

הפונקציה בודקת האם קשר בין נתונים העושר המינים הכללי למשתנים הא-ביוטים.

אנו מנסים למצוא קשר בעזרת מבחן פואסון.

אנחנו מחסירים את המודלים שמשלבים את השטח הבנוי ואוכלוסייה מתוך חשיבה שניהם מבטאים צפיפות אוכלוסייה.

מתוך כל המודלים אנו לוקחים את המודל עם ערך AIC הנמוך ביותר.

```
richness_model = function(b) {  
  # using poisson test with glm to find Possible connection  
  #with the abiotic and total richness variable  
  options(na.action = "na.fail")  
  
  # Full model  
  fit = glm( total_richness~area+pop+age+weighted_Built_area_sum+area:pop+area:age+area:weighted_Built_area_sum,  
            data = b, family=poisson )  
  summary(fit)  
  
  # Run model selection procedure  
  # Because the population and the built area represent  
  # the same thing, we will subtract the models that  
  # combine them together  
  dd = dredge( fit, subset = !(pop && weighted_Built_area_sum), rank = "AIC" )  
  
  # 'Best' model  
  best = get.models(dd, 1)[[1]]  
  x=summary(best)  
  
  # Predicted values using 'best' model  
  newdata = expand.grid( age = seq(min(b$age), max(b$age), length.out = 30),  
                        area = quantile(b$area, c(0.1, 0.5, 0.9)),  
                        pop = seq(min(b$pop), max(b$pop), length.out = 30))  
  newdata$pred = predict(best, newdata, type = "response")  
  
  y= ggplot(newdata, aes(x = age, y = pop, fill = pred)) +  
    geom_tile() + geom_contour(aes(z = pred), colour = "black") +  
    scale_x_continuous("Building age") + scale_y_continuous("Population", labels = comma) +  
    labs(title = "prediction graph for multiple variables with all species") +  
    scale_fill_distiller("Species", palette = "spectral") +  
    facet_grid(. ~ area) + theme_bw()  
  
  t=list(x,y)  
}
```