

הפונקציה מורכבת משלושה שלבים

- קליטת טבלאות תצפיות בע"ח ותצפיות צמחים.

- אנו משתמשים ב filter על מנת לשלוף כל טקסה בנפרד בטבלת תצפיות בע"ח.

- בשלב אחרון אנחנו מקבצים את הנתונים וסופרים את התצפיות

אנחנו מחברים את כל התוצרים לטבלה אחת בעזרת פונקציית joiningthings

```
biotictable = function(a,b) {  
  # counting for each texa the number of ob  
  # aggregating by site and joining  
  
  r=a %>% filter(TEX=="reptiles")  
  r=aggregate(Spname ~ SiteNum,r, length)  
  x=c("SiteNum","reptiles")  
  colnames(r)<-x  
  
  bi=a %>% filter(TEX=="poultry")  
  bi = aggregate(Spname ~ SiteNum,bi, length)  
  x=c("SiteNum","birds")  
  colnames(bi)<-x  
  
  am=a %>% filter(TEX=="amphibians")  
  am = aggregate(Spname ~ SiteNum,am, length)  
  x=c("SiteNum","amphibians")  
  colnames(am)<-x  
  
  m=a %>% filter(TEX=="mammals")  
  m = aggregate(Spname ~ SiteNum,m, length)  
  x=c("SiteNum","mammals")  
  colnames(m)<-x  
  
  bu=a %>% filter(TEX=="butterflies")  
  bu= aggregate(Spname ~ SiteNum,bu, length)  
  x=c("SiteNum","butterflies")  
  colnames(bu)<-x  
  
  p=aggregate(index ~ SiteNum,b, length)  
  x=c("SiteNum", "plants")  
  colnames(p)<-x  
  
  t= joiningthings(r,bi,am,m,bu,p)  
  
  t[is.na(t)] = 0  
  
  return(t)  
}
```