



**BSS**  
BIAŁOWIESKA SZKOŁA STATYSTYKI

**Klasyfikacja numeryczna  
i miary podobieństwa składu  
gatunkowego**

# Czym jest klasyfikacja numeryczna?

- #Według niektórych badaczy (np. prof. Richard Telford) najprostsza metoda ordynacji
- #Dzieli zbiór danych na grupy
- #Ułatwia wyodrębnienie zasadniczych cech przedmiotów badania
- #Redukcja dużej liczby danych pierwotnych do kilku podstawowych kategorii
- #Zmniejszenie nakładu pracy i czasu analiz (mając 50 obiektów istnieje  $10^{80}$  możliwych sposobów podziału obiektów)
- #Odkrycie nieznanej struktury analizowanych danych
- #Porównywanie obiektów wielocechowych

# Strategie

## **#Metoda najbliższego sąsiada (single)**

- zaliczamy obiekt do tej klasy, do której należy większość z jego  $K$  najbliższych sąsiadów

## **#Metoda najdalszego sąsiada (complete)**

- zaliczamy obiekt do tej klasy, do której należy większość z jego  $K$  najdalszych sąsiadów

## **#Metoda centroidów (centroid)**

- Odległość między centroidami dwóch klas
- Centroid to punkt, który jest średnią wszystkich zmiennych w klasie

# Metody hierarchiczne

#Dla zbioru obiektów tworzona jest hierarchia klasyfikacji, zaczynając od takiego podziału, w którym każdy obiekt stanowi samodzielne skupienie, a kończąc na podziale, w którym wszystkie obiekty należą do jednego skupienia:

- Procedury aglomeracyjne – tworzą macierz podobieństw klasyfikowanych obiektów, a następnie w kolejnych krokach łączą w skupienia obiekty najbardziej do siebie podobne
- Procedury deglomeracyjne - zaczynają od skupienia obejmującego wszystkie obiekty, a następnie w kolejnych krokach dzielą je na mniejsze i bardziej jednorodne skupienia aż do momentu, gdy każdy obiekt stanowi samodzielne skupienie.

# Tworzenie dendrogramu

# snowbeds1

#próby w kolumnach; gatunki w wierszach:

[illegible]

```
snowbeds2<-t(snowbeds1)
```

## #teraz gatunki w kolumnach, a próby w wierszach:

	Abi.alb	Ace.pse	Aco.fir	Aco.var	Ade.all	Ado.mos	Aeg.pod	Agr.sto	Agr.alp	Agr.can	Agr.rup
m58k	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
m58n	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
m67k	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	Agr.cap	Alc.gla	Alc.fla	Alc.xan	Aln.inc	Ane.nar	Ang.arc	Ang.syl	Ant.car	Anx.alp	Ara.alp
m58k	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0
m58n	0	0	0	0	0	2	0	0	0	2	0
m67k	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	Art.eri	Aru.dio	Asp.vir	Ast.bel	Asn.maj	Ath.dis	Ath.fil	Ave.ver	Bar.alp	Bet.pub	Ble.spi
m58k	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
m58n	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0
m67k	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	Bot.lun	Cal.aru	Cal.epi	Cal.vil	Cah.cor	Cll.vul	Cth.pal	Cam.alp	Cam.coc	Cam.rot	Car.ama
m58k	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
m58n	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0
m67k	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	Car.opi	Car.fle	Car.gla	Car.imp	Crd.bor	Crd.hal	Crd.neg	Cdu.cri	Crx.atr	Crx.cut	Crx.dig
m58k	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0
m58n	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
m67k	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0

#Stworzenie macierzy niepodobieństwa (obiekt typu `dist`)

`library(vegan)`

`snowbeds.dist<-vegdist(snowbeds2, method="bray")`

### Usage

```
vegdist(x, method="bray", binary=FALSE, diag=FALSE,  
        na.rm = FALSE, ...)
```

### Arguments

<code>x</code>	Community data matrix.
<code>method</code>	Dissimilarity index, partial match to "manhattan", "euclidean", "canberra", "clark", "bray", "kulczynski", "jaccard", "gower", "altGower", "morisita", "horn", "mountford", "raup", "binomial", "chao", "cao" or "mahalanobis".
<code>binary</code>	Perform presence/absence standardization before analysis using <u>decostand</u> .
<code>diag</code>	Compute diagonals.
<code>upper</code>	Return only the upper diagonal.
<code>na.rm</code>	Pairwise deletion of missing observations when computing dissimilarities.
<code>...</code>	Other parameters. These are ignored, except in <code>method="gower"</code> which accepts <code>range.global</code> parameter of <u>decostand</u> .



## snowbeds.dist

#macierz niepodobieństwa Bray-Curtisa pomiędzy próbami (każda z każdą)  
#współczynnik niepodobieństwa mieści się pomiędzy 0 a 1,  
gdzie 0 oznacza całkowite podobieństwo, a 1 całkowite niepodobieństwo  
składu gatunkowego pomiędzy próbami

```
> snowbeds.dist
      m58k    m58n    m67k    m67n    m32k    m32n    m85k    m85n
m58n 0.6406250
m67k 0.3541667 0.7121212
m67n 0.4725275 0.6220472 0.2421053
m32k 0.4363636 0.6575342 0.4912281 0.5596330
m32n 0.6065574 0.5569620 0.6031746 0.5206612 0.5428571
m85k 0.3529412 0.5797101 0.5849057 0.6435644 0.4833333 0.5757576
m85n 0.5047619 0.5035461 0.6146789 0.6346154 0.5121951 0.5407407 0.3739130
m8ak 0.3465347 0.5912409 0.4285714 0.4600000 0.3277311 0.4809160 0.3153153 0.4385965
m8an 0.4653465 0.6058394 0.6190476 0.6000000 0.4957983 0.6183206 0.4414414 0.3508772
m30k 0.3800000 0.6617647 0.4807692 0.5959596 0.4915254 0.6000000 0.4000000 0.3982301
m30n 0.5841584 0.5620438 0.5047619 0.3600000 0.5798319 0.4045802 0.5855856 0.5614035
m122k 0.4608696 0.6026490 0.5462185 0.5789474 0.4135338 0.5172414 0.2960000 0.4687500
m122n 0.6160000 0.4285714 0.6899225 0.5967742 0.6503497 0.5225806 0.6000000 0.6086957
m100k 0.2323232 0.6444444 0.3592233 0.4285714 0.3675214 0.5658915 0.4311927 0.5178571
m100n 0.4925373 0.5529412 0.4202899 0.4135338 0.5526316 0.4390244 0.6111111 0.6190476
m107k 0.3877551 0.7164179 0.5882353 0.6701031 0.5000000 0.6562500 0.4259259 0.5135135
m107n 0.5407407 0.5204678 0.6690647 0.6567164 0.5294118 0.6121212 0.5310345 0.5000000
m45k 0.3333333 0.6956522 0.2264151 0.3663366 0.4500000 0.5151515 0.5357143 0.5826087
m45n 0.5125000 0.5510204 0.4634146 0.5345912 0.4943820 0.5368421 0.5058824 0.4450867
m21k 0.5897436 0.6315789 0.5365854 0.4805195 0.6250000 0.6111111 0.6136364 0.7142857
m21n 0.5833333 0.4393939 0.5800000 0.4315789 0.5964912 0.4285714 0.6226415 0.6513761
m25Bk 0.6969697 0.7843137 0.7142857 0.6615385 0.8571429 0.7916667 0.7105263 0.7468354
m25Bn 0.8208955 0.5922330 0.7746479 0.6363636 0.8823529 0.7731959 0.7922078 0.7750000
m25Ak 0.6666667 0.8333333 0.6875000 0.6271186 0.8461538 0.7777778 0.7142857 0.7808219
```

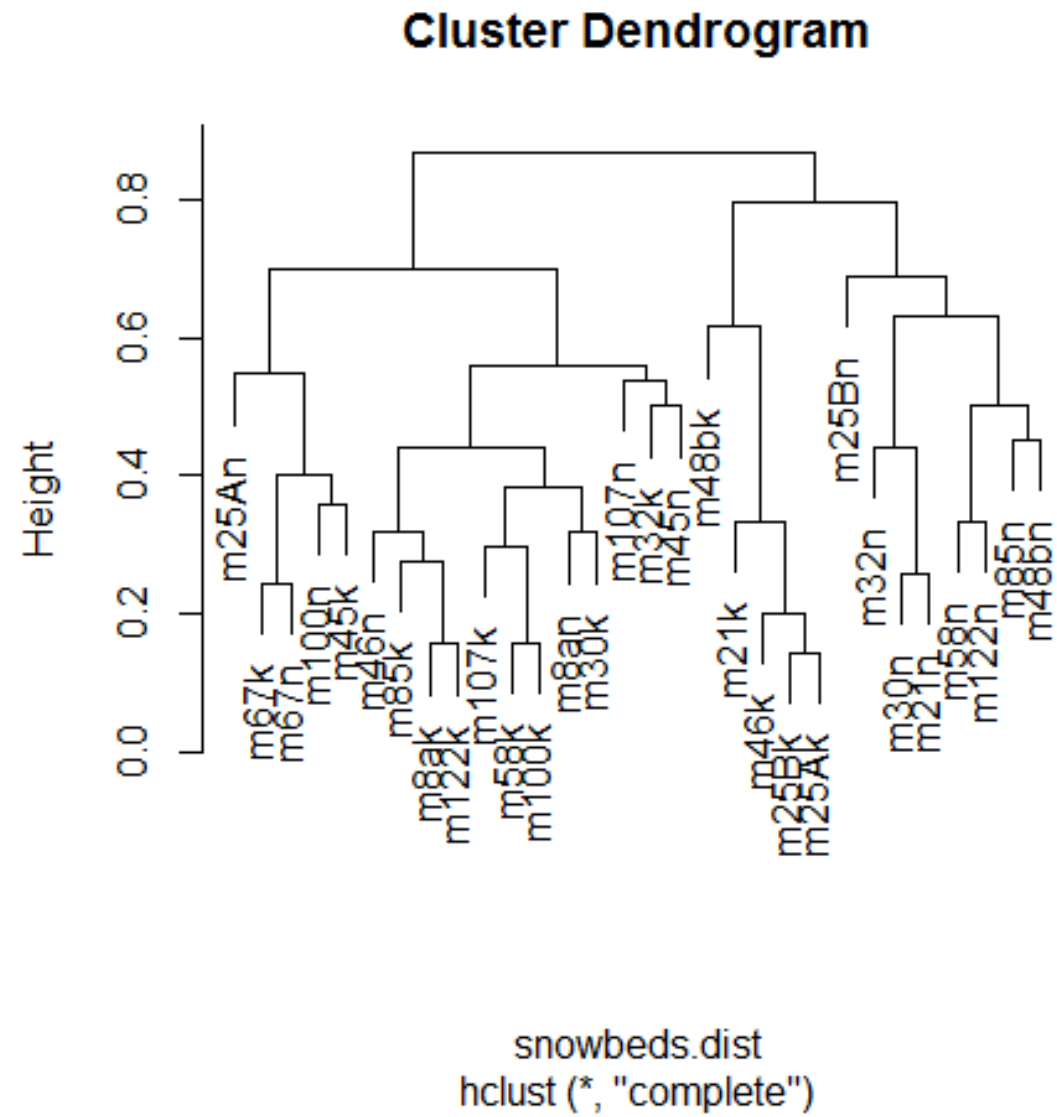
#tworzenie obiektu z dendrogramem

```
hc.snowbeds<-hclust(snowbeds.dist, "complete")
```

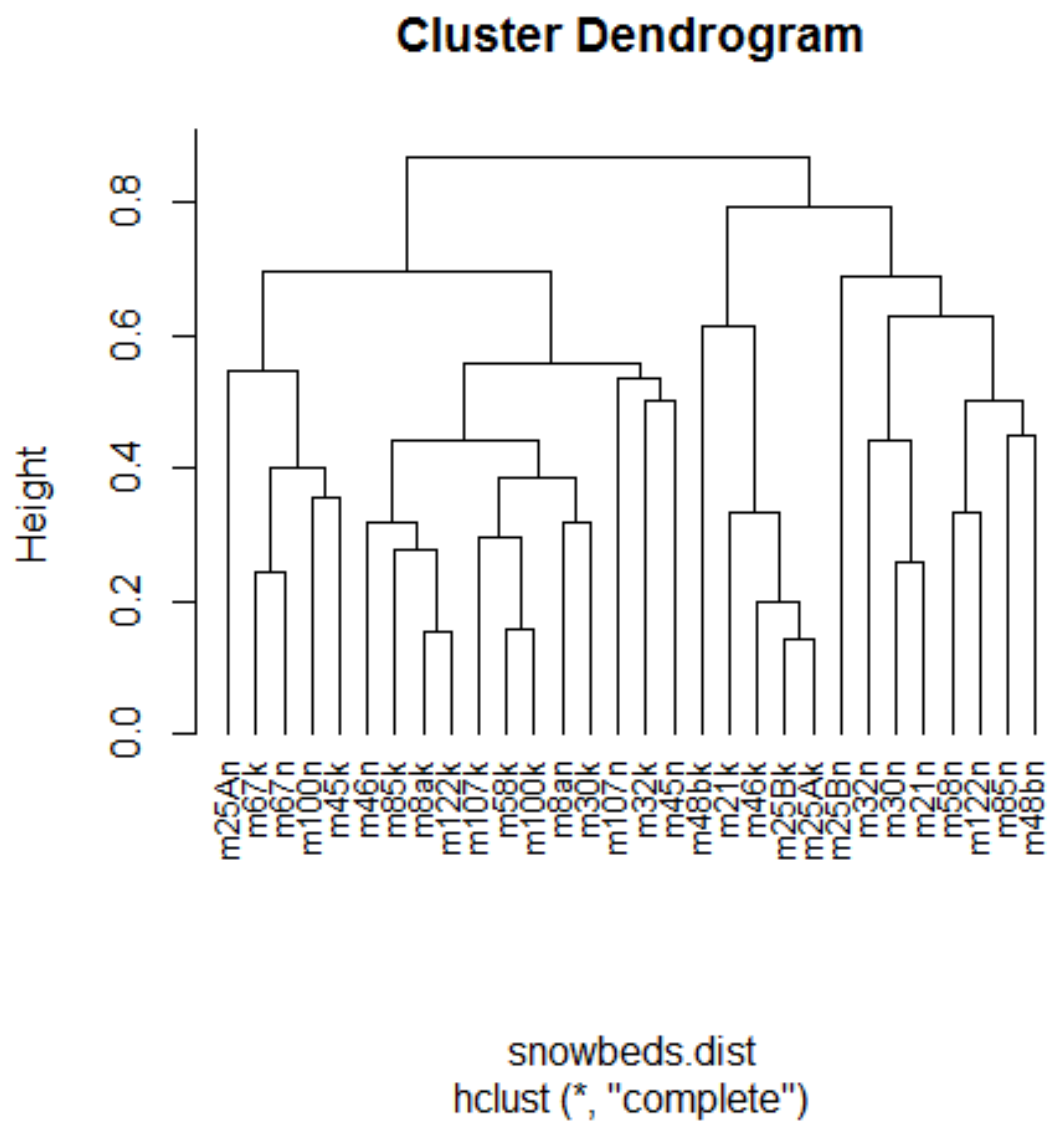
## Arguments

<code>d</code>	a dissimilarity structure as produced by <code>dist</code> .
<code>method</code>	the agglomeration method to be used. This should be (an unambiguous abbreviation of) one of "ward.D", "ward.D2", "single", "complete", "average" (= UPGMA), "mcquitty" (= WPGMA), "median" (= WPGMC) or "centroid" (= UPGMC).
<code>members</code>	NULL or a vector with length size of <code>d</code> . See the 'Details' section.
<code>x</code>	an object of the type produced by <code>hclust</code> .
<code>hang</code>	The fraction of the plot height by which labels should hang below the rest of the plot. A negative value will cause the labels to hang down from 0.
<code>check</code>	logical indicating if the <code>x</code> object should be checked for validity. This check is not necessary when <code>x</code> is known to be valid such as when it is the direct result of <code>hclust()</code> . The default is <code>check=TRUE</code> , as invalid inputs may crash R due to memory violation in the internal C plotting code.

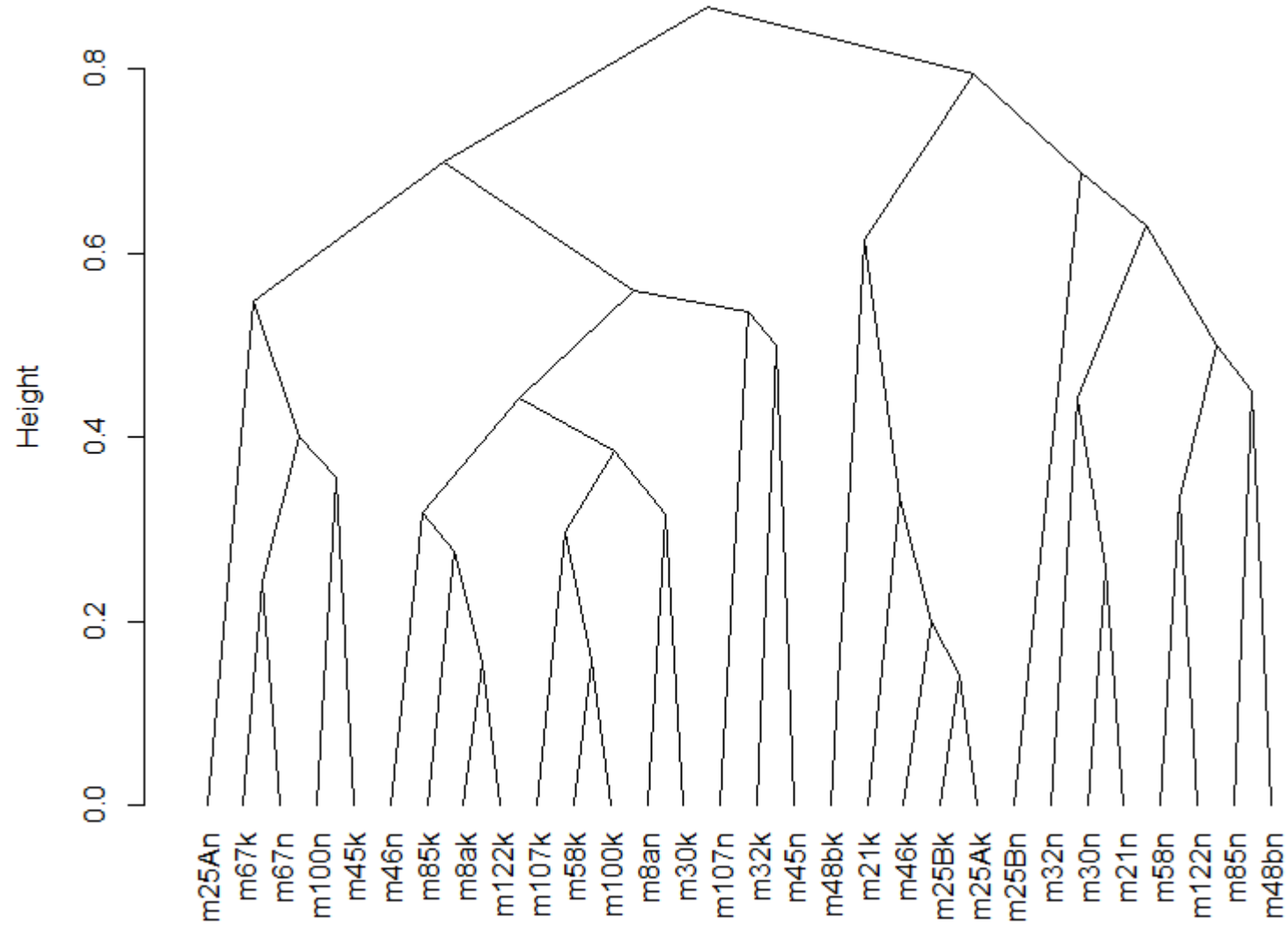
```
#tworzenie wykresu  
plot(hc.snowbeds)
```



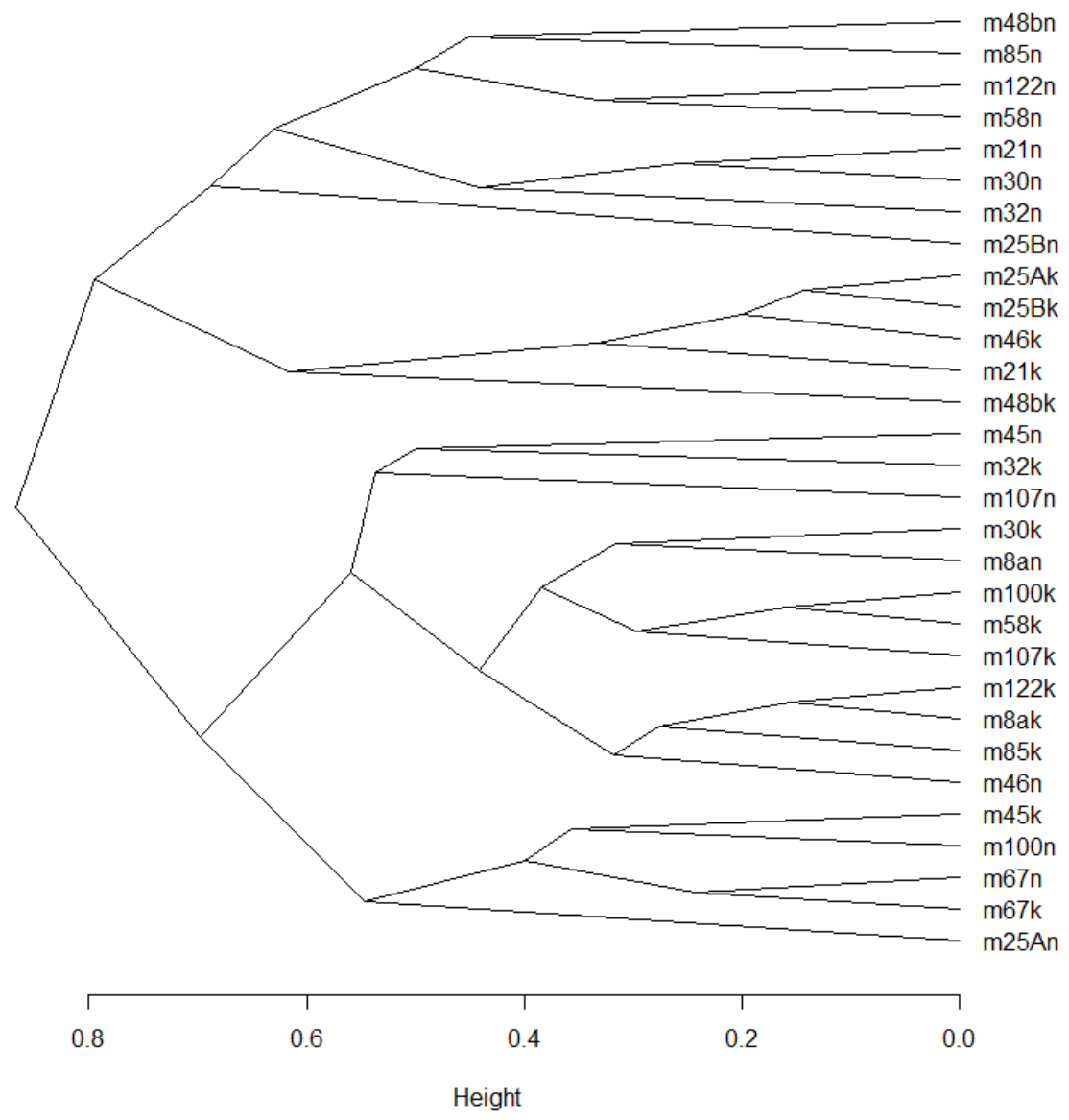
#wyrównanie nazw prób do jednej linii i zmiana wielkości czcionki  
plot(hc.snowbeds, hang = -1, cex = 0.8)



```
#dendrogram trójkątny (triangle dendrogram)  
hcd <- as.dendrogram(hc.snowbeds)  
plot(hcd, type = "triangle", ylab = "Height")
```



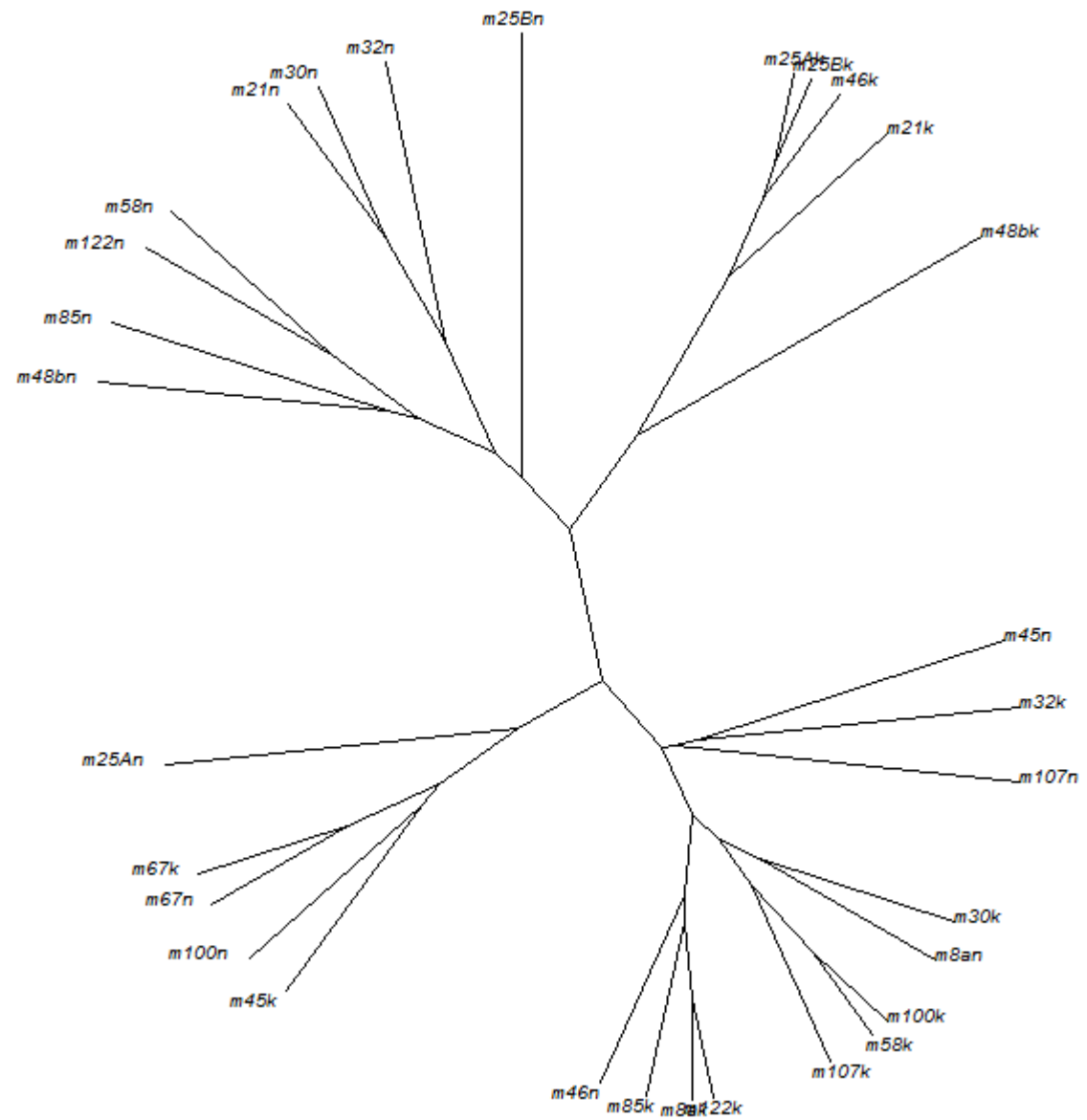
```
#zmiana orientacji wykresu
plot(hcd,  type="triangle", xlab = "Height", horiz = TRUE)
```



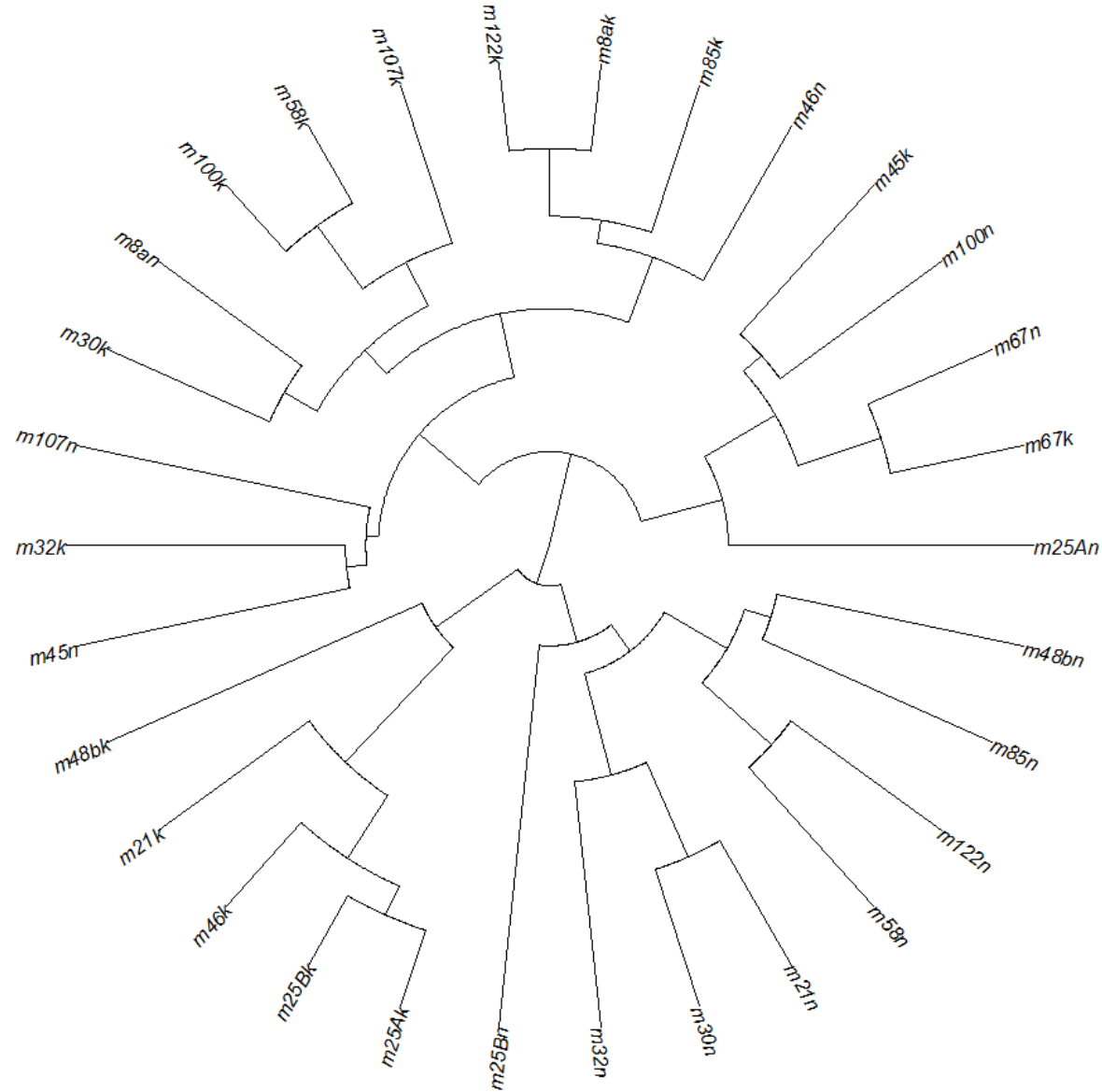
```
#Kladogram „korzeniowy” (unrooted cladogram)
```

```
library(ape)
```

```
plot(as.phylo(hc.snowbeds), type="unrooted", cex=0.6,  
no.margin= TRUE)
```

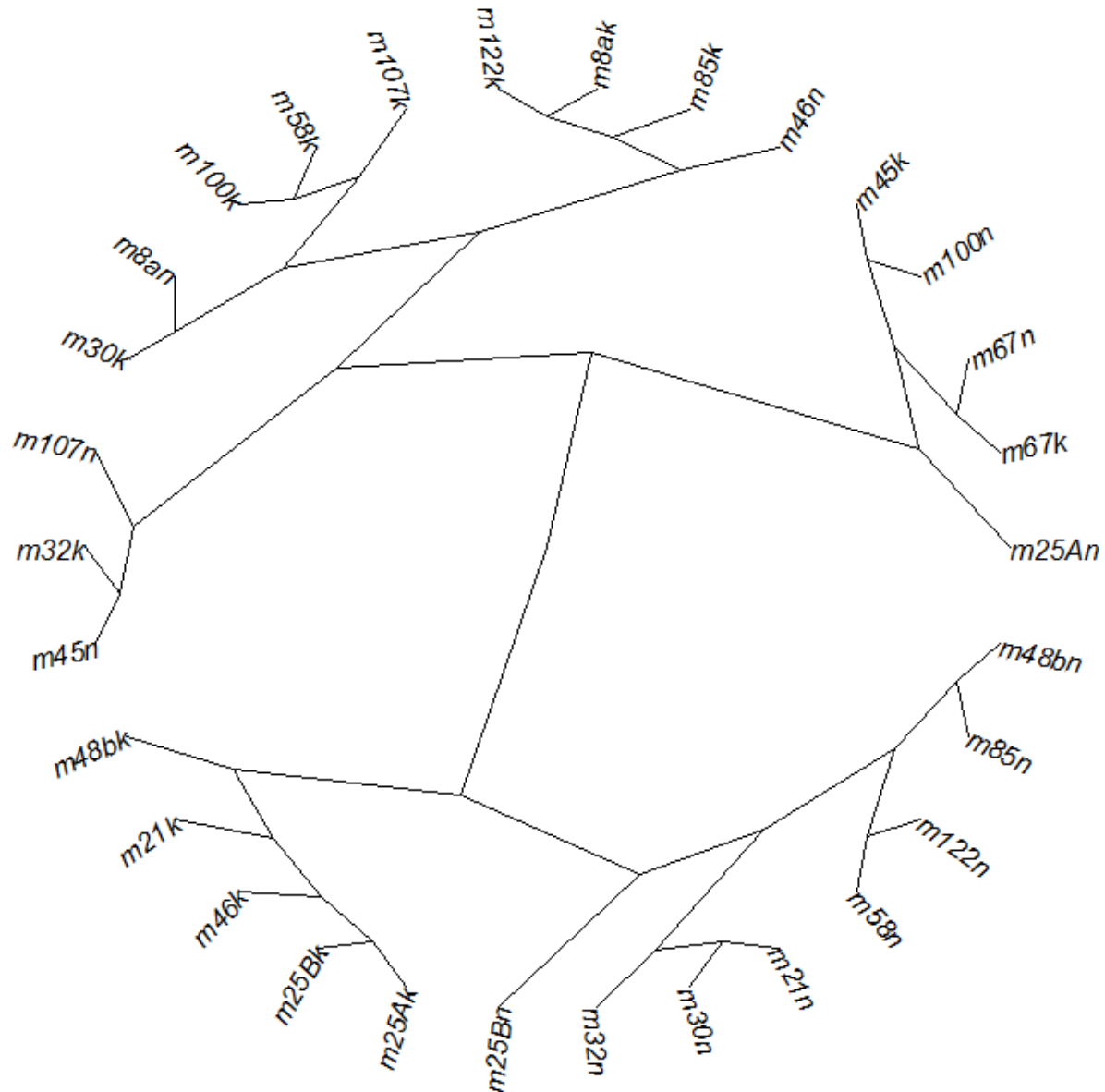


```
#Kladogram „wentylatorowy/wachlarzowy” (fan cladogram)  
plot(as.phylo(hc.snowbeds), type = "fan")
```



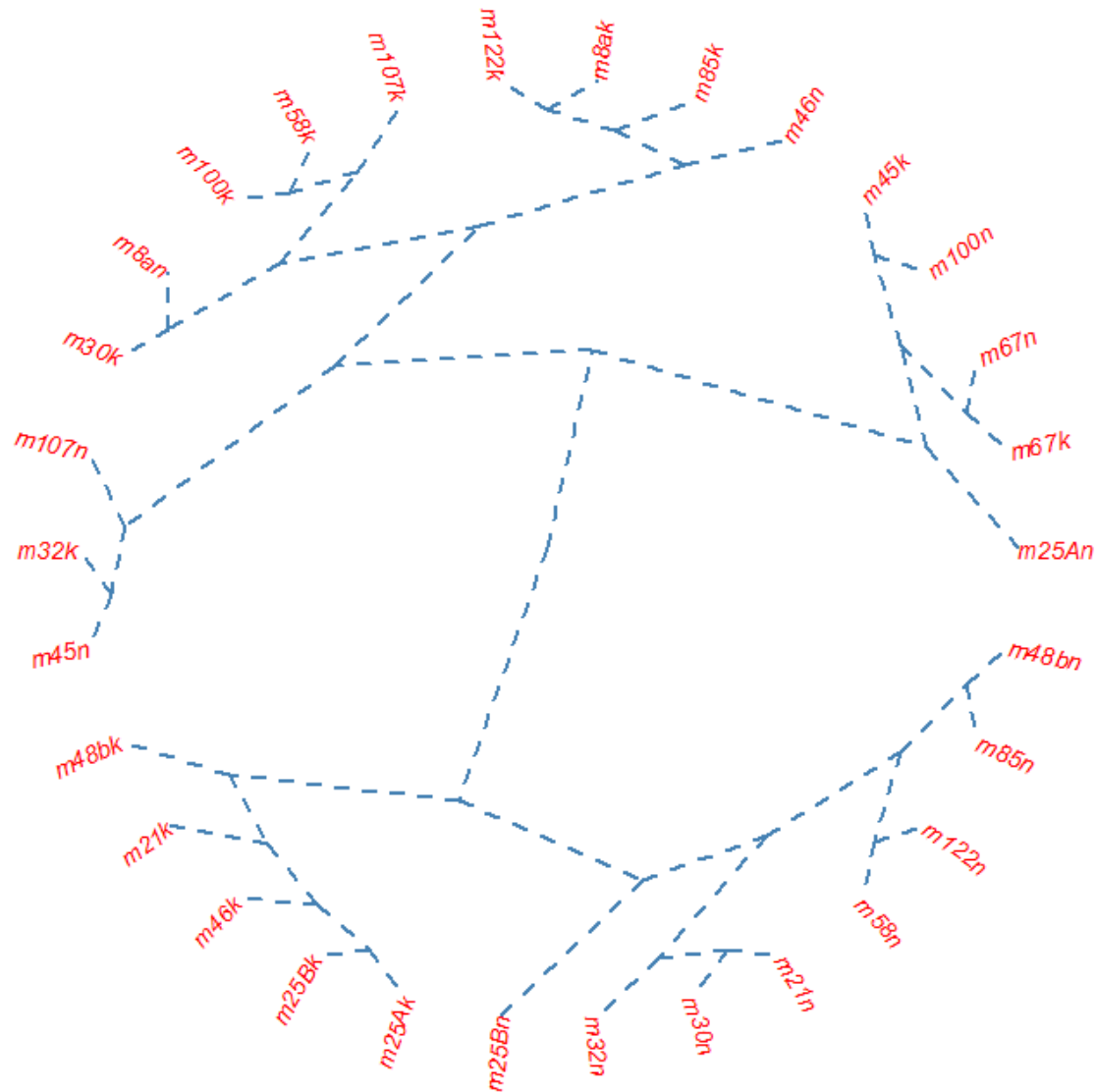


```
plot(as.phylo(hc.snowbeds), type = „radial“)
```

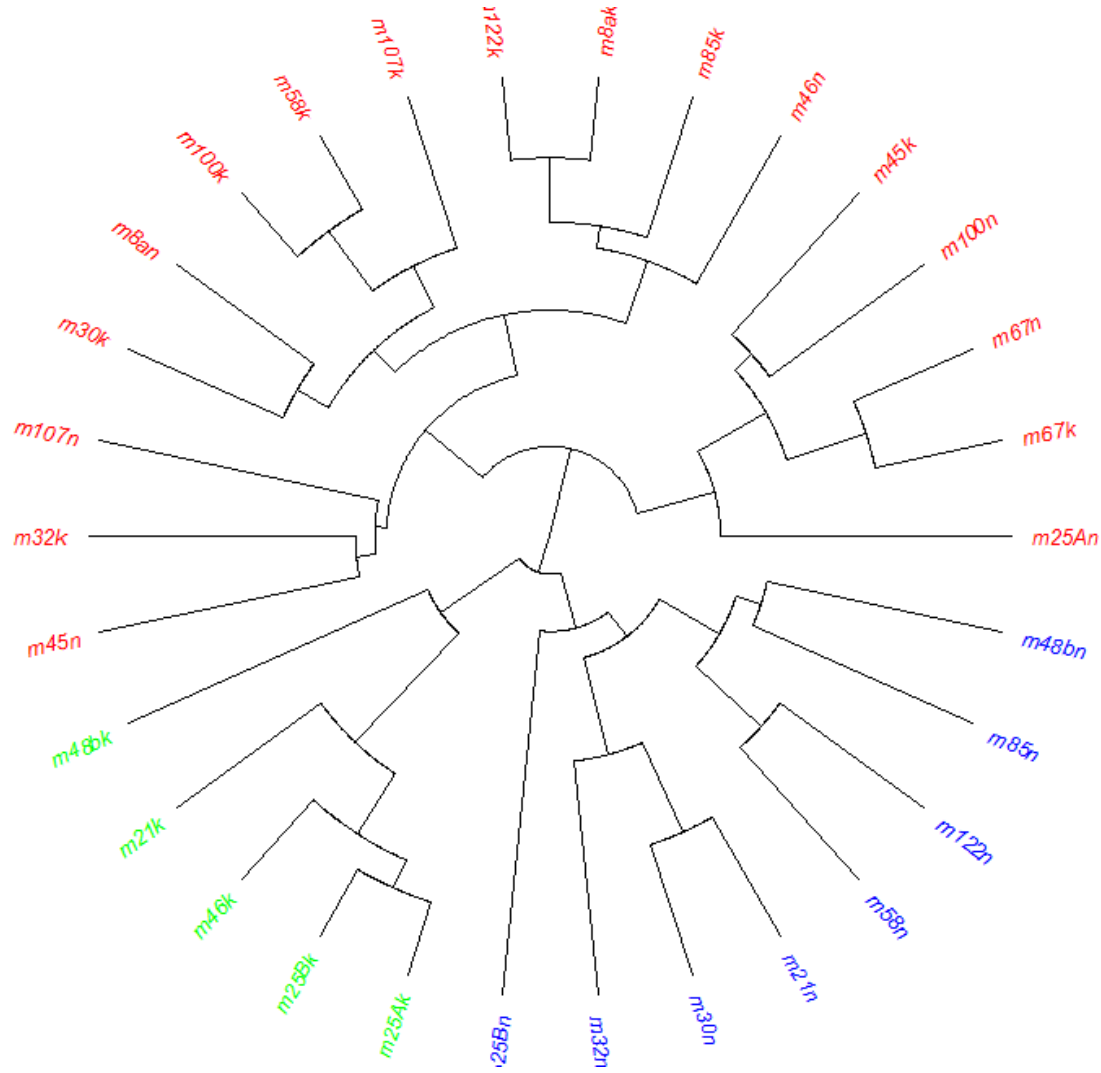


#Edycja wykresu

```
plot(as.phylo(hc.snowbeds), type = "radial", cex = 0.6,  
     edge.color = "steelblue", edge.width = 2, edge.lty = 2,  
     tip.color = "red")
```



```
#Podział na klasy  
colors = c("red", "blue", "green")  
clus3 = cutree(hc.snowbeds, 3)  
plot(as.phylo(hc.snowbeds), tip.color = colors[clus3],  
      label.offset = 0.02, cex = 0.8, type="fan")
```



# Uwaga

#Konflikt pakietów vegan z ape – zaczynając pracę z vegan bez wyłączenia pakietu ape **nie działać** będą pewne funkcje zaimplementowane w vegan. Wyłączyć pakiet bez potrzeby restartu całego programu (bo po ponownym uruchomieniu R i RStudio trzeba ponownie wczytywać wszystkie biblioteki) można w następujący sposób:

```
detach(package:ape, unload = TRUE)
```

# **Rozmyte grupowanie (fuzzy clustering)**

# Zastosowanie

#Metoda znakomita w badaniach fitosocjologicznych

#Określa procentową przynależność gatunku do określonego zbiorowiska roślinnego, dzięki czemu w wyrafinowany sposób można określić przynależność gatunku do danego syntaksonu

#Metoda przydatna w weryfikacji i rewizji gatunków charakterystycznych dla poszczególnych zbiorowisk roślinnych

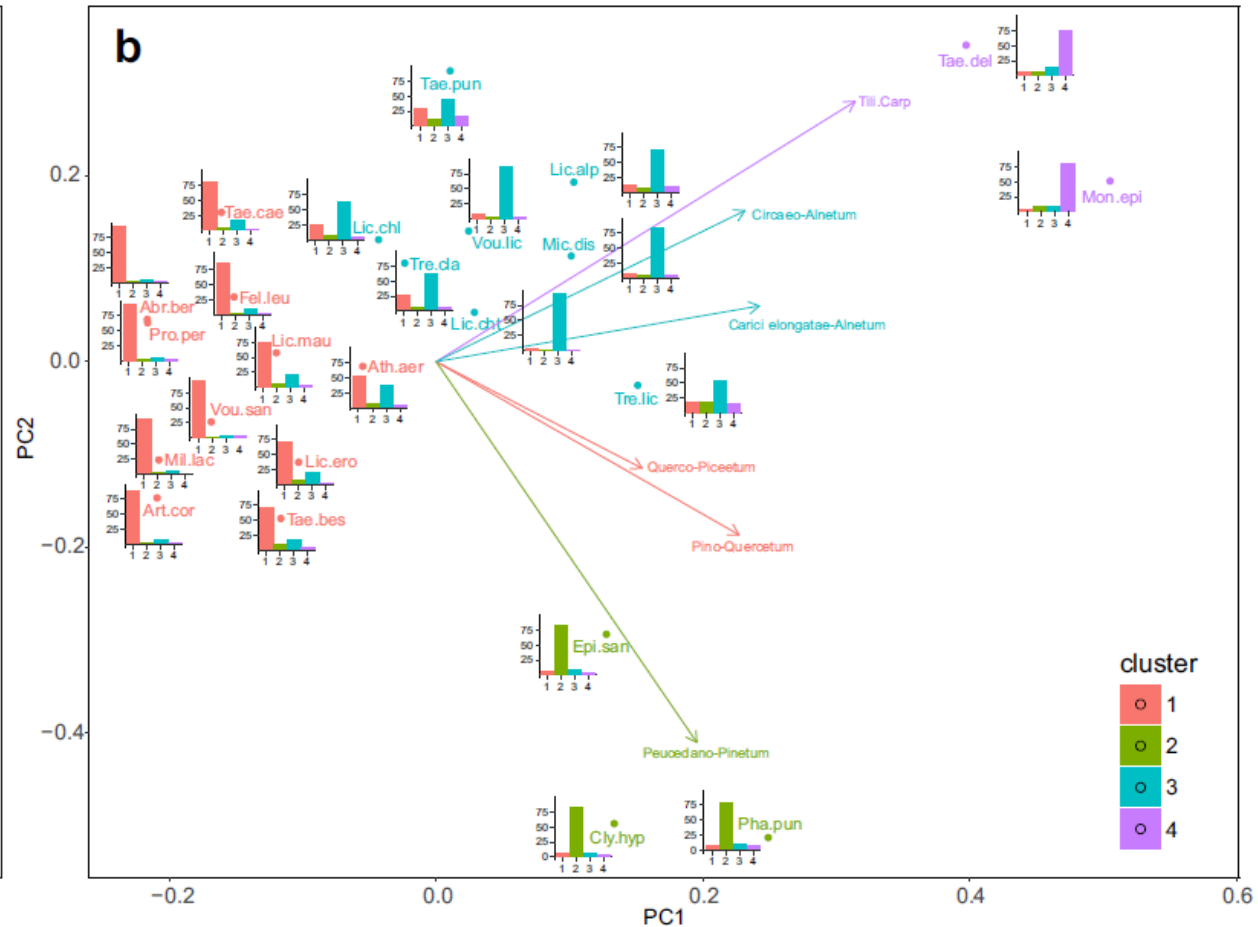
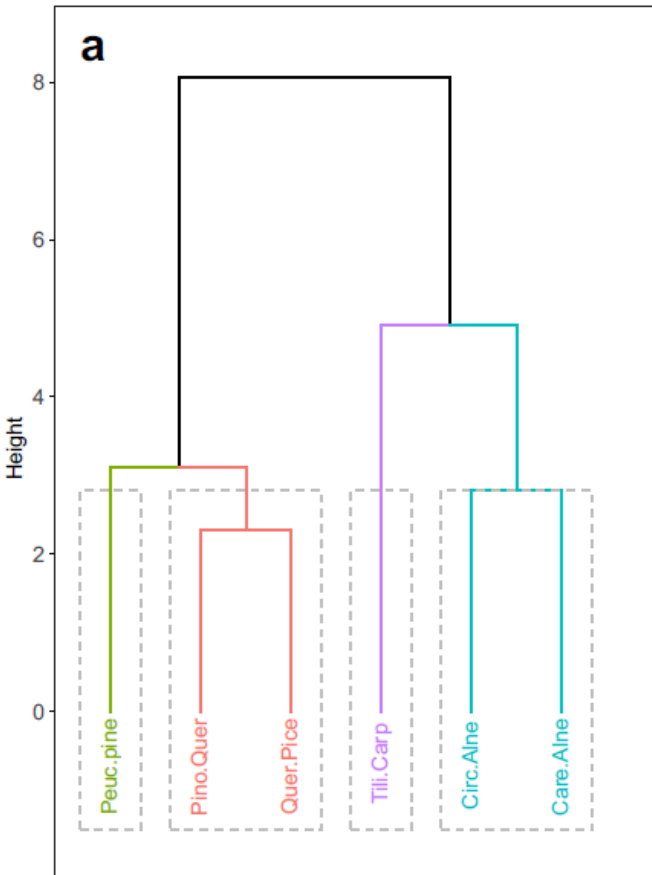
# Zasada działania

#Niektóre obiekty mogą wyraźnie należą do kilku grup

#Przynależność innych obiektów do danej grupy może być mniej oczywista (albo nieoczywista)

#Każdej obserwacji przypisywana jest funkcja wskazująca siłę członkostwa we wszystkich lub w niektórych grupach

# Complete clustering (a) vs. Fuzzy clustering (b)





**Miary (nie)podobieństwa składu gatunkowego**

# Miary różnorodności

- 1) **Alfa** - różnorodność prób w danym zbiorowisku, siedlisku
- 2) **Beta** - zróżnicowanie składu gatunkowego między zbiorowiskami/próbami w gradiencie środowiskowym
- 3) **Gamma** - różnorodność większej jednostki geograficznej – wyspy, jednostki krajobrazowej
- 4) **Epsilon** - sumaryczna różnorodność grupy obszarów odznaczających się różnorodnością gamma

# Różnorodność alfa

Najprostszą miarą jest bogactwo gatunkowe

#Gatunki w kolumnach, powierzchnie w wierszach (nie trzeba transformować do danych binarnych)

snowbeds2

```
> snowbeds2
      Abi.alb Ace.pse Aco.fir Aco.var Ade.all Ado.mos Aeg.pod Agr.sto Agr.alp Agr.can Agr.rup
m58k      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
m58n      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
m67k      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
      Agr.cap Alc.gla Alc.fla Alc.xan Aln.inc Ane.nar Ang.arc Ang.syl Ant.car Anx.alp Ara.alp
m58k      0      0      0      0      0      0      0      0      0      2      0
m58n      0      0      0      0      0      2      0      0      0      2      0
m67k      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
      Art.eri Aru.dio Asp.vir Ast.bel Asn.maj Ath.dis Ath.fil Ave.ver Bar.alp Bet.pub Ble.spi
m58k      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
m58n      0      0      0      0      0      0      0      2      0      0      0
m67k      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
      Bot.lun Cal.aru Cal.epi Cal.vil Cah.cor Cll.vul Cth.pal Cam.alp Cam.coc Cam.rot Car.ama
m58k      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
m58n      0      0      0      0      0      0      0      2      0      0      0
m67k      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
      Car.opi Car.fle Car.gla Car.imp Crd.bor Crd.hal Crd.neg Cdu.cri Crx.atr Crx.cut Crx.dig
m58k      0      0      0      0      0      0      2      0      0      0      0
m58n      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
m67k      0      0      0      0      0      0      2      0      0      0      0
```

#Liczba gatunków w każdej powierzchni badawczej

```
library(vegan)
```

```
spec.number<-specnumber(snowbeds2)
```

```
> spec.number
```

m58k	m58n	m67k	m67n	m32k	m32n	m85k	m85n	m8ak	m8an
18	28	20	17	23	25	22	22	20	21
m30k	m30n	m122k	m122n	m100k	m100n	m107k	m107n	m45k	m45n
20	18	25	26	20	33	19	33	23	49
m21k	m21n	m25Bk	m25Bn	m25Ak	m25An	m48bk	m48bn	m46k	m46n
10	17	7	7	7	20	18	29	8	24

#Albo po prostu

```
snow.pa<-decostand(snowbeds2, method="pa")
```

```
rowSums(snow.pa)
```

# Wskaźnik Shannona-Wienera

snowbeds2

#gatunki w kolumnach, a próby w wierszach:

```
> snowbeds2
      Abi.alb Ace.pse Aco.fir Aco.var Ade.all Ado.mos Aeg.pod Agr.sto Agr.alp Agr.can Agr.rup
m58k      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
m58n      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
m67k      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
      Agr.cap Alc.gla Alc.fla Alc.xan Aln.inc Ane.nar Ang.arc Ang.syl Ant.car Anx.alp Ara.alp
m58k      0      0      0      0      0      0      0      0      0      2      0
m58n      0      0      0      0      0      2      0      0      0      2      0
m67k      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
      Art.eri Aru.dio Asp.vir Ast.bel Asn.maj Ath.dis Ath.fil Ave.ver Bar.alp Bet.pub Ble.spi
m58k      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
m58n      0      0      0      0      0      0      0      2      0      0      0
m67k      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
      Bot.lun Cal.aru Cal.epi Cal.vil Cah.cor Cll.vul Cth.pal Cam.alp Cam.coc Cam.rot Car.ama
m58k      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
m58n      0      0      0      0      0      0      0      2      0      0      0
m67k      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
      Car.opi Car.fle Car.gla Car.imp Crd.bor Crd.hal Crd.neg Cdu.cri Crx.atr Crx.cut Crx.dig
m58k      0      0      0      0      0      0      2      0      0      0      0
m58n      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
m67k      0      0      0      0      0      0      2      0      0      0      0
```

```
Shannon.index<-diversity(snowbeds2), index="shannon",  
MARGIN=1, base=exp(1))
```

```
> Shannon.index  
   m58k   m58n   m67k   m67n   m32k   m32n   m85k   m85n   m8ak   m8an  
2.856287 3.169364 2.908258 2.718097 3.029026 3.115898 2.997767 2.988814 2.901140 2.884956  
   m30k   m30n   m122k   m122n   m100k   m100n   m107k   m107n   m45k   m45n  
2.903961 2.789019 3.147364 3.185520 2.888003 3.386847 2.851148 3.378143 3.035141 3.813884  
   m21k   m21n   m25Bk   m25Bn   m25Ak   m25An   m48bk   m48bn   m46k   m46n  
2.200604 2.738233 1.886697 1.776843 1.945910 2.935926 2.803810 3.313291 1.938588 3.064173
```

# Wskaźnik równocенności Pielou (evenness)

```
spec.number<-specnumber(snowbeds2)
Shannon.index<-diversity(snowbeds2, index="shannon",
MARGIN=1, base=exp(1))
Eveness<-Shannon.index/log(spec.number)
```

```
> Eveness
      m58k      m58n      m67k      m67n      m32k      m32n      m85k      m85n      m8ak
0.9882074 0.9511312 0.9708002 0.9593691 0.9660442 0.9680083 0.9698238 0.9669276 0.9684245
      m8an      m30k      m30n      m122k      m122n      m100k      m100n      m107k      m107n
0.9475890 0.9693659 0.9649345 0.9777836 0.9777243 0.9640391 0.9686372 0.9683163 0.9661478
      m45k      m45n      m21k      m21n      m258k      m258n      m25Ak      m25An      m48bk
0.9679946 0.9799742 0.9557103 0.9664762 0.9695704 0.9131167 1.0000000 0.9800362 0.9700517
      m48bn      m46k      m46n
0.9839621 0.9322639 0.9641666
```


# Różnorodność beta

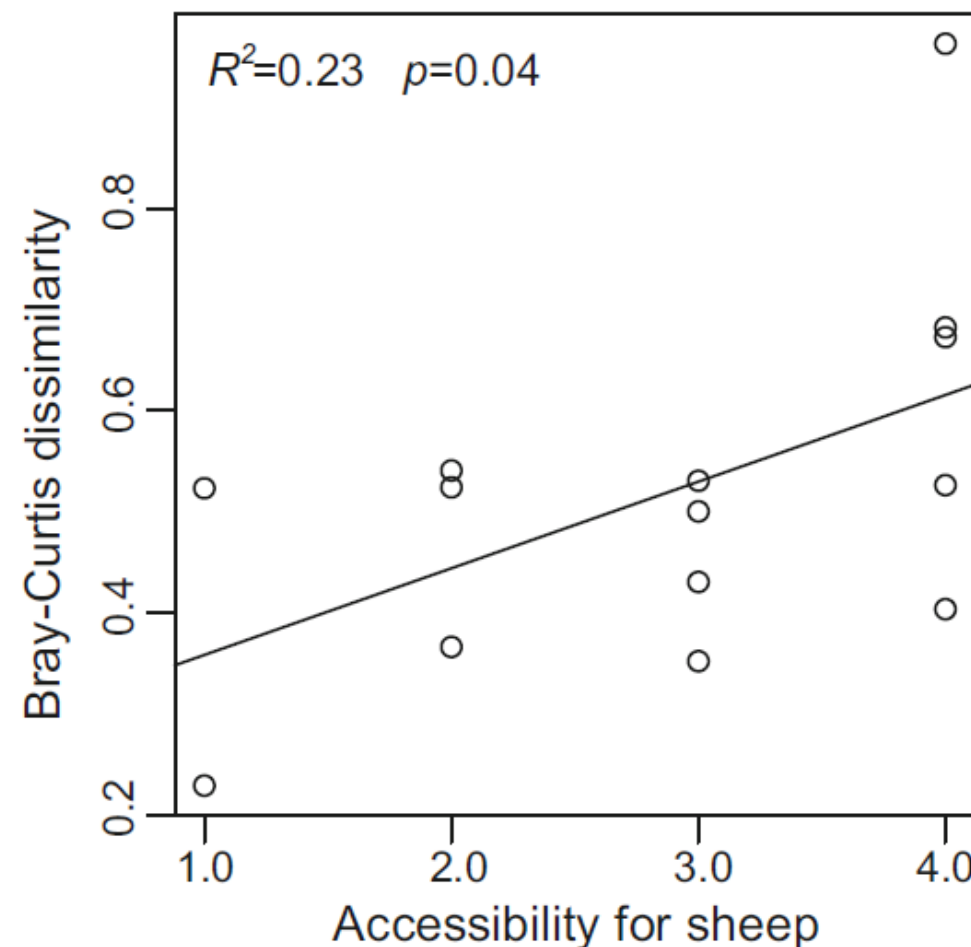
#Najczęściej używane w naukach biologicznych miary niepodobieństwa składu gatunkowego to:

- Wskaźnik niepodobieństwa Bray-Curtisa (dla danych binarnych/niebinarnych)
- Wskaźnik niepodobieństwa Sorensena (dla danych binarnych)



# Effects of grazing abandonment and climate change on mountain summits flora: a case study in the Tatra Mts

Patryk Czortek  · Amy E. Eycott · John-Arvid Grytnes · Anna Delimat  
 Jutta Kapfer · Bogdan Jaroszewicz



**Fig. 3** Relationship between accessibility of summits for sheep and changes in species composition calculated by the Bray–Curtis method. Determination coefficients  $R^2$  and  $p$  values are shown

# Wskaźnik Bray-Curtisa

```
snowbeds.dist<-vegdist(snowbeds2, method="bray")
```

```
> snowbeds.dist
      m58k    m58n    m67k    m67n    m32k    m32n    m85k    m85n
m58n 0.6406250
m67k 0.3541667 0.7121212
m67n 0.4725275 0.6220472 0.2421053
m32k 0.4363636 0.6575342 0.4912281 0.5596330
m32n 0.6065574 0.5569620 0.6031746 0.5206612 0.5428571
m85k 0.3529412 0.5797101 0.5849057 0.6435644 0.4833333 0.5757576
m85n 0.5047619 0.5035461 0.6146789 0.6346154 0.5121951 0.5407407 0.3739130
m8ak 0.3465347 0.5912409 0.4285714 0.4600000 0.3277311 0.4809160 0.3153153 0.4385965
m8an 0.4653465 0.6058394 0.6190476 0.6000000 0.4957983 0.6183206 0.4414414 0.3508772
m30k 0.3800000 0.6617647 0.4807692 0.5959596 0.4915254 0.6000000 0.4000000 0.3982301
m30n 0.5841584 0.5620438 0.5047619 0.3600000 0.5798319 0.4045802 0.5855856 0.5614035
m122k 0.4608696 0.6026490 0.5462185 0.5789474 0.4135338 0.5172414 0.2960000 0.4687500
m122n 0.6160000 0.4285714 0.6899225 0.5967742 0.6503497 0.5225806 0.6000000 0.6086957
m100k 0.2323232 0.6444444 0.3592233 0.4285714 0.3675214 0.5658915 0.4311927 0.5178571
m100n 0.4925373 0.5529412 0.4202899 0.4135338 0.5526316 0.4390244 0.6111111 0.6190476
m107k 0.3877551 0.7164179 0.5882353 0.6701031 0.5000000 0.6562500 0.4259259 0.5135135
m107n 0.5407407 0.5204678 0.6690647 0.6567164 0.5294118 0.6121212 0.5310345 0.5000000
m45k 0.3333333 0.6956522 0.2264151 0.3663366 0.4500000 0.5151515 0.5357143 0.5826087
m45n 0.5125000 0.5510204 0.4634146 0.5345912 0.4943820 0.5368421 0.5058824 0.4450867
m21k 0.5897436 0.6315789 0.5365854 0.4805195 0.6250000 0.6111111 0.6136364 0.7142857
m21n 0.5833333 0.4393939 0.5800000 0.4315789 0.5964912 0.4285714 0.6226415 0.6513761
m25Bk 0.6969697 0.7843137 0.7142857 0.6615385 0.8571429 0.7916667 0.7105263 0.7468354
m25Bn 0.8208955 0.5922330 0.7746479 0.6363636 0.8823529 0.7731959 0.7922078 0.7750000
m25Ak 0.6666667 0.8333333 0.6875000 0.6271186 0.8461538 0.7777778 0.7142857 0.7808219
```

#Jak z macierzy wyciągnąć niepodobieństwo składu gatunkowego pomiędzy próbami z dwóch punktów w czasie?

#Obiekt typu „dist” zmienić na obiekt typu „matrix”

```
snowbeds.dist.matrix<-as.matrix(snowbeds.dist)
```

```
> snowbeds.dist.matrix
      m58k    m58n    m67k    m67n    m32k    m32n    m85k    m85n
m58k 0.000000 0.640625 0.354167 0.472527 0.436363 0.606557 0.352941 0.504761
m58n 0.640625 0.000000 0.712121 0.622047 0.657534 0.556962 0.579710 0.503546
m67k 0.354167 0.712121 0.000000 0.242105 0.491228 0.603174 0.584905 0.614678
m67n 0.472527 0.622047 0.242105 0.000000 0.559633 0.520661 0.643564 0.634615
m32k 0.436363 0.657534 0.491228 0.559633 0.000000 0.542857 0.483333 0.512195
m32n 0.606557 0.556962 0.603174 0.520661 0.542857 0.000000 0.575757 0.540740
m85k 0.352941 0.579710 0.584905 0.643564 0.483333 0.575757 0.000000 0.373913
m85n 0.504761 0.503546 0.614678 0.634615 0.512195 0.540740 0.373913 0.000000
m8ak 0.346534 0.591240 0.428571 0.460000 0.327731 0.480916 0.315315 0.438596
m8an 0.465346 0.605839 0.619047 0.600000 0.495798 0.618320 0.441441 0.350877
m30k 0.380000 0.661764 0.480769 0.595959 0.491525 0.600000 0.400000 0.398230
m30n 0.584158 0.562043 0.504761 0.360000 0.579831 0.404580 0.585585 0.561403
m122k 0.460869 0.602649 0.546218 0.578947 0.413533 0.517241 0.296000 0.468750
m122n 0.616000 0.428571 0.689922 0.596774 0.650349 0.522580 0.600000 0.608695
m100k 0.232323 0.644444 0.359223 0.428571 0.367521 0.565891 0.431192 0.517857
m100n 0.492537 0.552941 0.420289 0.413533 0.552631 0.439024 0.611111 0.619047
m107k 0.387755 0.716417 0.588235 0.670103 0.500000 0.656250 0.425925 0.513513
m107n 0.540740 0.520467 0.669064 0.656716 0.529411 0.612121 0.531034 0.500000
m45k 0.333333 0.695652 0.226415 0.366366 0.450000 0.515151 0.535714 0.582608
m45n 0.512500 0.551020 0.463414 0.534591 0.494382 0.536842 0.505882 0.445086
m21k 0.589743 0.631578 0.536585 0.480519 0.625000 0.611111 0.613636 0.714285
m21n 0.583333 0.439393 0.580000 0.431578 0.596491 0.428571 0.622641 0.651376
m25Bk 0.696969 0.784313 0.714285 0.661538 0.857142 0.791666 0.710526 0.746835
m25Bn 0.820895 0.592233 0.774647 0.636363 0.882352 0.773195 0.792207 0.775000
```

#w macierzy jest obliczone niepodobieństwo składu gatunkowego każdej próby z każdą

#Z macierzy wyciągamy tylko niepodobieństwo pomiędzy „starymi” i „nowymi” próbami

```
snowbeds.dist.matrix1<-  
snowbeds.dist.matrix[seq(1,ncol(snowbeds.dist.matrix),  
by=2), seq(2,ncol(snowbeds.dist.matrix), by=2)]
```

#Przeprowadzamy przekątną przez macierz

```
snowbeds.dist.matrix2<-diag(snowbeds.dist.matrix1)
```

```
> snowbeds.dist.matrix2  
[1] 0.6406250 0.2421053 0.5428571 0.3739130 0.3272727  
[6] 0.5045872 0.5405405 0.3758865 0.4609929 0.4235294  
[11] 0.3414634 0.6097561 0.5932203 0.7540984 0.4285714
```

# Wskaźnik Sorensena

```
snowbeds1<-read.table("snowbeds1.csv", sep=";", dec=",",  
header=TRUE)
```

```
#Transpozycja kolumn z wierszami (w kolumnach gatunki, w wierszach  
powierzchnie badawcze/próby)
```

```
snowbeds2<-as.data.frame(t(snowbeds1))
```

```
#Konieczna transformacja do danych binarnych
```

```
snowbeds3<-decostand(snowbeds2, method='pa')
```

```
library(betapart)
beta0<-beta.pair(snowbeds3, index.family = 'sorensen')
```

## Value

The function returns a list with three dissimilarity matrices. For `index.family="sorensen"` the three matrices are:

`beta.sim` `dist` object, dissimilarity matrix accounting for spatial turnover (replacement), measured as Simpson pair-wise dissimilarity

`beta.sne` `dist` object, dissimilarity matrix accounting for nestedness-resultant dissimilarity, measured as the nestedness-fraction of Sorensen pair-wise dissimilarity

`beta.sor` `dist` object, dissimilarity matrix accounting for total dissimilarity, measured as Sorensen pair-wise dissimilarity (a monotonic transformation of beta diversity)

For `index.family="jaccard"` the three matrices are:

`beta.jtu` `dist` dissimilarity matrix accounting for spatial turnover, measured as the turnover-fraction of Jaccard pair-wise dissimilarity

`beta.jne` `dist` object, dissimilarity matrix accounting for nestedness-resultant dissimilarity, measured as the nestedness-fraction of Jaccard pair-wise dissimilarity

`beta.jac` `dist` object, dissimilarity matrix accounting for beta diversity, measured as Jaccard pair-wise dissimilarity (a monotonic transformation of beta diversity)

## #Wskaźnik Sorensena

beta0 jest listą zawierającą trzy poziomy  
str(beta0)

```
> str(beta0)
List of 3
 $ beta.sim: 'dist' num [1:435] 0.5 0.278 0.412 0.333 0.5 ...
  ..- attr(*, "Labels")= chr [1:30] "m58k" "m58n" "m67k" "m67n" ...
  ..- attr(*, "Size")= int 30
  ..- attr(*, "call")= language as.dist.default(m = beta.sim)
  ..- attr(*, "Diag")= logi FALSE
  ..- attr(*, "Upper")= logi FALSE
 $ beta.sne: 'dist' num [1:435] 0.1087 0.038 0.0168 0.0813 0.0814 ...
  ..- attr(*, "Labels")= chr [1:30] "m58k" "m58n" "m67k" "m67n" ...
  ..- attr(*, "Size")= int 30
  ..- attr(*, "call")= language as.dist.default(m = beta.sne)
  ..- attr(*, "Diag")= logi FALSE
  ..- attr(*, "Upper")= logi FALSE
 $ beta.sor: 'dist' num [1:435] 0.609 0.316 0.429 0.415 0.581 ...
  ..- attr(*, "Labels")= chr [1:30] "m58k" "m58n" "m67k" "m67n" ...
  ..- attr(*, "Size")= int 30
  ..- attr(*, "call")= language as.dist.default(m = beta.sor)
  ..- attr(*, "Diag")= logi FALSE
  ..- attr(*, "Upper")= logi FALSE
```



beta0\$beta.sor - to nas interesuje

```
> beta0$beta.sor
```

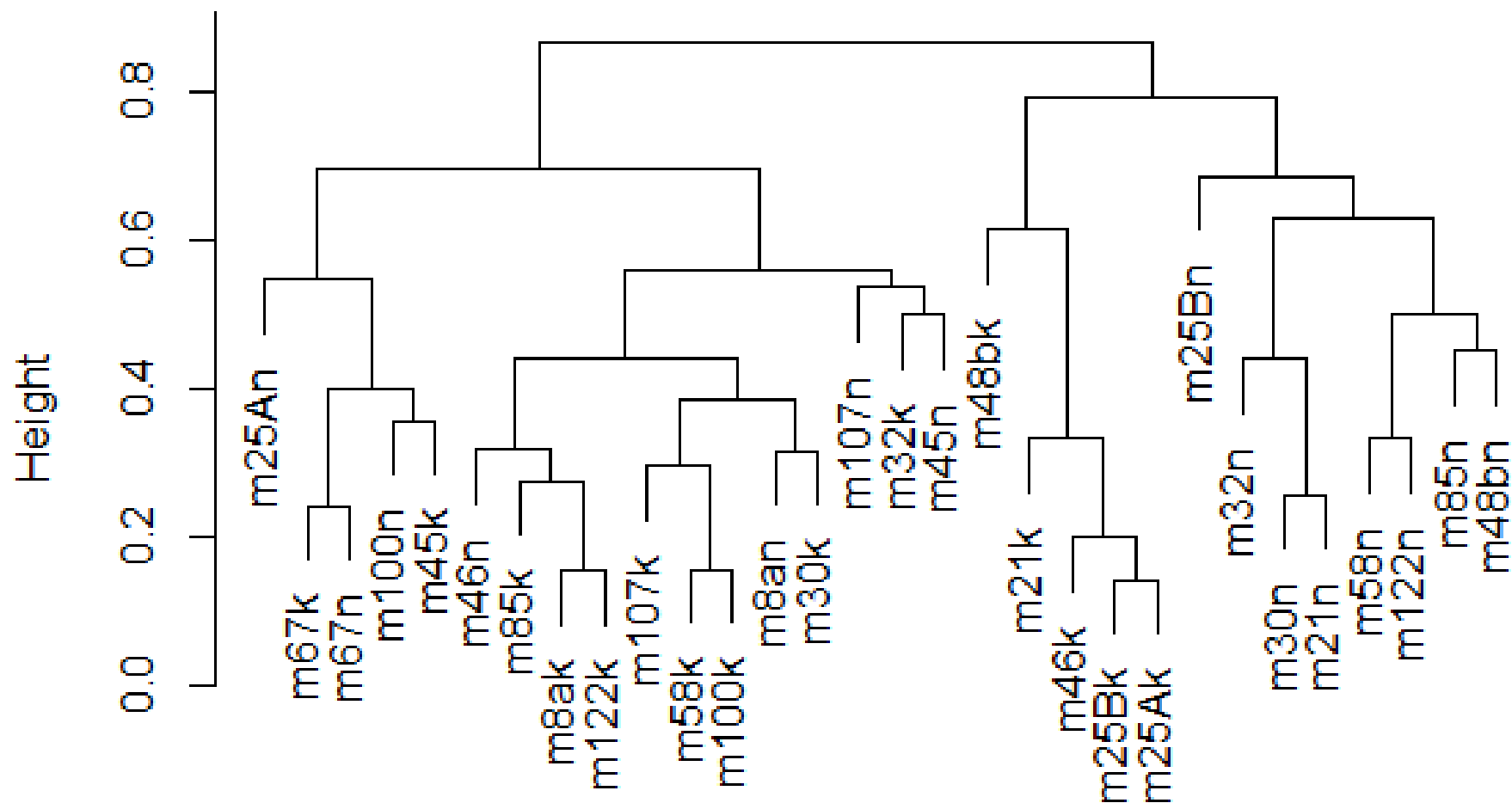
	m58k	m58n	m67k	m67n	m32k	m32n	m85k	m85n	m8ak
m58n	0.6086957								
m67k	0.3157895	0.6666667							
m67n	0.4285714	0.6000000	0.2432432						
m32k	0.4146341	0.6470588	0.4883721	0.6000000					
m32n	0.5813953	0.5094340	0.6444444	0.5714286	0.5833333				
m85k	0.3000000	0.5200000	0.5238095	0.5897436	0.4666667	0.4893617			
m85n	0.4500000	0.4000000	0.6190476	0.6410256	0.5111111	0.4893617	0.3181818		
m8ak	0.2631579	0.5416667	0.4000000	0.4594595	0.3488372	0.5111111	0.2380952	0.4761905	
m8an	0.3846154	0.5510204	0.6097561	0.6315789	0.5000000	0.6521739	0.3488372	0.3953488	0.3170732
m30k	0.2631579	0.5833333	0.4500000	0.5675676	0.4883721	0.6000000	0.3333333	0.3809524	0.3000000
m30n	0.5555556	0.5217391	0.5263158	0.3714286	0.6097561	0.4418605	0.5500000	0.5500000	0.4210526
m122k	0.3953488	0.5849057	0.4666667	0.5238095	0.3750000	0.4800000	0.2765957	0.4468085	0.1555556
m122n	0.5454545	0.3333333	0.6086957	0.5348837	0.5918367	0.4117647	0.5416667	0.5000000	0.4347826
m100k	0.1578947	0.6250000	0.3500000	0.4594595	0.3488372	0.6000000	0.3333333	0.5238095	0.2000000
m100n	0.4509804	0.5737705	0.3962264	0.4000000	0.5714286	0.4827586	0.5636364	0.6000000	0.4716981
m107k	0.2972973	0.6595745	0.5897436	0.6666667	0.4761905	0.6818182	0.3658537	0.5121951	0.2307692
m107n	0.5294118	0.5081967	0.6981132	0.6800000	0.5357143	0.6206897	0.4909091	0.5636364	0.4339623
m45k	0.2682927	0.6470588	0.2558140	0.4000000	0.4347826	0.5416667	0.4666667	0.5555556	0.3953488
m45n	0.4925373	0.5064935	0.4782609	0.5454545	0.5000000	0.5945946	0.4647887	0.4647887	0.4782609
m21k	0.5714286	0.6842105	0.5333333	0.4074074	0.6363636	0.6000000	0.5625000	0.6875000	0.4000000
m21n	0.5428571	0.4666667	0.5675676	0.4117647	0.6000000	0.3809524	0.5897436	0.5897436	0.4594595
m25Bk	0.6000000	0.7714286	0.6296296	0.5000000	0.8000000	0.6875000	0.6551724	0.7241379	0.5555556
m25Bn	0.7600000	0.6000000	0.7037037	0.5833333	0.8666667	0.6875000	0.7241379	0.6551724	0.7037037
m25Ak	0.6000000	0.7714286	0.6296296	0.5000000	0.8000000	0.6875000	0.6551724	0.7241379	0.5555556



#Dendrogram z niepodobieństwem Sorensena

```
clust.soren<-hclust(beta0$beta.sor, "complete")  
plot(clust.soren)
```

## Cluster Dendrogram



# Analizy interakcji pomiędzy gatunkami

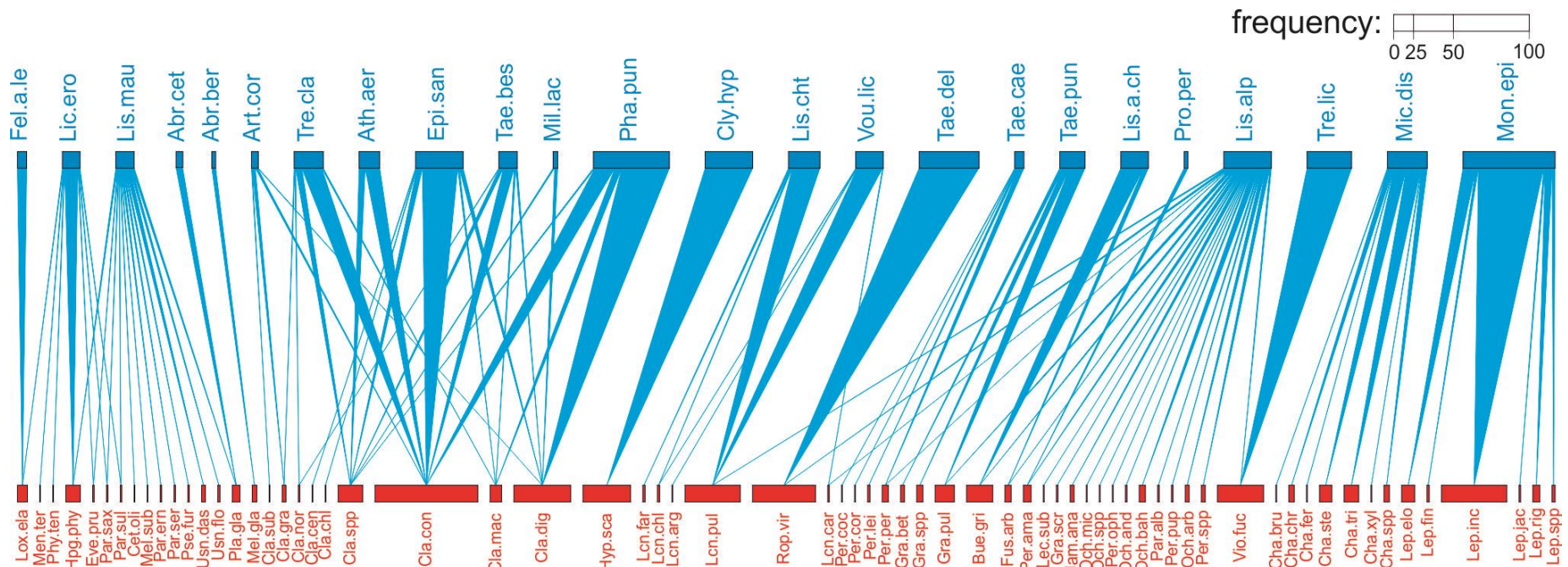
#Sieci troficzne:

- Przydatne do badania liczby i siły interakcji pomiędzy żywicielami (I poziom troficzny) a pasożytami (II poziom troficzny)

#W wierszach grzyby naporostowe, w kolumnach żywiciele, w komórkach frekwencja pasożytów na żywicielach

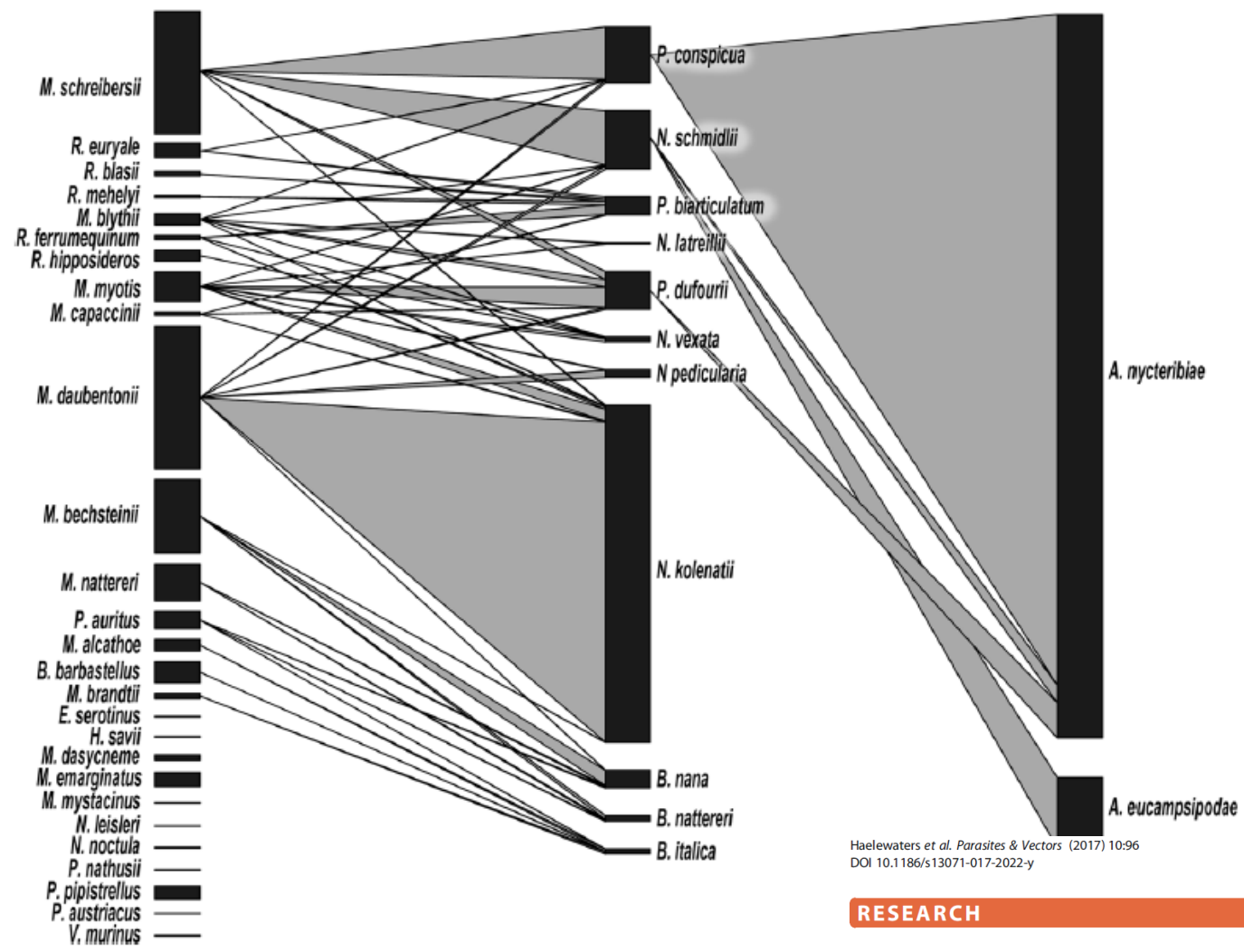
```
> fungi.hosty.net
      Bue.gri Cet.oli Cha.bru Cha.chr Cha.fer Cha.ste Cha.tri Cha.xyl Cha.spp Cla.cen
Abr.ber      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
Abr.cet      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
Art.cor      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
Ath.aer      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
Cly.hyp      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
Epi.san      0      0      0      0      0      0      0      0      0      1
Fel.a.le      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
Lic.alp      4      0      0      0      0      0      0      0      0      0
Lic.cht      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
Lic.ero      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
Lic.mau      0      1      0      0      0      0      0      0      0      0
Lis.a.ch     30      0      0      0      0      0      0      0      0      0
Mic.dis      0      0      1      7      1     16     19      1      7      0
Mil.lac      0      0      0      0      0      0      0      0      0      0
```

```
webs3 <- as.matrix(fungi.hosty.net) #ramka danych jako macierz
lapply(webs3, head, n = 2L)
plotweb(t(webs3), text.rot=90, col.low = "red", col.high =
"blue", y.width.low=0.025,y.width.high=0.025, ybig=0.1,
col.interaction="blue", arrow="down.center", bor.col.interaction
="blue")# wykres interakcji
```



Łubek A, Kukwa M, Czortek P, Jaroszewicz B (2019) Lichenicolous fungi are more specialized than their lichen hosts. Sci Rep [in review]

# #Mozliwość analizy wielu poziomów troficznych w tym samym czasie



Haelewaters et al. *Parasites & Vectors* (2017) 10:96  
DOI 10.1186/s13071-017-2022-y

Parasites & Vectors

RESEARCH Open Access



Parasites of parasites of bats:  
Laboulbeniales (Fungi: Ascomycota) on bat  
flies (Diptera: Nycteribiidae) in central  
Europe

Danny Haelewaters<sup>1\*</sup>, Walter P. Pfliegler<sup>2</sup>, Tamara Szentiványi<sup>3,4,5</sup>, Mihály Földvári<sup>3</sup>, Attila D. Sándor<sup>6</sup>, Levente Barti<sup>7</sup>,  
Jasmin J. Camacho<sup>1</sup>, Gerrit Gort<sup>8</sup>, Péter Estók<sup>9</sup>, Thomas Hiller<sup>10</sup>, Carl W. Dick<sup>11</sup> and Donald H. Pfister<sup>1</sup>

# #Możliwość analizy specjalizacji gatunków pasożytów względem żywicieli oraz wielu innych parametrów funkcjonalnych interakcji

```
bipartite::specieslevel()  
specieslevel(web, index="ALLBUTD", level="both")
```

index	Vector of indices to be calculated for each trophic level of the web; options are:
-------	--

- 'degree',
- 'ND' for normalised degrees,
- 'species strength' as sum of dependencies for each species,
- 'nestedrank' as rank in a nested matrix,
- 'interaction push pull' for interaction push/pull (our version of dependence asymmetry: see details),
- 'PDI' for Paired Differences Index,
- 'resource range' for Poisot et al. (2012)'s index of unused resources,
- 'species specificity' (or coefficient of variation of interactions),
- 'PSI' for pollination service index (or pollinator support index, depending on the trophic level),
- 'NS' for node specialisation index,
- 'betweenness' for betweenness,
- 'closeness' (both automatically also return their weighted counterparts proposed by Tore Opsahl in package **tnet**),
- 'Fisher' for Fisher's alpha index,
- 'diversity' for Shannon diversity of interactions of that species,
- 'effective partners' for the effective number of interacting partners,
- 'proportional generality' a quantitative version of normalised degree,
- 'proportional similarity' specialisation measured as similarity between use and availability,
- 'd' for Blüthgen's d',





**BSS**  
BIAŁOWIESKA SZKOŁA STATYSTYKI