

Ordinační analýzy v programu JUICE

Martina Nejezchlebová, Blansko, 30. 8. 2011

1.1 Ordinační analýzy

Jsou nedílnou součástí mnoha vegetačních a ekologických analýz. V programu JUICE (Tichý 2002) v kombinaci s programy CANOCO (ter Braak & Smilauer 2002) a R-project můžeme využít hned několik metod: detrendovanou korespondenční analýzu (detrended correspondence analysis DCA), korespondenční analýzu (correspondence analysis CA), analýzu hlavních komponent (principal components analysis PCA), analýzu redundance (redundancy analysis RDA), kanonickou korespondenční analýzu (canonical correspondence analysis CCA), detrendovanou korespondenční analýzu (detrended canonical correspondence analysis DCCA) a nemetrické mnohorozměrné škálování (NMDS). Ordinační analýzy najdeme v menu 'Analysis' a v podmenu 'Ordinations'

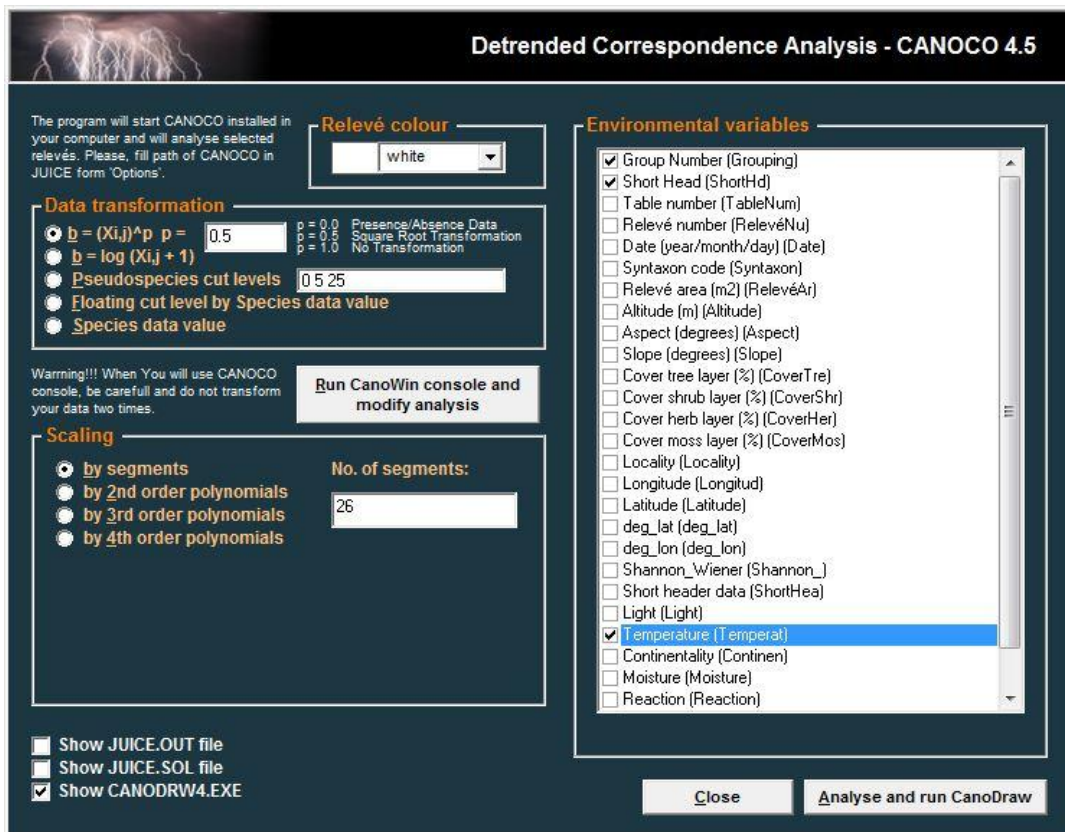
1.1.1 Ordinační analýzy v programech CANOCO 4.5 a CANODraw 4.0

Před samotnou analýzou je potřeba propojit programy JUICE a Canoco. Nastavení externích programů najdeme v menu vlastností („Options“) pod záložkou „External Program Paths“. U programu CANOCO nastavíme cestu k souboru canoco.exe. Ordinační analýzy pomocí programu CANOCO najdeme v menu „Ordinations“ a „CANOCO 4.5/ CANODRAW 4.0“.

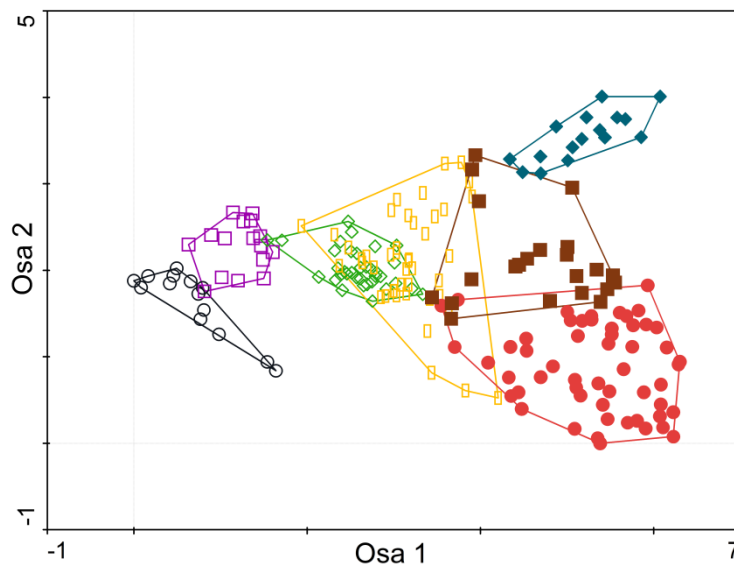
1.1.1.1 *Detrendovaná korespondenční analýza (DCA)*

Po otevření menu „DCA Analysis“ se otevře okno, kde můžeme vybrat do ordinační analýzy snímky určité barvy. V levé části okna je možné nastavit způsob transformace dat. Upravit analýzu můžeme také přímo v programu CANOCO pomocí tlačítka „Run CanoWin console and modify analysis“. Důležité je však dávat pozor, aby data nebyla transformována dvakrát. Dále je možné nastavit způsob škálování.

Potřebujeme-li k dalším analýzám zobrazit *eigenvalues*, zaškrtneme otevření souboru JUICE.OUT, skóre proměnných najdeme v souboru JUICE.SOL. Závěrečné úpravy grafů provedeme v programu CanoDraw 4.0, který se automaticky otevře, při zaškrtnutí „Show CAONODRAW4.EXE“. Chceme-li do grafu zobrazit pasivní proměnné prostředí, vybereme je zatržením možnosti v pravé části okna. Jakmile proběhnou analýzy vašich dat, budete automaticky přepnuti do programu CanoDraw, kde můžete dále upravovat grafy z analýzy dle vaší potřeby (ale s tím už vám pomůže manuál k programu CANOCO ☺).



Obr. 1: Nastavení v programu JUICE pro detrendovanou korespondenční analýzu (DCA)



Obr. 2: Ukázka grafu dentrendované korespondenční analýzy v programu CANOCO

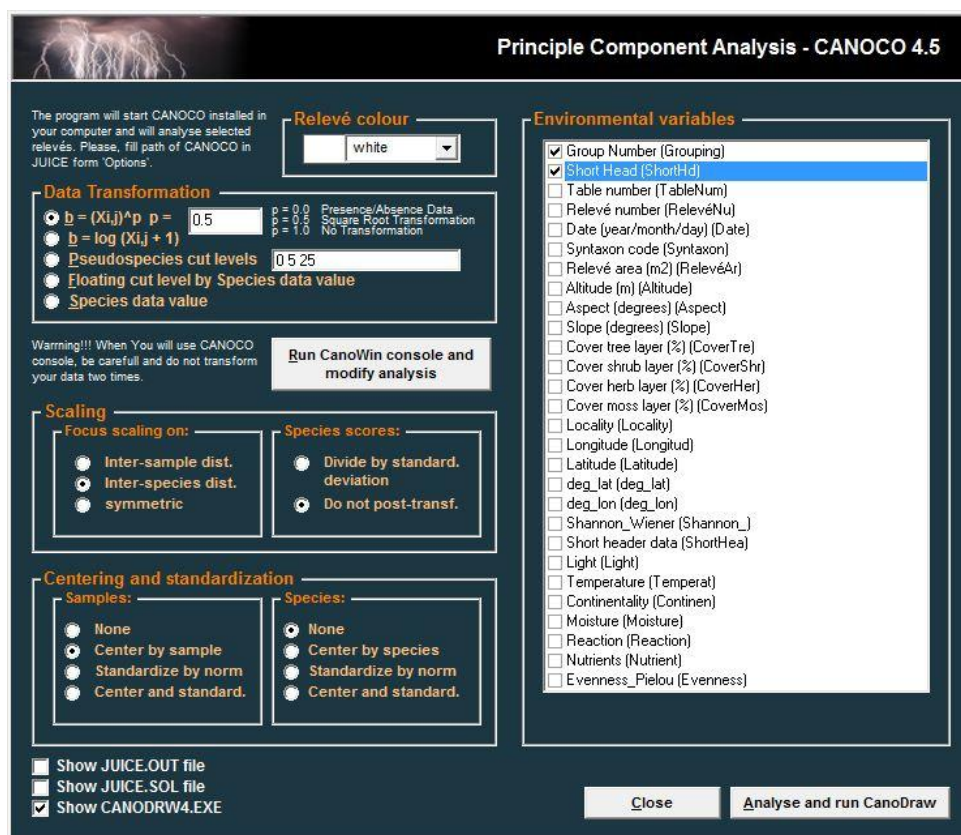
1.1.1.2 Korenspondenční analýza (CA)

Výběr snímků, typu transformace a pasivních environmentálních proměnných do korespondenční analýzy je podobný jako ve výše popsané kapitole o dentrendované korespondenční analýze (Kapitola 1.1.1.1). Rozdíl je pouze ve výběru škálování, kde si můžeme vybrat ze dvou typů určených pro CA (*Biplot scaling*, a *Hill's scaling*) v kombinaci

s různými měřítky (*Focus scaling on*). Jakmile proběhne analýza, budete opět přepnuti do programu CanoDraw 4.0 pro závěrečné úpravy grafů.

1.1.1.3 Analýza hlavních komponent (PCA)

Máte-li data posbírána pro krátký gradient přírodních podmínek prostředí (tedy soubor s nepříliš velkým počtem absencí a spíše kvantitativní variabilitou dat), je možné použít analýzu hlavních komponent (PCA). Vstup do PCA má opět podobné nastavení jako DCA (Kapitola 1.1.1.1). Stejný je výběr snímků, způsobu transformace dat i pasivních proměnných prostředí. Výběr možnosti škálování proměnných je upraven pro potřeby PCA. Navíc přibyl výběr centrování a standardizace, kde je možné vybrat z několika možností jak pro snímky, tak pro druhy. Ukázka nastavení pro PCA je na následujícím obrázku:

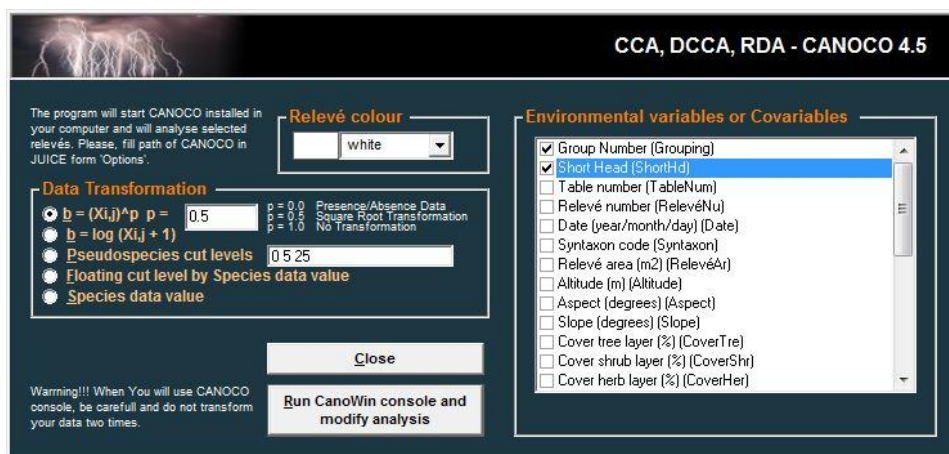


Obr. 3: Nastavení analýzy hlavních komponent (PCA) v programu JUICE.

Výsledný graf můžete opět upravit až v programu CanoDraw 4.0, kam vás automaticky přepne tlačítko ‚Analyse and run CanoDraw‘.

1.1.1.4 Analýza redudance (RDA), kanonická korenspondenční analýza (CCA), detrendovaná korespondenční analýza (DCCA)

Při vybrání menu přímé gradientové analýzy (CCA, DCCA, RDA analysis) se otevře následující okno, kde můžete vybrat snímky, způsob transformace dat a podmínky prostředí do analýzy:



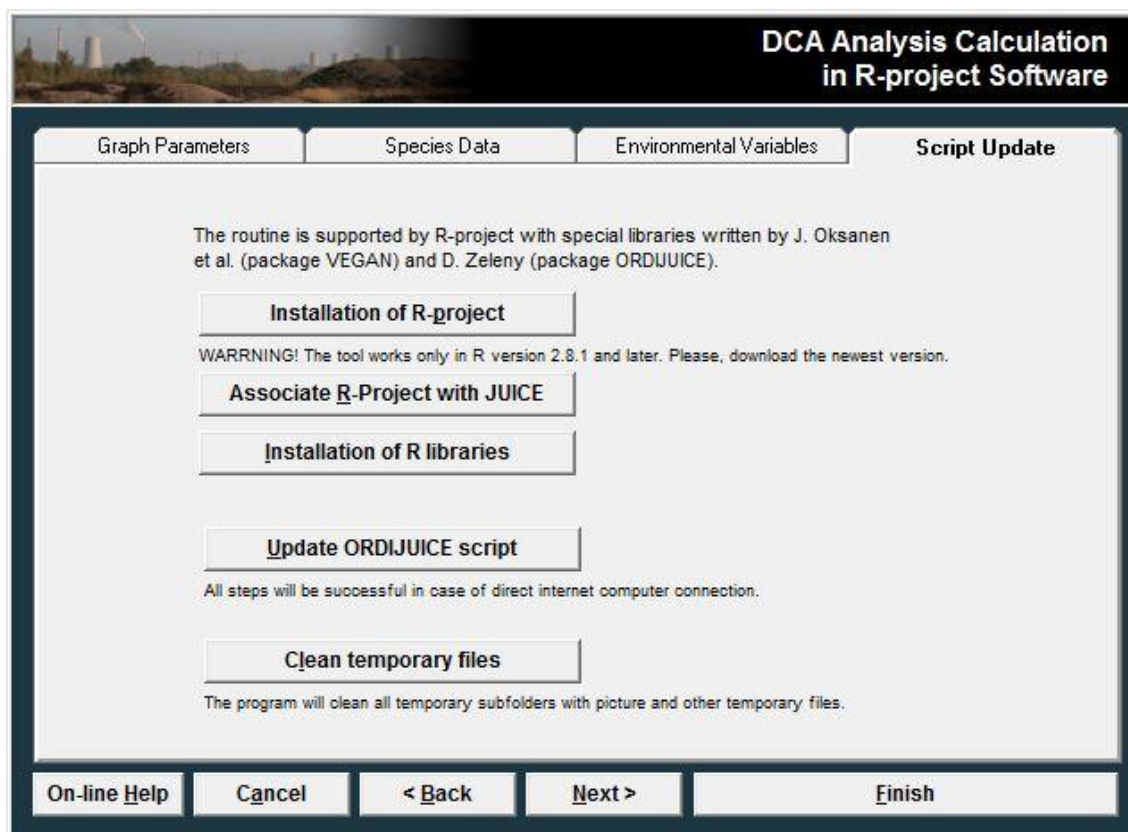
Obr. 4: Nastavení vstupních dat pro přímou gradientovou analýzu.

Tlačítko „Run CanoWin console and modify analysis“ nás přepne do programu CANOCO. Veškeré další zpracování dat a následné vybrané analýzy proběhnou již v programu CANOCO. Dávejte pozor, aby v programu CANOCO nebyly data transformovány podruhé.

1.1.2 Ordinace v programu R-project

V programu JUICE společně s programem R-project můžeme vytvořit dvou a tří dimenzionální zobrazení ordinačních diagramů, a to pro DCA, PCA a nemetrické mnohorozměrné škálování (NMDS). Tato funkce vám umožní velmi rychlé prohlédnutí dat a export grafů pro snadné využití v prezentacích a publikacích. Postup a videonávody najdeme také na internetových stránkách <http://www.sci.muni.cz/botany/zeleny/details-ord.php> (www1).

V první řadě je potřeba nainstalovat si program R-project s knihovnou VEGAN (Okasen et. al. 2010) a ORDIJUICE (www1). Vše potřebné k instalaci programu najdete v okně, při otevření libovolné funkce v menu „Ordinations“ a „R-project“. Jedná se o čtvrtou záložku v nastavení ordinačních analýz pro program R-project.



Obr. 5: Okno s instalací programu R-project v programu JUICE

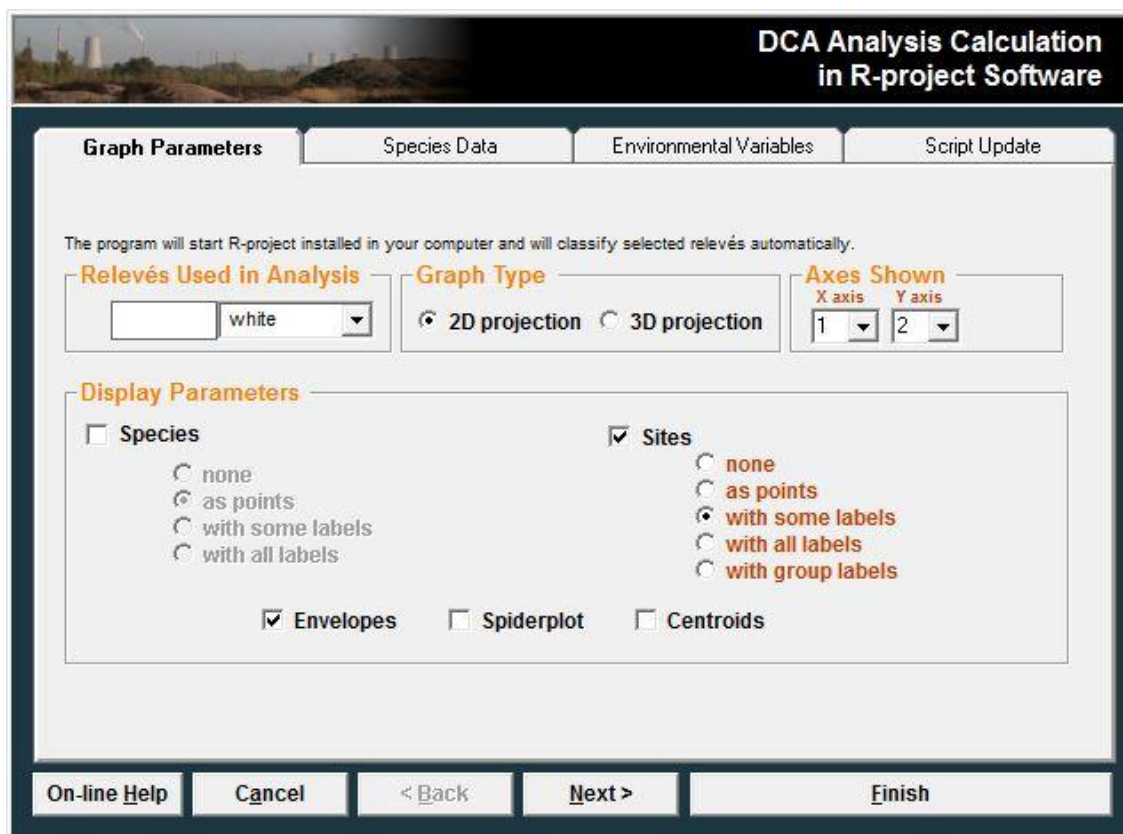
Tlačítko „Installation of R-project“ automaticky spustí stažení a instalaci aktuální verze programu R z internetu do vašeho počítače. Tlačítko „Associate R-project with Juice“ otevře okno vlastností s nastavením cesty k externím programům, které využívá JUICE. Zde nastavíme cestu k souboru, kde je nainstalovaný program R-project. Potřebné knihovny se automaticky nainstalují při stisknutí tlačítka „Installation of R libraries“. Při využití všech těchto funkcí by měl být program JUICE nachystán pro ordinační analýzy pomocí programu R-project.

Pro následné aktualizace programu slouží funkce ‘Update ORDIJUICE script’.

Funkce „Clean temporary files“ vymaže všechny adresáře a soubory s grafy z ordinačních analýz, které se ukládají do složky „bin“ v adresáři programu R-project.

1.1.2.1 Dentrendovaná korenspondenční analýza (DCA) v programu R

Při vybrání „DCA Analysis“ se nám otevře následující okno:



Obr. 6: Nastavení parametrů pro DCA

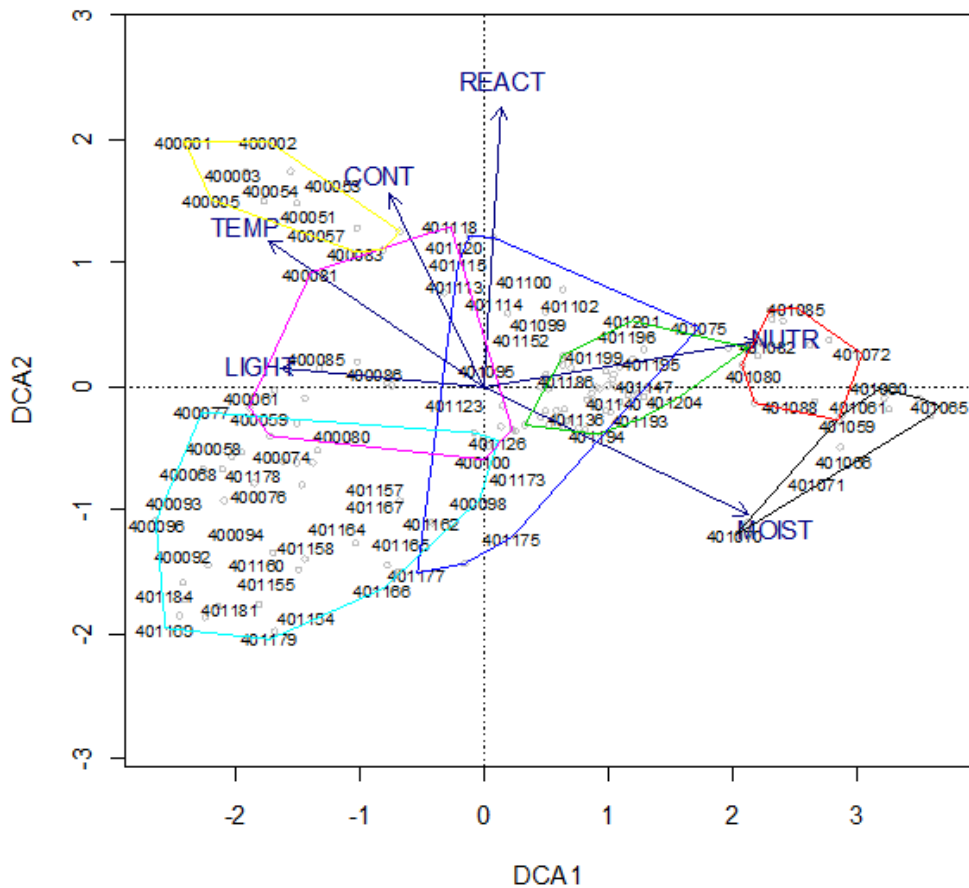
Okno má celkem čtyři záložky, kde se dá měnit nastavení. Na první záložce je nastavení parametrů výsledného grafu. Nejprve vybereme snímky podle barvy, které půjdou dále do analýzy. Typ grafu určuje zobrazení grafu dvourozměrné (*2D projection*) nebo třírozměrné (*3D projection*). Dále zvolíme, které z os budou zobrazeny.

Ve spodní části okna vybereme, zda v grafu chceme zobrazit druhy nebo jednotlivé snímky a způsob zobrazení těchto bodů v grafu (bez popisků, jako body, s popisky, či s popisky skupin). Jednotlivé skupiny mohou být v grafu zobrazeny třemi způsoby (*Envelopes* - obálky, *Spiderplot* – spojnice mezi body a jejich středem a *Centroids* - centroidy).

Druhá záložka „Species data“ obsahuje výběr možných transformací dat pro následující ordinační analýzu.

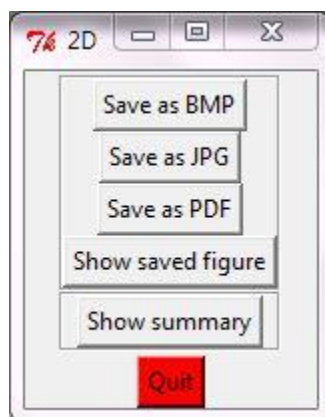
Na třetí záložce v levé části okna volíme kvantitativní proměnné prostředí, které chceme zahrnout do analýzy. V pravé části je výběr pro kategoriální (kvalitativní) proměnné prostředí. Do grafu můžeme jako kvantitativní environmentální proměnné prostředí (vybírané v tabulce vlevo) zobrazit např. Ellenbergovy indikační hodnoty. Tuto funkci musíme mít nachystánu již před ordinační analýzou (Ellenbergovy indikační hodnoty musí být iniciovány - v menu „Indicator vaues“ podmenu „Initiation“). Jako faktory prostředí můžeme použít také hodnoty, které máme uloženy v krátkých hlavičkách. I pro krátké hlavičky zvolíme, zda jsou data v nich kvantitativní (*Vectors*) nebo kategoriální (*Surface*). Po stlačení tlačítka „Finish“ proběhne analýza, přepne se do programu R a zobrazí se výsledný graf z analýzy.

Základní nastavení DCA je v programu JUICE: detrendování po segmentech, bez standardizace a centrování.



Obr. 6: Výsledný graf DCA z programu R-project. V grafu využita funkce *Envelopes* (zobrazení obálky pro každou skupinu) a pasivně promítnuty Ellenbergovy indikační hodnoty.

Společně s grafem se zobrazí okno, kde můžeme zvolit uložení grafu ve třech formátech (.BMP, .JPG a .PDF). Uložené grafy najdeme ve složce „bin“ programu R v „Program Files“ (či v místě počítače, kde program máme nainstalovaný). Tlačítko „Show summary“ zobrazí výsledky analýzy (délku gradientu, *eigenvalues*, skóre snímků a druhů na osách).



Obr. 7: Okno pro možnosti uložení grafu a zobrazení výsledků analýzy

Druhý způsob, jak uložit či exportovat graf, je přímo v okně zobrazujícím graf v R-projectu. V horní liště v záložce „File“ je funkce „Save As“, kde je na výběr velké množství formátů (*metafile*, *postskript*, .pdf, .png, .bmp, tiff, .jpg). Další funkce je „Copy to clipboard“ ve dvou různých formátech (*bitmap* a *metafile*). Pomocí této funkce může graf zkopírovat do libovolného programu a dále s ním pracovat.

Pozn.: Zkopírujete-li si například do programu Powerpoint graf ve formátu metafile, můžete dále upravovat popisky a grafiku podle vašich představ.

1.1.2.2 Analýza hlavních komponent (PCA) v programu R

Možnosti nastavení analýzy hlavních komponent (PCA) v programu JUICE jsou stejné jako ve výše popsané kapitole o detrendované korespondenční analýze (kapitola 1.1.2.1). Výchozí nastavení využíváno v programu JUICE je bez standardizace a centrování dat. Výsledky z analýzy dostaneme opět ve stejné podobě jako u DCA.

1.1.2.3 Nemetrické mnohorozměrné škálování (NMDS) v programu R

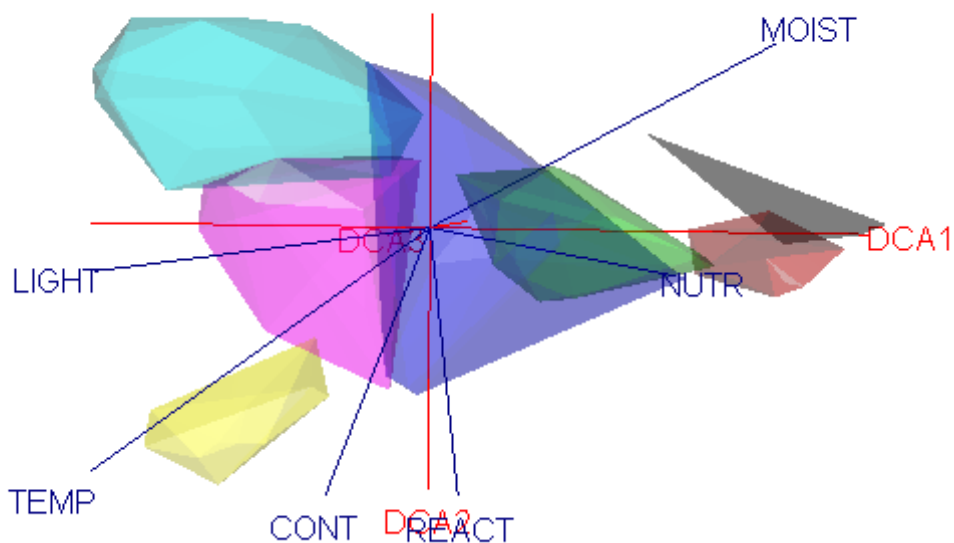
Jedná se o nemetrickou metodu ordinační analýzy. Tato metoda analyzuje matice odlišnosti mezi vzorky a pokouší se najít nastavení těchto vzorků v k-dimenzionálním ordinačním prostoru, tak aby vzdálenost mezi vzorky odpovídala největší míře nepodobnosti mezi vzorky. V poslední době je velmi oblíbenou metodou projekce ekologických dat, protože netrpí nešvary jiných ordinačních metod. Je však časově náročnější, a to zejména při zobrazování větších datových souborů.

Výchozí nastavení NMDS v programu JUICE: míra nepodobnosti - Bray-Curtis, k = dva rozměry, procedura není náhodně opakována a nastavení měřítka a orientace hlavních os proběhne pomocí PCA.

Nastavení analýzy v programu JUICE je opět podobné jako u DCA (kapitola 1.1.2.1).

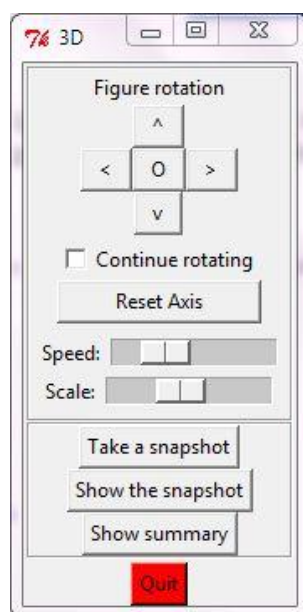
1.1.2.4 Trojrozměrný graf ordinačních analýz

Pomocí programu R-project si můžeme nechat zobrazit výsledný graf v trojrozměrné podobě pro lepší orientaci v rozložení výsledků v prostoru. Na první záložce nastavení jakékoliv výše popsané analýzy zatrhneme typ grafu „3D projection“ a zvolíte si, které osy mají být zobrazeny.



Obr. 8: Graf DCA s pasivně proloženými Ellenberovými indikačními hodnotami v trojrozměrném zobrazení a zobrazení obálek kolem ploch klasifikovaných do stejného klastru.

Jakmile proběhne analýza, zobrazí se okno programu R-project s výsledným grafem. Společně s ním se otevře menší okno s menu, které nám umožní grafem otáčet, manuálně i automaticky a nastavit si velikost zobrazení. Jakmile máme graf zobrazen v úhlu, který nám vyhovuje, stiskem tlačítka „Take a snapshot“ uložíme obrázek (formát .png) do složky, kde máme nainstalován program R-project. Obrázek si můžeme okamžitě zobrazit, použijeme-li tlačítka „Show the snapshot“, které otevře složku s uloženými grafy. Chceme-li výsledky analýzy jako jsou *eigenvalues* a skóre snímků nebo druhů na osách stiskneme „show summary“.



Obr. 9: Okno s menu pro možnosti otáčení grafu v trojrozměrném zobrazení, uložení obrázků a zobrazení výsledků analýzy.

1.2 Literatura

1.2.1 Zdroje

ter Braak C. J. F. & Šmilauer P. (2002): CANOCO reference manual and CanoDraw for Windows user's guide. Software for Canonical Community Ordination (version 4.5.). – Biometris, Wageningen & České Budějovice.

Okasen J., Kindt R., Legendre P. and O'Hara B. (2011): vegan: Community Ecology Package. URL <http://CRAN.R-project.org/package=vegan>. R package version 2.0-0.

Tichy, L. (2002): JUICE, software for vegetation classification. J. Veg. Sci. 13: 451-453.

1.2.2 Internetové Zdroje

www1: Zelený D.: <http://www.sci.muni.cz/botany/zeleny/ordination.php>. Srpen 2011. Stránky věnované ordinačním analýzám v programu Juice v kombinaci R-projektem, najdete zde videonávody pro práci s touto funkcí, návod k instalaci a fórum pro možné dotazy.