logMg=log(Mg+1), logNa=log(Na+1), Humidite, row.names=row.names(eco))
```

Matrice de distance de Bray-Curtis pour les abondances

```
d14 = vegdist (logesp, method = "bray")
```

Matrice de distance euclidienne pour les variables ecologiques

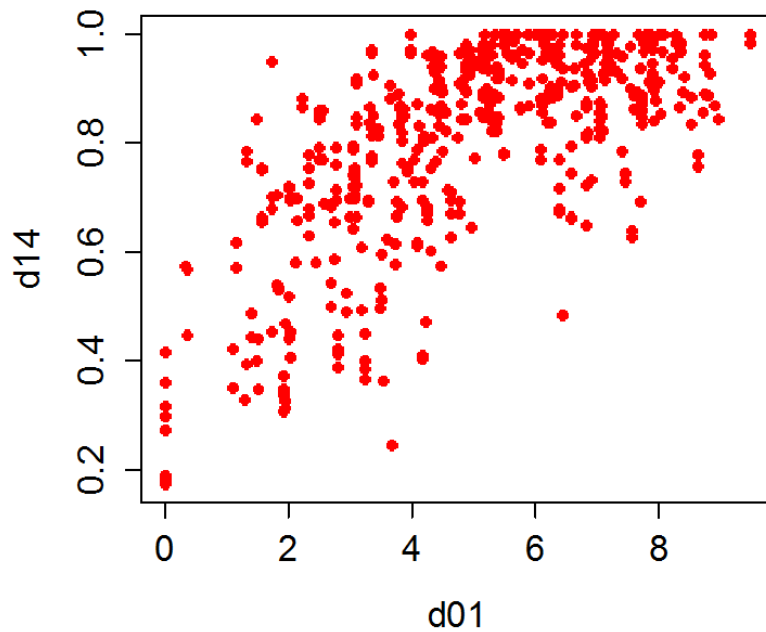
```
d01 = vegdist (logeco, method = "euclidian")
```

```
# Matrice de distance euclidienne pour uniquement l'humidite
```

```
d01Hum = vegdist (logeco$Humidite, method = "euclidian")
```

Relation entre D01 et D14

```
plot(d01, d14, col = "red", pch = 16)
```



```
cor(d14, d01)
```

```
mantel(d01, d14, method="pearson", permutations=999)
```

Mantel statistic based on Pearson's product-moment correlation

```
Call:
mantel(xdis = d01, ydis = d14, method = "pearson", permutations = 999)
```

```
Mantel statistic r: 0.6772
Significance: 0.001
```

```
Empirical upper confidence limits of r:
 90%   95%  97.5%   99%
0.0617 0.0813 0.1032 0.1201
```

Based on 999 permutations

```
mantel(d01Hum, d14, method="kendall", permutations=999)
```

Mantel statistic based on Kendall's rank correlation tau

```
Call:
mantel(xdis = d01Hum, ydis = d14, method = "kendall", permutations = 999)
```

```
Mantel statistic r: 0.5462
Significance: 0.001
```

```
Empirical upper confidence limits of r:
 90%   95%  97.5%   99%
0.0395 0.0570 0.0782 0.0926
```

Based on 999 permutations

TP : Q5

Utilisez vos compétences en analyse de la variance pour voir quelles sont les variables écologiques qui expliquent le plus une partition en 4 groupes des stations en se basant sur la répartition des Carabides.

Analyse de la variance entre des groupes biologiques

```
# =====
```

Groupement biologique

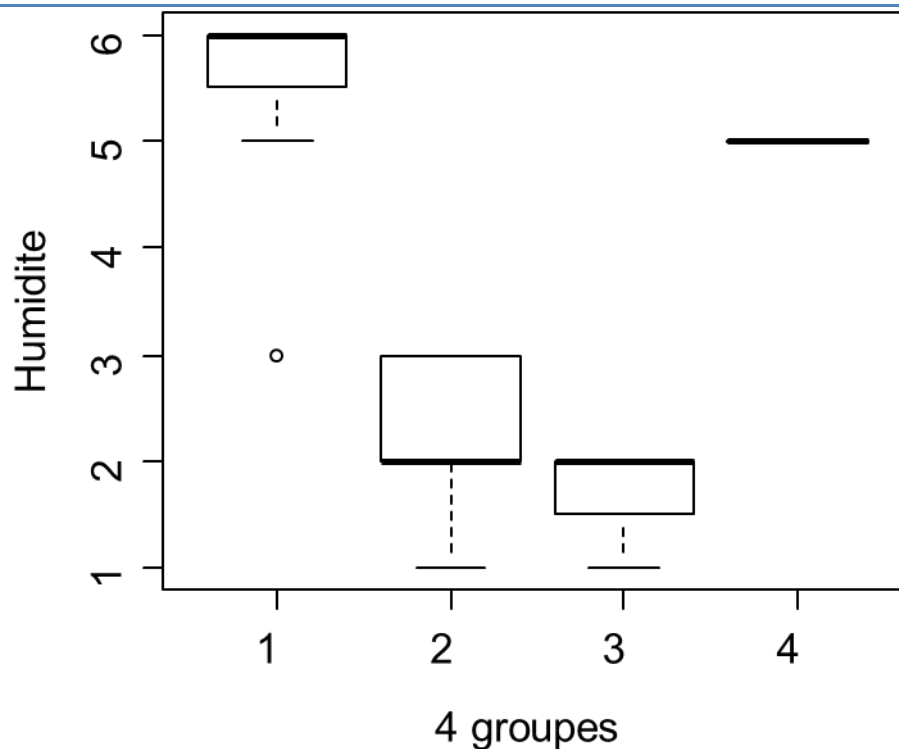
```
cluster <- hclust(d14, method = "ward")
cluster.4gr <- cutree(cluster, 4)
habitat = substr(rownames(esp),1,5)
table(habitat,cluster.4gr )
```

```
      cluster.4gr
habitat 1 2 3 4
  BASMA 4 0 0 0
  LANMI 0 1 3 0
  LANSA 0 4 0 0
  LANTO 4 0 0 0
  PELCA 0 0 4 0
  PELZN 0 4 0 0
  PRAAL 0 0 0 4
  TOUHA 4 0 0 0
```

Anova sur l'Humidite

```
myAOVHum = aov(Humidite ~ cluster.4gr)
summary(myAOVHum)
boxplot(Humidite ~ cluster.4gr, ylab= "Humidite", xlab = "4 groupes")
```

```
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
cluster.4gr 1  19.71  19.705    6.513  0.016 *
Residuals  30  90.76   3.025
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```



TP : Q6

Réalisez une CCA entre le fichier biologique des Carabides et les facteurs écologiques disponibles ?

Le principe de ce TP est expliqué ci-dessus.

Lecture des jeux de données

```
# =====
```

```
rm(list=ls())
```

```
# Definition de la directory de travail
```

```
# Attention !!! Pas d'accents et inversion des \
```

```
setwd("D:/Dufrene/GXABT Enseignements/ULB BING-F4002 Acquisition et analyse de  
donnees/TP5 - Expliquer/Donnees")
```

```
# Pour verifier :
```

```
getwd()
```

```
[1] "D:/Dufrene/GXABT Enseignements/ULB BING-F4002 Acquisition et analyse d  
e donnees/TP5 - Expliquer/Donnees"
```

Lecture de données

```
eco=read.table('carabides_32sta_12eco.txt', h=T, sep="\t", row.names="Stations")
```

```
esp=read.table('carabides_32sta_103esp.txt', h=T, sep="\t", row.names="Stations")
```

Transformation log pour les espèces

```
logesp=log(esp+1)
```

```
attach(eco)
```

```
logeco=data.frame(pHeau, pHKCL, logP=log(P+1),logK=log(K+1), logCa=log(Ca+1),  
logMg=log(Mg+1), logNa=log(Na+1),Humidite, row.names=row.names(eco))
```

```
# realise une CCA
# =====
```

```
library(vegan)
```

```
CCA1isting <- cca(esp, logeco)
CCA1isting
```

```
Call: cca(X = esp, Y = logeco)
```

	Inertia	Proportion	Rank
Total	7.2395	1.0000	
Constrained	3.7189	0.5137	8
Unconstrained	3.5206	0.4863	23

Inertia is mean squared contingency coefficient

Eigenvalues for constrained axes:

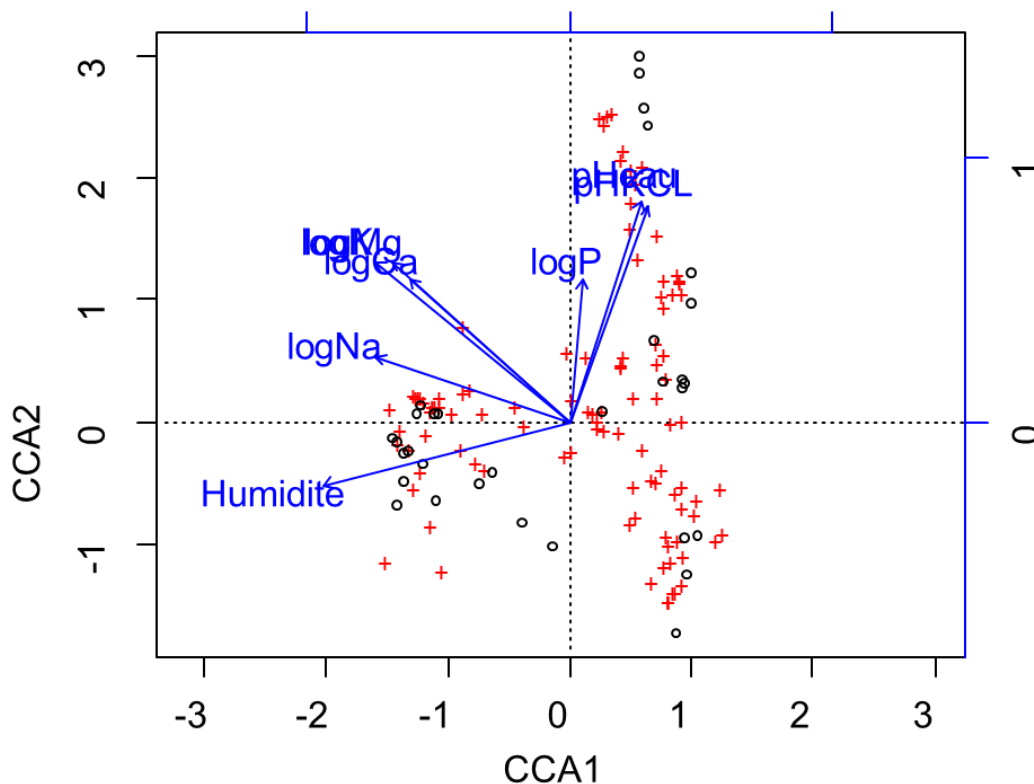
CCA1	CCA2	CCA3	CCA4	CCA5	CCA6	CCA7	CCA8
0.8895	0.6636	0.5603	0.4678	0.4264	0.3536	0.2819	0.0759

Eigenvalues for unconstrained axes:

CA1	CA2	CA3	CA4	CA5	CA6	CA7	CA8
0.5772	0.5178	0.4439	0.3252	0.2553	0.2485	0.2351	0.2014

(Showed only 8 of all 23 unconstrained eigenvalues)

```
plot(CCA1isting)
```



TP : Q7

Réalisez une CCA entre le fichier biologique des Carabides et les facteurs écologiques disponibles ?

Le principe de ce TP est expliqué ci-dessus.

realise une CAP

=====

```
library(vegan)
# CAP sur les log des abondances
cap=capscale(logesp ~ pHeau+pHKCL+logP+logK+logCa+logMg+logNa+Humidite+Altitude,
data=logeco,
distance="bray", sqrt.dist=F, add=T, dfun=vegdist)
summary(cap)
```

Call:

```
capscale(formula = logesp ~ pHeau + pHKCL + logP + logK + logCa + logMg + logNa + Humidite + Altitude, data = logeco, distance = "bray", sqrt.dist = F, add = T, dfun = vegdist)
```

Partitioning of squared Bray distance (euclidified):

	Inertia	Proportion
Total	15.977	1.0000
Constrained	9.520	0.5959
Unconstrained	6.457	0.4041

Eigenvalues, and their contribution to the squared Bray distance (euclidified)

Importance of components:

	CAP1	CAP2	CAP3	CAP4	CAP5	CAP6	CAP7
Eigenvalue	4.2271	1.5129	1.12396	0.80227	0.62350	0.51798	0.31940
Proportion Explained	0.2646	0.0947	0.07035	0.05021	0.03903	0.03242	0.01999
Cumulative Proportion	0.2646	0.3593	0.42963	0.47984	0.51887	0.55129	0.57128

CAP8	CAP9	MDS1	MDS2
0.20006	0.19280	1.24758	0.94165
0.01252	0.01207	0.07809	0.05894
0.58380	0.59587	0.67396	0.73289

Accumulated constrained eigenvalues

Importance of components:

	CAP1	CAP2	CAP3	CAP4	CAP5	CAP6	...
Eigenvalue	4.227	1.5129	1.1240	0.80227	0.62350	0.51798	
Proportion Explained	0.444	0.1589	0.1181	0.08427	0.06549	0.05441	
Cumulative Proportion	0.444	0.6029	0.7210	0.80528	0.87077	0.92518	

Scaling 2 for species and site scores

* Species are scaled proportional to eigenvalues

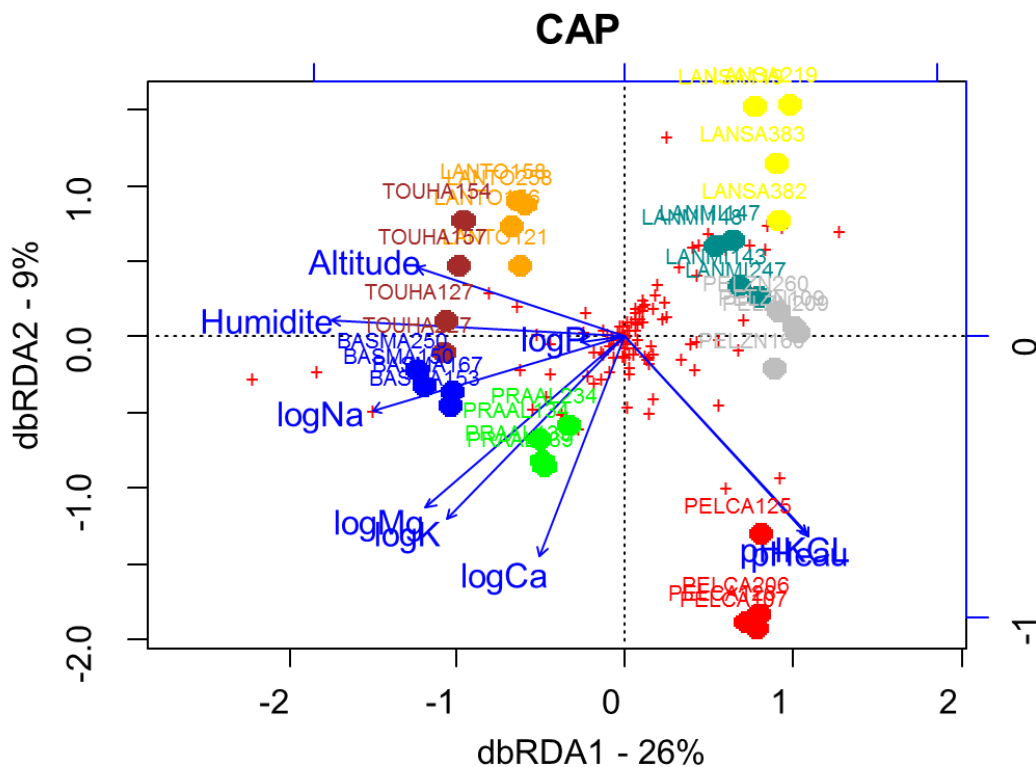
* Sites are unscaled: weighted dispersion equal on all dimensions

* General scaling constant of scores: 4.717504

Graphique

```
colvec <- c("blue", "darkcyan", "yellow", "orange", "red", "grey", "green", "brown")
figure=ordiplot(cap, scaling=2, xlab='dbRDA1 - 26%', ylab='dbRDA2 - 9%', main="CAP")
points(figure, "sites", pch=16, col=colvec[eco$Habitats], cex=1.5)
text(figure, "sites",
labels = rownames(esp), # label de stations sur le graphique
```

```
col = colvec[eco$Habitats], # couleur du label (peut être un vecteur)
pos = 3,                    # position du label
cex = 0.6)                  # taille du label
```



```
# Le modèle complet est-il significatif ?
anova(cap, perm=999)
```

```
Permutation test for capscale under reduced model
```

```
Model: capscale(formula = logesp ~ pHeau + pHKCL + logP + logK + logCa + logMg + logNa + Humidite + Altitude, data = logeco, distance = "bray", sqrt.dist = F, add = T, dfun = vegdist)
```

	Df	Var	F	N.Perm	Pr(>F)
Model	9	9.5200	3.6042	199	0.005 **
Residual	22	6.4567			

```
---
```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
# Les axes contraints sont-ils significatifs ?
anova(cap, by="axis", perm=999)
```

```
Model: capscale(formula = logesp ~ pHeau + pHKCL + logP + logK + logCa + logMg + logNa + Humidite + Altitude, data = logeco, distance = "bray", sqrt.dist = F, add = T, dfun = vegdist)
```

	Df	Var	F	N.Perm	Pr(>F)
CAP1	1	4.2271	14.4031	199	0.005 **
CAP2	1	1.5129	5.1550	199	0.005 **
CAP3	1	1.1240	3.8297	199	0.005 **
CAP4	1	0.8023	2.7336	199	0.005 **
CAP5	1	0.6235	2.1245	199	0.010 **
CAP6	1	0.5180	1.7649	999	0.035 *
CAP7	1	0.3194	1.0883	99	0.360
CAP8	1	0.2001	0.6817	99	0.770
CAP9	1	0.1928	0.6569	99	0.790

Residual 22 6.4567

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Role marginal significatif des variables (compte tenu des autres)

anova(cap, by="margin", perm=999)

Permutation test for capscale under reduced model

Marginal effects of terms

Model: capscale(formula = logesp ~ pHeau + pHKCL + logP + logK + logCa + logMg + logNa + Humidite + Altitude, data = logeco, distance = "bray", sqrt.dist = F, add = T, dfun = vegdist)

	Df	Var	F	N.Perm	Pr(>F)	
pHeau	1	0.6446	2.1964	399	0.01750	*
pHKCL	1	0.6468	2.2037	399	0.01750	*
logP	1	0.7811	2.6613	199	0.00500	**
logK	1	0.7588	2.5856	199	0.01000	**
logCa	1	0.6879	2.3440	299	0.01667	*
logMg	1	0.4815	1.6405	999	0.05100	.
logNa	1	0.7112	2.4233	199	0.01000	**
Humidite	1	0.7131	2.4297	199	0.00500	**
Altitude	1	0.5112	1.7418	999	0.04400	*
Residual	22	6.4567				

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

* * *