

Řešení cvičení 6.1

Import dat: výsledkem je, že v CANOCO budete mít tři matice, dvě typu *compositional* (molluscs¹ a vascular) a jednu typu *general* (matice env). Všechny matice musí obsahovat 43 řádků (ploch).

Analýza 1: sestává ze dvou kroků, a není na ni možné použít přednastavenou šablonu. Při vytvoření této analýzy postupujte takto:

1. *Analysis > Add new analysis > Customized* (analýzu nějak pojmenujte, nebo nechte Analysis 1)
2. do *Analysis purpose* můžete napsat krátký popis, co analýza dělá (ale nemusíte)
3. klikněte na *Step 1* a potom na tlačítko *Add step* - tím přidáte do analýzy druhý krok
4. pokračujte klikání v *Analysis setup wizard*, který sestává z dvou kroků (prvních několik oken je Step 1, pak následuje Step 2)
 1. **Step 1** - *Response data* - vyberte matici s cévnatými rostlinami (vascular),
 2. **Step 1** - *Ordination method* - zde vyberte PCA, *Response data (species) transformation* None a *Center and standardize by samples* Hellinger standardization.
 3. **Step 2** - *Response data* - vyberte matici s plži (molluscs), *Explanatory data* - sem je třeba vložit skóre na ordinačních osách z předchozí analýzy, a to takto: **klikněte na tlačítko Advanced role v sekci Explanatory data, v novém okně na tlačítko New, v okně Use score results from: vyberte Current analysis a Step 1, vpravo v boxu Select score type: vyberte Case scores a pod ním Use these scores from vyberte all axes. Klikněte na OK, a v políčku pro Explanatory variables se objeví Case scores from step 1, což je přesně to, co potřebujeme.**
 4. **Step 2** - *Ordination method* - vyberte RDA, *Response data (species) transformation* Log a *Center and standardize by samples* None (na plžích není třeba dělat Hellingerovu standardizaci, je ale potřeba je log ztransformovat, protože jde o počty).
 5. **Step 2** - *Test or Explore Predictor Effect* - vyberte možnost Forward selection, v možnosti *Permutation Test Parameters* vyberte Unrestricted permutations.
 6. Analýzu spusťte, a vyberte vysvětlující proměnné (ordinační osy z PCA na cévnatých rostlinách). V mém řešení se vybraly dvě (CaseR. 1 a CaseR. 2), je ale možné, že vám druhá osa už nevyjde signifikantní (s Bonferroniho korekcí).

7. Analysis 'Analysis 1', step 'Step 2'

Forward Selection Results:

Name	Explains %	Contribution %	pseudo-F	P	P(adj)
CaseR.1	25.4	56.4	14.0	0.002	0.016
CaseR.2	4.5	10.0	2.6	0.006	0.048

8. Aby bylo možné s těmito proměnnými pracovat i v Analýze 3 (rozkladu variance, viz dole), je třeba tyto proměnné nakopírovat (ručně) do tabulky env, a to takto:
 1. v záložce Cases (1)² označte sloupce s osami, které byly vybrány postupným výběrem v analýze Step 2 (v mém případě CaseR. 1 a CaseR. 2), a nakopírujte je na clipboard (CTRL+C)
 2. v *Data tables* vyberte tabulku env, posuňte se na poslední sloupeček, pravým tlačítkem myši klikněte na záhlaví prvního prázdného sloupce ([C15]) a vyberte *Append ... from Clipboard* - vloží se vám sloupečky se skóre na vegetačních ordinačních osách.

Analýza 2 - *Analysis > Add new analysis > Canoco adviser*, vyberte matice molluscs a env, analýzu *Interactive forward selection*

1. Jako *Response data* vyberte molluscs a jako *Explanatory data* vyberte matici env a v ní všechny proměnné kromě skóre na vegetačních osách z předchozí analýzy (chceme dělat výběr jen mezi měřenými proměnnými prostředí).
2. Vyberte RDA na log transformovaných datech a bez Hellingerovy standardizace (stejně jako v předchozí analýze při použití šnečích dat).
3. Proveďte postupný výběr proměnných (s Bonferroniho korekcí).
4. V mém případě vyšel jako nejdůležitější vápník (proměnná Ca) a marginálně signifikantní i konduktivita (cond) - kterou jsem nakonec zahrnul do modelu, i když její P(adj) byl mírně vyšší než 0.05.

5. Analysis 'Interactive-forward-selection', step 'Forward Selection'
Forward Selection Results:

Name	Explains %	Contribution %	pseudo-F	P	P(adj)
Ca	20.2	41.5	10.4	0.002	0.028
conduct	5.3	10.9	2.8	0.004	0.056

Analýza 3 - vlastní rozklad variance: *Analysis > Add new analysis > Canoco adviser*, vyberte matice molluscs a env a analýzu v sekci Variation Partitioning Analyses, konkrétně s testováním parciálních (*conditional* efektů (Var-part-2groups-Conditional-effects-tested...)).

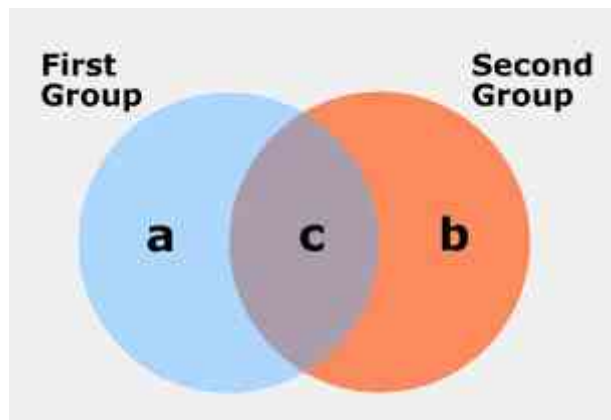
1. *Response data* bude tabulka molluscs, *Explanatory data* tabulka env (která nyní obsahuje jak vlastní měřené proměnné, tak i ordinační skóre z vegetačních dat)
2. v dalším kroku nadefinujete, které proměnné patří do které ze dvou skupin pro následný rozklad variance: First group bude CaseR1 a CaseR2 (tedy vliv vegetace), Second group bude Ca a cond (vliv prostředí, proměnné které vyšli jako důležité při postupném výběru).
3. *Ordination method* - RDA, log transformace druhových dat, žádná standardizace po vzorcích, ostatní default.
4. Proveďte vlastní analýzu a podívejte se na výsledky:

5. Variation Partitioning Results for Two Groups in Analysis 'Var-part-2groups-Conditional-effects-tested'
Explained variation

Fraction Square	Variation(adj)	% of Explained	% of All	DF	Mean
a	0.062197	22.2	6.2	2	0.04677
b	0.015341	5.5	1.5	2	0.02446
c	0.20208	72.3	20.2	--	--
Total Explained	0.27962	100.0	28.0	4	0.08706
All Variation	1	--	100.0	42	--

6. Variation Partitioning Results for Two Groups in Analysis 'Var-part-2groups-Conditional-effects-tested'
Significance tests

Tested Fraction	F	P
a+b+c	5.1	0.002
a	2.7	0.002
b	1.4	0.072



Obě skupiny proměnných vysvětlí celkem 28% variability (adjustovaný R^2), z toho čistý efekt vegetace je 6.2% (a ten je průkazný na $p < 0.01$), zatímco čistý efekt proměnných prostředí je jen 1.5% (a není průkazný, $p = 0.072$). Sdílená složka je největší - 20.2%, protože obě sady proměnných jsou výrazně korelované (prostředí ovlivňuje vegetaci).

Interpretace by byla asi následující: vegetace je lepší prediktor druhového složení než měřené proměnné prostředí, a obsahuje i informaci, kterou proměnné prostředí neobsahují. Pokud bych měl jistotu, že v proměnných prostředí jsou všechny faktory, které mohou být relevantní pro složení plžích společenstev, pak by se dalo říci, že variabilita kterou vegetace vysvětlí navíc odráží biotické interakce mezi plži a rostlinami. Protože ale s jistotou nevím, jestli jsou měřeny všechny proměnné prostředí, je pravděpodobné, že variabilita kterou vegetace vysvětlí navíc je způsobena některým z faktorů prostředí který nebyl změřen (proto není ve frakci [b] nebo [c]) a kytky na něj reagují stejně jako plži. Celý model a parciální efekt vlivu vegetace jsou průkazné, parciální vliv proměnných prostředí už průkazný není.

1)

Pro matice můžete použít i jiné názvy, tyto budu používat v tomto textu.

2)

Pokud tuto záložku nevidíte, pak musíte vypnout zobrazování zkrácené verze výsledků, a to v menu *Edit > Settings > Canoco5 options...*, a v sekci *General* boxu *Presentation options* nesmí být zaškrtnutá volba *Show brief version of notebooks with analysis results*. Když analýzu provedete znovu, objeví se vám i další záložky se skóre na osách a dalšími informacemi.