

הפונקציה מחברת בין הנתונים הביוטים לנתונים הא-ביוטים על בסיס מספר האתר

```
bioticandabiotic = function(a,b,c,d) {  
  #joining tables on the base of site number  
  ## and removing na values for ob  
  ### creating the tables for testing  
  
  x=full_join(a,b, by='SiteNum' )  
  x=full_join(x,c, by='SiteNum' )  
  x=full_join(x,d, by='SiteNum' )  
  x[,7:9][is.na(x[,7:9])] = 0  
  
  y=c("SiteNum","area",|"Ci", "pop", "age", "weighted_Built_area_sum"  
      ,"total_not_red" , "total_red","total_richness")  
  
  colnames(x)<-y  
  return(x)  
}
```