

Consultations statistiques avec le logiciel 

Comment obtenir les représentations unidimensionnelles dans une analyse RLQ

Résumé

Les fonction **sco.quant**, **sco.boxplot**, et **sco.distri** permettent de visualiser la relation entre un score numérique et un paquet de variables, respectivement quantitatives, qualitatives ou distributionnelles. La fonction `table.cont` permet d'illustrer le lien entre deux scores par une distribution bivariée. On illustre ces fonctions dans les illustrations de la méthode RLQ pour répondre à la question de Andres Mellado Diaz. Les données de Ribera, I., S. Dolédec, I. S. Downie, and G. N. Foster. 2001. Effect of land disturbance and stress on species traits of ground beetle assemblages. *Ecology* **82**:1112-1129 sont utilisées à partir des archives de l'ESA.

Plan

1.	La question	2
2.	Lire les données	2
2.1.	Le tableau R (sites-variables)	2
2.2.	Le tableau Q (espèces-traits)	3
2.3.	Le tableau L (sites-espèces)	5
3.	Analyse de L.....	6
4.	ACP de R	7
5.	Analyses de Q	8
6.	RLQ sur traits quantitatifs	9
7.	RLQ sur Traits qualitatifs	14

1. La question

La question est posée par Andres Mellado Diaz :

Could you please help me on how to perform ordinations of sites, species, traits and environmental variables on a single RLQ axis. I have seen some works where these graphs are shown (ej. Ribera et al. 2001 Ecology) but they utilized ADE-4. I would like to know if I can make the same graphs using R {ADE-4}

On peut essayer de répondre :

<http://www.esapubs.org/archive/ecol/E082/012/default.htm>

Ignacio Ribera, Sylvain Dolédec, Iain S. Downie, and Garth N. Foster. 2001. Effect of land disturbance and stress on species traits of ground beetle assemblages. *Ecology* 82:1112-1129.

Appendices

Appendix A - Table R: Environmental characteristics of the sites included in the study, with the land use, National UK Grid Square (1 x 1 km), name of the area, and sampling year.
Ecological Archives E082-012-A1.

Appendix B - Table L: Species composition of the ground-beetle assemblages of the sites studied.
Ecological Archives E082-012-A2.

Appendix C - Table Q: Species morphological and life trait characteristics.
Ecological Archives E082-012-A3.

Literature cited in the appendices.
Ecological Archives E082-012-A4.

[Copyright](#)

2. Lire les données

2.1. Le tableau R (sites-variables)

On peut importer dans Excel :

Ecological Archives E082-012-A1

Ignacio Ribera, Sylvain Dolédec, Iain S. Downie, and Garth N. Foster. 2001. Effect of land disturbance and stress on species traits of ground beetle assemblages. *Ecology* 82:1112-1129.

Table R (Appendix A): Environmental characteristics of the sites included in the study, with the land use, National UK Grid Square (1 x 1 km), name of the area, and sampling year. See Fig. 1 for the location of the main sites.

No.	Code	Land use	Sampling year	Texture	Org	pH #		
1	igs21	grazing and silage	1996	6	8.7	5.8		
2	igs22	grazing and silage	1996	6	11.3	6.0		
3	leg11	extensive grass	1997	4	20.3	4.5		
4	leg12	extensive grass	1997	4	16.5	5.3		
5	leg13	extensive grass	1997	5.5	15.0	4.9		
6	leg14	extensive grass	1997	2	22.2	4.4		
7	yh71	young heather	1996	1	66.4	3.8		
8	oh72	old heather	1996	1	62.7	3.8		
9	bh73	burnt heather	1996	2	30.0	3.9		
10	gr11	grass	1997	5	14.6	5.6		
11	gr12	grass	1997	4	10.7	5.3		
12	ep13	spring barley	1997	4	7.0	6.3		
13	hw14	winter wheat	NY0485	À e	1997	5	7.8	6.6
14	gr15	grass	NY0486	À e	1997	4	7.5	5.8
15	ee16	set aside-grass	NY0385	À e	1997	4	6.8	7.1
16	fd17	fodder beet	NY0385	À e	1997	4	8.9	5.9

Enlever les blancs et les caractères spéciaux dans les noms de variables et isoler ce qui est l'information à traiter :

	J	K	L	M	N	O	P	Q
ihyte	Plants.m2	Ca.height	Stem.d	Biom.05	Biom.5plu	Repro.biom	Elevation	Managem
0	200.22	18.89	85.11	6.55	6.51	0.3	55	
0	9	9.22	47.22	4.28	0.73	0.02	55	
1.78	289.67	16.6	155.44	9.5	4.49	0.24	220	
4	187.33	13.49	147.44	7.6	0.79	0.79	730	

```
R=read.table("R.txt",h=T)
```

```
names(R)
```

```
[1] "Texture"      "Org"          "pH"           "Avail.P"      "Avail.K"
[6] "Moist"        "Bare"         "Litter"       "Bryophyte"   "Plants.m2"
[11] "Ca.height"    "Stem.d"       "Biom.05"      "Biom.5plus"  "Repro.biom"
[16] "Elevation"    "Management"
```

```
R[,c(2,4,8)]=log(R[,c(2,4,8)])
```

```
R[,c(14,15)]=log(R[,c(14,15)]+1)
```

```
R[,c(7,9)]=asin(sqrt(R[,c(7,9)]/100))
```

Pour conserver les noms :

```
scan("labelsite.txt",character())
```

```
Read 87 items
```

```
[1] "gs21" "gs22" "eg11" "eg12" "eg13" "eg14" "yh71" "oh72" "bh73" "gr11"
[11] "gr12" "sp13" "ww14" "gr15" "se16" "fd17" "he61" "gr62" "he63" "gr64"
[21] "gg65" "yc51" "oc52" "wh51" "ug51" "dg52" "ig53" "ug54" "dg55" "uh51"
[31] "ug51" "bg52" "dg53" "gz51" "si52" "wt53" "wg54" "wb61" "gr62" "wb31"
[41] "ww32" "so33" "wr34" "gz81" "sp82" "se83" "re84" "ww85" "wb86" "wo87"
[51] "sp41" "ww42" "wb41" "wb42" "sp41" "so42" "so43" "oc41" "gh41" "go41"
[61] "wh41" "dh42" "ha91" "fr9A" "gz92" "re93" "we94" "re95" "ro96" "he97"
[71] "tu98" "fr99" "si41" "gz42" "gz43" "gz44" "gz41" "gz42" "gz41" "gz42"
[81] "gz41" "gz42" "se41" "se42" "gr61" "sp62" "so63"
```

```
row.names(R)=scan("labelsite.txt",character())
```

```
Read 87 items
```

```
Error in "row.names<-data.frame"(`*tmp*`, value = scan("labelsite.txt", :
duplicate row.names are not allowed
```

```
table(scan("labelsite.txt",character()))
```

```
Read 87 items
```

```
bg52 bh73 dg52 dg53 dg55 dh42 eg11 eg12 eg13 eg14 fd17 fr99 fr9A gg65 gh41 go41
  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1
gr11 gr12 gr15 gr61 gr62 gr64 gs21 gs22 gz41 gz42 gz43 gz44 gz51 gz81 gz92 ha91
  1  1  1  1  2  1  1  1  3  4  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1
he61 he63 he97 ig53 oc41 oc52 oh72 re84 re93 re95 ro96 se16 se41 se42 se83 si41
  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1
si52 so33 so42 so43 so63 sp13 sp41 sp62 sp82 tu98 ug51 ug54 uh51 wb31 wb41 wb42
  1  1  1  1  1  1  2  1  1  1  2  1  1  1  1  1  1  1  1  1
wb61 wb86 we94 wg54 wh41 wh51 wo87 wr34 wt53 ww14 ww32 ww42 ww85 yc51 yh71
  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1  1
```

```
which(scan("labelsite.txt",character())=="gz42")
```

```
Read 87 items
```

```
[1] 74 78 80 82
```

Domage, le code n'est pas unique, on conservera les numéros d'ordre.

```
row.names(R)=paste("S",1:87,sep="")
```

2.2. Le tableau Q (espèces-traits)

Adresse <http://www.esapubs.org/archive/ecol/E082/012/appendix-C.htm>

Ecological Archives E082-012-A3

Ignacio Ribera, Sylvain Dolédec, Iain S. Downie, and Garth N. Foster. 2001. Effect of land disturbance and stress on beetle assemblages. *Ecology* 82:1112-1129.

Table Q (Appendix C): Species morphological and life trait characteristics common use in UK are given in brackets). Codes of the species residuals of the log10 transformed regression with LTL (logarithm of Luff (1978), Jones (1979), Hengeveld (1980), Houston (1981), I (1987), Brandmayr (1990), Den Boer and Den Boer-Daanje (1995) (1996), Luff (1998), and Martin Luff (*personal communication*).

SPECIES
1 <i>Agonum fuliginosum</i> (Panzer, 1809)
2 <i>Agonum muelleri</i> (Herbst, 1784)
3 <i>Amara aenea</i> (De Geer, 1794)
4 <i>Amara apricaria</i> (Paykull, 1790)
5 <i>Curtonotus aulicus</i> (Panzer, 1797) (= <i>Amara aulica</i>)
6 <i>Amara bifrons</i> (Gyllenhal, 1810)
7 <i>Amara communis</i> (Panzer, 1797)
8 <i>Amara eurynota</i> (Panzer, 1797)
9 <i>Amara familiaris</i> (Duftschmid, 1812)
10 <i>Amara lucicollis</i> Schiödte, 1837
11 <i>Amara plebeja</i> (Gyllenhal, 1810)
12 <i>Anchasmus dorsalis</i> (Pentacostus, 1762) (= <i>Agonum dorsale</i>)

Page précédente
Page suivante
Enregistrer l'arrière-plan sous...
Établir en tant qu'élément d'arrière-plan
Copier l'arrière-plan
Définir comme élément du Bureau...
Sélectionner tout
Coller
Créer un raccourci
Ajouter aux Favoris...
Afficher la source
Codage
Imprimer
Actualiser
Exporter vers Microsoft Excel
Propriétés

llows Kryzhanovskij et al. (1995) and Liu the codes of the variables. Values of ve ait data obtained from Lindroth (1945, 1 Desender and Pollet (1985), Pollet and (1990), Laroche (1990), Bauer and Kr there was no available published info

CODE	LYW	LA
agon fuli	-0.03	0.
agon muel	-0.02	0.
amar aene	-0.06	-0.
amar apri	-0.04	-0.
amar auli	0.00	-0.
amar bifo	-0.10	-0.
amar comm	-0.09	-0.
amar eury	-0.07	-0.
amar fami	-0.07	-0.
amar luni	-0.23	-0.
amar pleb	-0.02	-0.
anch dors	0.05	0.

Remplacer les " " par des "." dans les codes des espèces et les numéros par des chaînes de caractères pour les variables qualitatives :

A1	CODE	LYW	LAL	LPW	LPH	LEW	LFL	LTR	LRL	LFW	LTL	CLG	CLB	WIN	PRS	OVE	FOA	DAY	BRE	EME	ACT
1	agon.fuli	-0.03	0.1	-0.03	0	0.01	0.05	0.05	0.06	0.01	1.82	m2	m2	m2	m1	m1	m2	m2	m1	m3	m1
2	agon.muel	-0.02	0.07	-0.02	-0.01	0.02	0.02	0.03	0.01	0.04	1.92	m2	m3	m3	m1	m1	m2	m2	m1	m2	m2
3	amar.aene	-0.06	-0.14	0.1	0.03	0.04	-0.06	0.05	-0.04	0.05	1.9	m1	m3	m3	m3	m1	m3	m1	m1	m2	m2
4	amar.apri	-0.04	-0.11	0.06	0.01	0.02	-0.09	-0.01	-0.1	0.06	1.94	m1	m1	m3	m3	m2	m3	m2	m3	m2	m2
5	amar.auli	0	-0.07	0.06	0.03	0.01	-0.04	0.05	-0.03	0.09	2.13	m1	m1	m3	m3	m2	m3	m2	m3	m2	m2
6	amar.bifo	-0.1	-0.06	0.08	0.02	0.02	-0.06	0.03	-0.06	0.08	1.85	m1	m1	m3	m3	m2	m3	m2	m3	m2	m2
7	amar.comm	-0.09	-0.09	0.13	0.03	0.03	-0.07	0.01	-0.07	0.03	1.91	m2	m2	m3	m3	m2	m3	m1	m1	m2	m1
8	amar.eury	-0.07	-0.13	0.13	0.03	0.06	-0.04	0.05	-0.01	0.07	2.06	m1	m3	m3	m3	m2	m3	m1	m3	m2	m1
9	amar.fami	-0.07	-0.09	0.1	0.02	0.03	-0.06	0.02	-0.07	0.04	1.87	m1	m2	m3	m3	m1	m3	m1	m1	m2	m1
10	amar.luni	-0.23	-0.1	0.11	0.01	0.02	-0.07	0	-0.06	0.02	1.95	m2	m2	m3	m3	m1	m3	m1	m1	m2	m2
11	amar.pleb	-0.02	-0.08	0.08	0.02	0.02	-0.03	0	-0.02	0.02	1.9	m1	m3	m3	m3	m1	m3	m1	m1	m2	m2
12	anch.dors	0.05	0.16	-0.1	-0.02	0.01	0.08	0.01	0.13	-0.03	1.86	m3	m1	m3	m2	m1	m2	m2	m1	m2	m2
13	asap.flav	0.3	0.01	-0.07	0.03	-0.01	0.35	0.02	0.08	-0.02	1.69	m1	m3	m3	m2	m1	m1	m1	m1	m2	m2
14	bemb.aene	0.04	0.06	0	-0.01	0.03	0.02	0.04	0.02	0	1.66	m2	m2	m2	m1	m2	m2	m2	m1	m2	m1
15	bemb.brux	-0.02	0.06	-0.05	-0.03	0.01	0.02	0	0	-0.04	1.71	m1	m1	m3	m2	m1	m2	m1	m1	m2	m1
16	bemb.gutt	0.03	0.06	0	0.01	0.01	0.33	0.04	0.03	-0.02	1.56	m1	m2	m2	m1	m1	m2	m2	m1	m2	m1
17	bemb.lamp	0.19	0.04	-0.01	0.02	0	0.32	0.03	0.05	-0.01	1.6	m1	m2	m2	m2	m1	m1	m1	m1	m2	m1
18	bemb.mann	0.07	0.07	0.04	0.03	0.02	0.35	0.05	0.02	0.04	1.53	m1	m2	m1	m1	m1	m2	m2	m1	m2	m1
19	bemb.obtu	-0.02	0.04	0.02	0.01	0.01	0.32	0.02	0.04	0.01	1.51	m1	m1	m2	m1	m1	m2	m2	m3	m2	m1
20	bemb.tetr	-0.02	0.07	-0.05	-0.02	0.01	0.04	0.03	0.01	0.02	1.76	m1	m1	m2	m2	m1	m2	m2	m1	m2	m1
21	brad.harp	-0.04	-0.06	-0.02	-0.02	0.02	-0.35	-0.03	-0.12	-0.06	1.69	m1	m1	m2	m1	m2	m3	m2	m3	m2	m2

```
Q=read.table("Q.txt",h=T,r=1)
```

```
dim(Q)
```

```
[1] 68 20
```

```
names(Q)
```

```
[1] "LYW" "LAL" "LPW" "LPH" "LEW" "LFL" "LTR" "LRL" "LFW" "LTL" "CLG" "CLB"
[13] "WIN" "PRS" "OVE" "FOA" "DAY" "BRE" "EME" "ACT"
```

```
row.names(Q)
```

```
[1] "agon.fuli" "agon.muel" "amar.aene" "amar.apri" "amar.auli" "amar.bifo"
[7] "amar.comm" "amar.eury" "amar.fami" "amar.luni" "amar.pleb" "anch.dors"
[13] "asap.flav" "bemb.aene" "bemb.brux" "bemb.gutt" "bemb.lamp" "bemb.mann"
[19] "bemb.obtu" "bemb.tetr" "brad.harp" "brad.rufi" "cala.fusc" "cala.mela"
[25] "cara.micr" "cara.arve" "cara.glab" "cara.gran" "cara.nemo" "cara.nite"
[31] "cara.prob" "cara.viol" "cliv.foss" "cych.cara" "dysc.glob" "elap.cupr"
[37] "elap.ulig" "harp.affi" "harp.latu" "harp.rufi" "leis.term" "lori.pili"
[43] "nebr.brev" "nebr.sali" "noti.aqua" "noti.bigu" "noti.germ" "noti.palu"
[49] "noti.subs" "olis.rotu" "patr.assi" "patr.atro" "poec.vers" "pter.adst"
[55] "pter.dili" "pter.madi" "pter.mela" "pter.nige" "pter.nigr" "pter.rhae"
[61] "pter.stre" "pter.vern" "stom.pumi" "synu.viva" "trec.micr" "trec.obtu"
[67] "trec.quad" "trec.rube"
```

2.3. Le tableau L (sites-espèces)

Adresse <http://www.esapubs.org/archive/ecol/E082/012/appendix-B.htm>

Ecological Archives E082-012-A2

Ignacio Ribera, Sylvain Dolédec, Iain S. Downie, and Garth N. Foster. 2001. Effect of land disturbance and stress on spe beetle assemblages. *Ecology* 82:1122-1129.

Table L (Appendix B): Species composition of the ground beetle assemblages of the sites studied. The number of specimens of each species in each site, the codes of the species, and [Table R](#) for the codes of the sites. Numbers of species (S) and of specimens (N) are also given (excluding species occurring in Methods).

No	Code	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28
1	agon.fuli	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	86	1	0	0	0	0	
2	agon.muel	51	59	0	1	29	0	0	0	0	27	18	44	29	50	82	57	0	0	0	0	3	0	0	0	0	0	1	0
	amar																												

Enlever les deux dernières lignes qui donnent la richesse et l'abondance.

```
L=read.table("L.txt",)
```

```
dim(L)
```

```
[1] 68 87
```

```
L=as.data.frame(t(L))
```

```
dim(L)
```

```
[1] 87 68
```

```
names(L)=row.names(Q)
```

```
row.names(L)=row.names(R)
```

```
dim(R)
```

```
[1] 87 17
```

```
dim(L)
```

```
[1] 87 68
```

```
dim(Q)
```

```
[1] 68 20
```

Donc, au total :

```
dim(R)
```

```
[1] 87 17
```

```
R[1,]
```

```
Texture   Org   pH Avail.P Avail.K Moist   Bare Litter Bryophyte Plants.m2
S1        6 2.163 5.8   2.833   292 31.7 0.006633 1.466         0   200.2
Ca.height Stem.d Biom.05 Biom.5plus Repro.biom Elevation Management
S1       18.89 85.11   6.55   2.016   0.2624         55         15
```

```
dim(L)
```

```
[1] 87 68
```

```
L[1,]
```

```
agon.fuli agon.muel amar.aene amar.apri amar.auli amar.bifo amar.comm
S1        0          51          25          0          0          0          1
amar.eury amar.fami amar.luni amar.pleb anch.dors asap.flav bemb.aene
...
S1        0          0          0          0          0          0          1
pter.mela pter.nige pter.nigr pter.rhae pter.stre pter.vern stom.pumi
```

```

S1      367      5      0      0      24      0      0
  synu.viva trec.micr trec.obtu trec.quad trec.rube
S1      1      0      0      1      0

```

```
L[,1]
```

```

[1] 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 86 1 0 0
[26] 0 0 0 0 5 4 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
[51] 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
[76] 0 11 3 0 0 11 2 0 0 0 0 0

```

```
dim(Q)
```

```
[1] 68 20
```

```
Q[1,]
```

```

          LYW LAL  LPW LPH  LEW LFL  LTR  LRL  LFW  LTL CLG CLB WIN PRS OVE
agon.fuli -0.03 0.1 -0.03  0  0.01 0.05 0.05 0.06 0.01 1.82 m2 m2 m2 m1 m1
          FOA DAY BRE EME ACT
agon.fuli m2 m2 m1 m3 m1

```

3. Analyse de L

C'est nécessairement la première, car elle définit les pondérations marginales. Il est difficile de savoir sur quel tableau exactement est faite l'analyse des correspondances. Nous avons les 4 premières valeurs propres (0.49, 0.28, 0.20 et 0.15) dans le tableau 5 p. 1120.

Ce n'est pas le tableau en présence-absence :

```

L01=as.data.frame(1*(L>0))
dudi.coa(L01,scan=F)$eig[1:4]
[1] 0.4057 0.1947 0.1362 0.1161

```

Ce n'est pas le tableau brut :

```

dudi.coa(L,scan=F)$eig[1:4]
[1] 0.7062 0.5991 0.5600 0.4954

```

C'est le tableau en Log(x+1) :

```

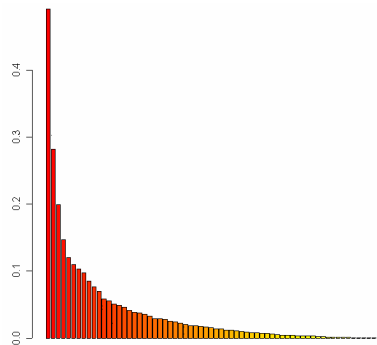
Llog=log(L+1)
dudi.coa(Llog,scan=F)$eig[1:4]
[1] 0.4905 0.2814 0.1995 0.1468

```

```

lcoa=dudi.coa(Llog)
Select the number of axes: 4

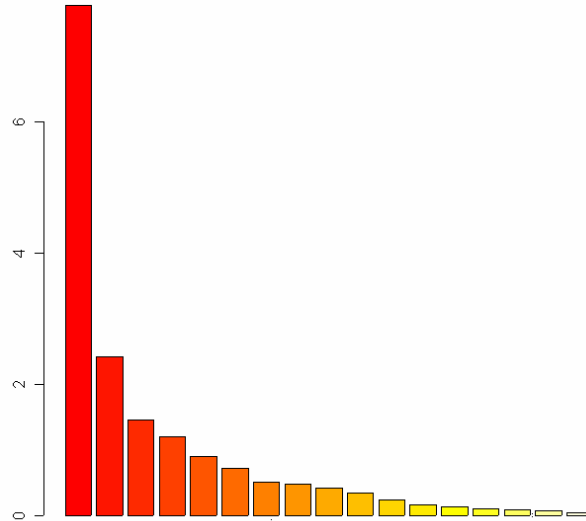
```



4. ACP de R

```
Rpca=dudi.pca(R, row.w=Lcoa$lw)
```

```
Select the number of axes: 2
```



```
Rpca$eig[1:2]
```

```
[1] 7.776 2.422
```

```
Rpca$eig[1:2]/sum(Rpca$eig)
```

```
[1] 0.4574 0.1425
```

```
round(Rpca$co, dig=2)
```

	Comp1	Comp2
Texture	-0.36	0.28
Org	0.82	-0.34
pH	-0.79	0.39
Avail.P	-0.80	0.12
Avail.K	-0.02	0.27
Moist	0.80	-0.44
Bare	-0.82	-0.32
Litter	-0.36	-0.40
Bryophyte	0.66	-0.48
Plants.m2	-0.36	-0.12
Ca.height	-0.66	-0.54
Stem.d	0.61	0.52
Biom.05	0.78	-0.09
Biom.5plus	-0.57	-0.67
Repro.biom	-0.80	-0.41
Elevation	0.70	-0.33
Management	-0.92	0.09

On retrouve des résultats très voisins du tableau 6 (p.1120) mais pas exactement identiques. Cela vient des imprécisions dans les changements de variables. Sont mentionnés *log₁₀ transformed* pour les variables 14 et 15 qui ont des valeurs nulles (on ne sait pas ce qui a été fait exactement) et *arcsine transformed* pour les variables 7 et 9, mais il y a plusieurs variantes de cette transformation.

Comme on cherche à reproduire les graphiques, ces imprécisions sont sans conséquences. Le tableau L est clairement de dimension 2. Le facteur 1 est de signe inverse mais ceci est purement aléatoire.

5. Analyses de Q

Pour le tableau espèces-trait, la situation est plus confuse. Il y a deux types de variables :

```
unlist(lapply(Q,is.factor))
```

```
LYW  LAL  LPW  LPH  LEW  LFL  LTR  LRL  LFW  LTL  CLG  CLB  WIN
FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE TRUE  TRUE  TRUE
PRS  OVE  FOA  DAY  BRE  EME  ACT
TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE
```

Les auteurs ont opté pour deux analyses différentes. On sépare en deux tableaux :

```
Qquant=Q[,!unlist(lapply(Q,is.factor))]
```

```
Qqual=Q[,unlist(lapply(Q,is.factor))]
```

Une nouvelle difficulté intervient. Les auteurs disent *"Only the residuals of the regression with LTL, plus LTL, were used in the analysis of the quantitative variables"*. C'est curieux de faire une ACP avec une variable orthogonale aux autres, d'autant plus que la pondération de l'ACP est celle du tableau L. On ne sait pas si la pondération a été introduite dans les régressions et dans l'ACP ou simplement dans l'ACP après régressions standard (ce qui est peu rigoureux).

```
dim(Qquant)
```

```
[1] 68 10
```

```
w1=Qquant[,-10]
```

```
w1[1:5,]
```

```
      LYW  LAL  LPW  LPH  LEW  LFL  LTR  LRL  LFW
agon.fuli -0.03  0.10 -0.03  0.00  0.01  0.05  0.05  0.06  0.01
agon.muel -0.02  0.07 -0.02 -0.01  0.02  0.02  0.03  0.01  0.04
amar.aene -0.06 -0.14  0.10  0.03  0.04 -0.06  0.05 -0.04  0.05
amar.apri -0.04 -0.11  0.06  0.01  0.02 -0.09 -0.01 -0.10  0.06
amar.auli  0.00 -0.07  0.06  0.03  0.01 -0.04  0.05 -0.03  0.09
```

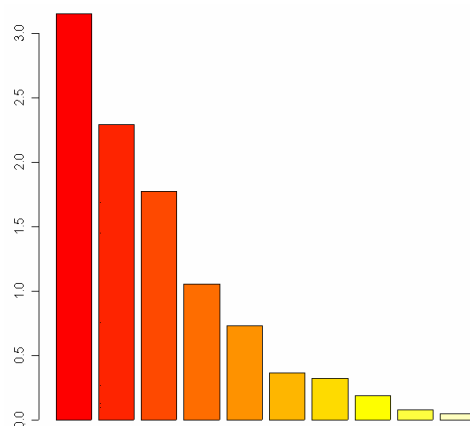
On suppose que le passage en log10 est déjà fait.

```
w2=as.data.frame(w1,function(x) residuals(lm(x~Qquant$LTL)))
```

```
w3=cbind.data.frame(w2,Qquant$LTL)
```

```
Qpca=dudi.pca(w3,Lcoa$cw)
```

```
Select the number of axes: 3
```



```
Qpca$eig
```

```
[1] 3.15308 2.29384 1.77310 1.05447 0.73199 0.36300 0.32184 0.18461 0.07942
[10] 0.04466
```

On est proche de 3.17, 2.25 et 1.80 affiché dans le tableau 7.

Qpca\$co

	Comp1	Comp2	Comp3
LYW	0.31790	-0.14368	-0.70221
LAL	0.87283	0.05687	0.34149
LPW	-0.35589	0.71060	-0.42254
LPH	-0.35479	0.45114	-0.67388
LEW	0.56360	0.60404	-0.21959
LFL	0.97278	0.04984	-0.07785
LTR	0.02695	0.69415	0.53810
LRL	0.86666	0.04678	-0.29714
LFW	-0.05099	0.84224	0.31109
Qquant.LTL	-0.13892	-0.02711	0.04265

C'est très voisin du tableau 7 et tous les signes des facteurs sont inversés. Dans ces questions difficiles, la reproductibilité des calculs n'est pas totale, à cause des détails mais suffisante pour que nous cherchions à refaire la figure 3 :

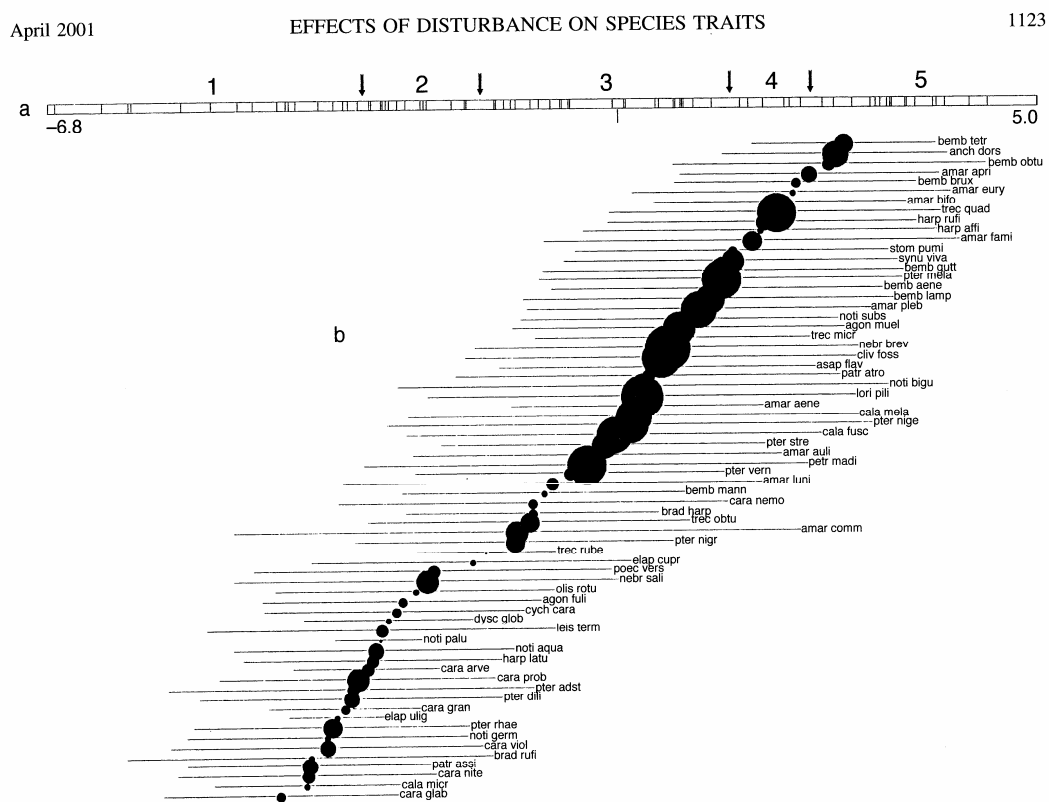
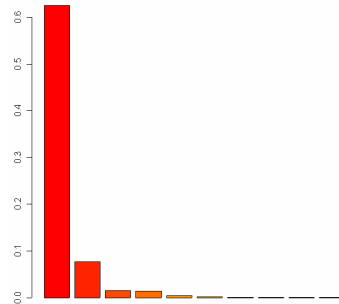


FIG. 3. First ordination axis of the RLQ analysis of the quantitative species traits: (a) scores of the sites (each vertical line stands for a site, and arrows separate main types of land use [1, upland or very wet grassland, heather, bare peat; 2, rough or wet grass, extensive pastures, gorse, coniferous forest, recently burnt heather; 3, grassland; 4, set aside and forage rape; 5, cultivated fields]); and (b) position of species at the average score of the sites in which they occur. The area of each circle is proportional to the frequency of the species; horizontal lines represent the standard deviation of these scores. See Table 4 for the species codes.

6. RLQ sur traits quantitatifs

$rlq1 = rlq(Rpca, Lcoa, Qpca)$

Select the number of axes: **2**



Il est logique de dépouiller le premier axe seul.

rlq1

```
RLQ analysis
call: rlq(dudiR = Rpca, dudiL = Lcoa, dudiQ = Qpca)
class: rlq dudi

$rank (rank)      : 10
$nf (axis saved) : 2
$RV (RV coeff)   : 0.01934

eigen values: 0.6254 0.07715 0.01485 0.01429 0.004164 ...

  vector length mode  content
1 $eig    10      numeric eigen values
2 $lw     17      numeric row weights (crossed array)
3 $cw     10      numeric col weights (crossed array)

  data.frame nrow ncol content
1 $stab     17   10  crossed array (CA)
2 $li       17   2    R col = CA row: coordinates
3 $l1       17   2    R col = CA row: normed scores
4 $co       10   2    Q col = CA column: coordinates
5 $c1       10   2    Q col = CA column: normed scores
6 $lR       87   2    row coordinates (R)
7 $mR       87   2    normed row scores (R)
8 $lQ       68   2    row coordinates (Q)
9 $mQ       68   2    normed row scores (Q)
10 $aR       2    2    axis onto rlq axis (R)
11 $aQ       3    2    axis onto rlq (Q)
```

Il y a plusieurs manières d'utiliser ces résultats. L'analyse donne des poids (**11**) aux variables environnementales, qui définissent un score (**1R**) des sites ou le même score normé (**mR**). Ecologiquement le plus simple est de décrire ce score par les variables avec :

```
sco.quant(rlq1$mR[,1],R) # figure 1
```

Noter que :

```
sum(rlq1$mR[,1]*Lcoa$lw)
[1] -9.552e-17
sum(rlq1$mR[,1]*rlq1$mR[,1]*Lcoa$lw)
[1] 1

round(rlq1$l1,dig=2)
      RS1  RS2
Texture  0.10 -0.01
Org      -0.26  0.15
pH       0.31 -0.22
Avail.P  0.32 -0.04
Avail.K  0.02 -0.31
Moist    -0.27  0.26
Bare     0.26  0.32
Litter   0.04  0.28
Bryophyte -0.31  0.26
Plants.m2 0.06 -0.29
```

Ca.height	0.20	0.18
Stem.d	-0.21	-0.50
Biom.05	-0.28	-0.12
Biom.5plus	0.17	0.26
Repro.biom	0.24	0.17
Elevation	-0.32	0.21
Management	0.37	0.02

Pratiquement, le tableau 10 p. 1122.

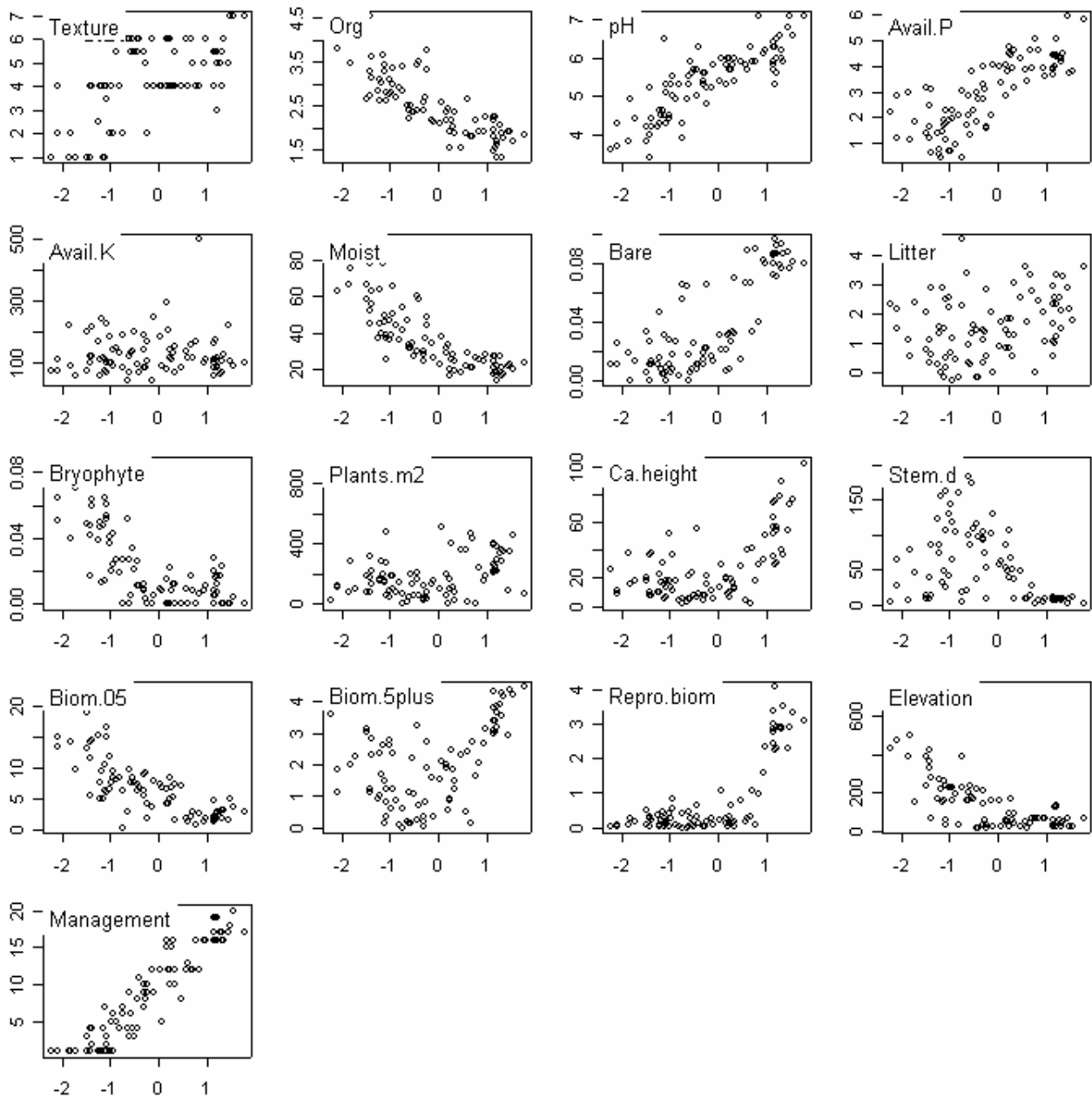


Figure 1 : définition de l'ordination des sites par les variables environnementales.

L'analyse donne des poids (**c1**) aux variables biologiques, qui définissent un score (**lQ**) ou le même score normé (**mQ**). Ecologiquement le plus simple est de décrire ce score par les variables avec :

```
sco.quant(rlq1$mQ[,1],w3,abline=T) # figure 2
```

```
round(rlq1$c1,dig=2)
```

	CS1	CS2
LYW	-0.10	0.24
LAL	0.16	0.30
LPW	-0.02	-0.64
LPH	-0.37	-0.25
LEW	0.36	0.03
LFL	0.06	0.51
LTR	0.32	-0.34
LRL	0.04	0.10
LFW	0.26	-0.02
Qquant.LTL	-0.72	0.08

Voisin, aux indéisions près, du tableau 11, p. 1122.

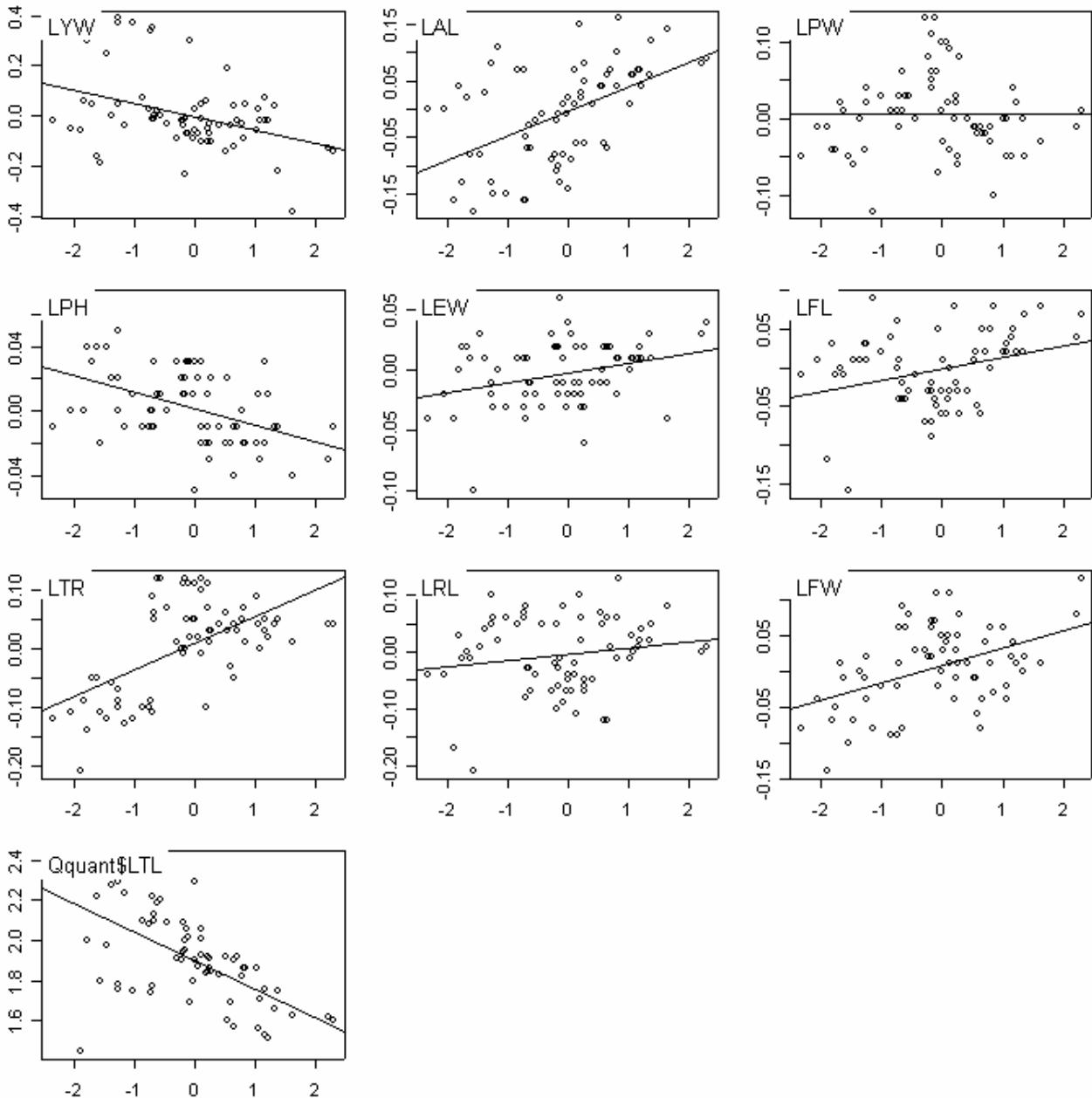


Figure 2 : définition de l'ordination des espèces par les variables biologiques.

Pratiquement seule la longueur totale est ici concernée et il aurait mieux valu laisser s'exprimer la taille puis la forme sans mélanger les deux de manière arbitraire.

Les deux scores sont liés par la table centrale. Mais cette analyse est décevante :

`summary(r1q1)`

```

Eigenvalues decomposition:
  eig covar sdR  sdQ  corr
1 0.62535 0.7908 2.750 1.210 0.2377
2 0.07715 0.2778 1.451 1.488 0.1287

Inertia & coinertia R:
  inertia  max ratio
1 7.563 7.776 0.9726
12 9.667 10.198 0.9479

Inertia & coinertia Q:
  inertia  max ratio
1 1.463 3.153 0.464
12 3.676 5.447 0.675

Correlation L:
  corr  max ratio
1 0.2377 0.7004 0.3394
2 0.1287 0.5305 0.2426

```

Le score des sites est celui de l'analyse des sites (0.97), le score des espèces est loin du premier axe des espèces (0.46) et la corrélation canonique est très loin de celle de l'AFC (0.34). C'est pourquoi la figure 3 n'est pas une figure de RLQ mais simplement l'ordination externe des espèces sur le principal axe de variations du milieu. On l'aura avec :

```
sco.distri(rlq1$mR[,1],Llog) # figure 3
```

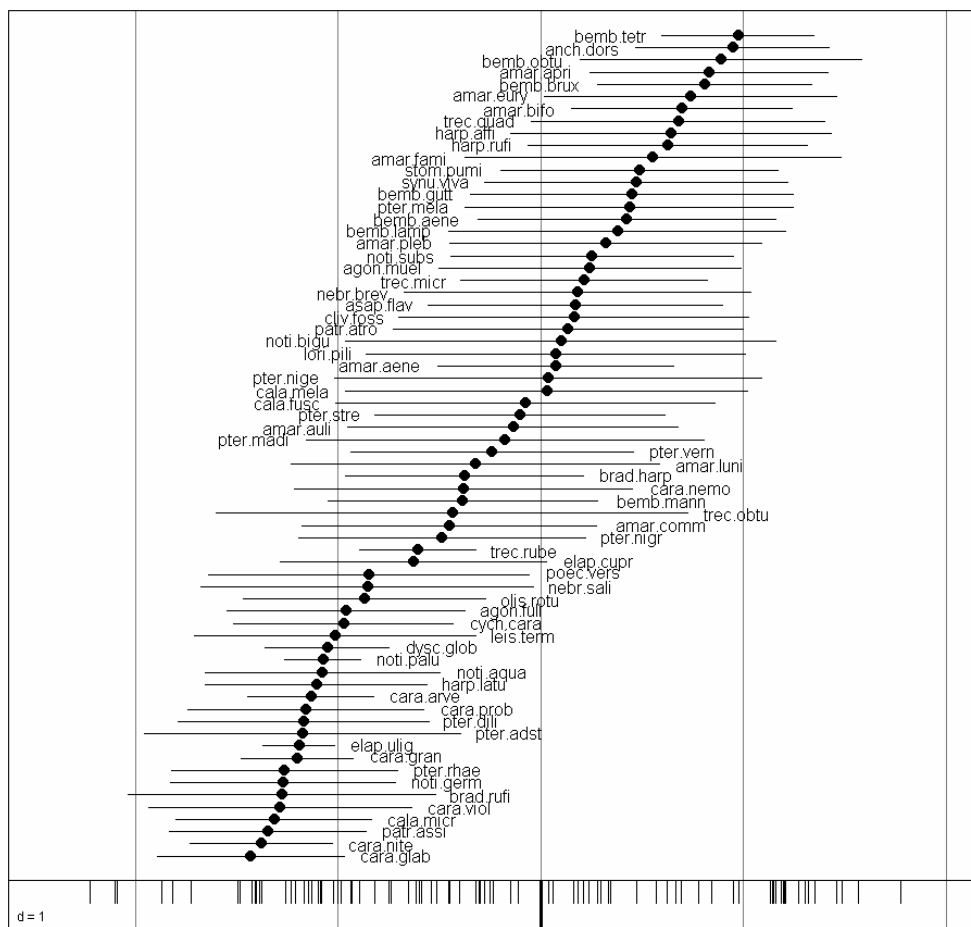


Figure 3 : score des sites, en bas, centré réduit, défini par les variables de milieu et position par moyenne et écart-type des espèces.

```
sco.distri(Rpca$11[,1],Llog)
```

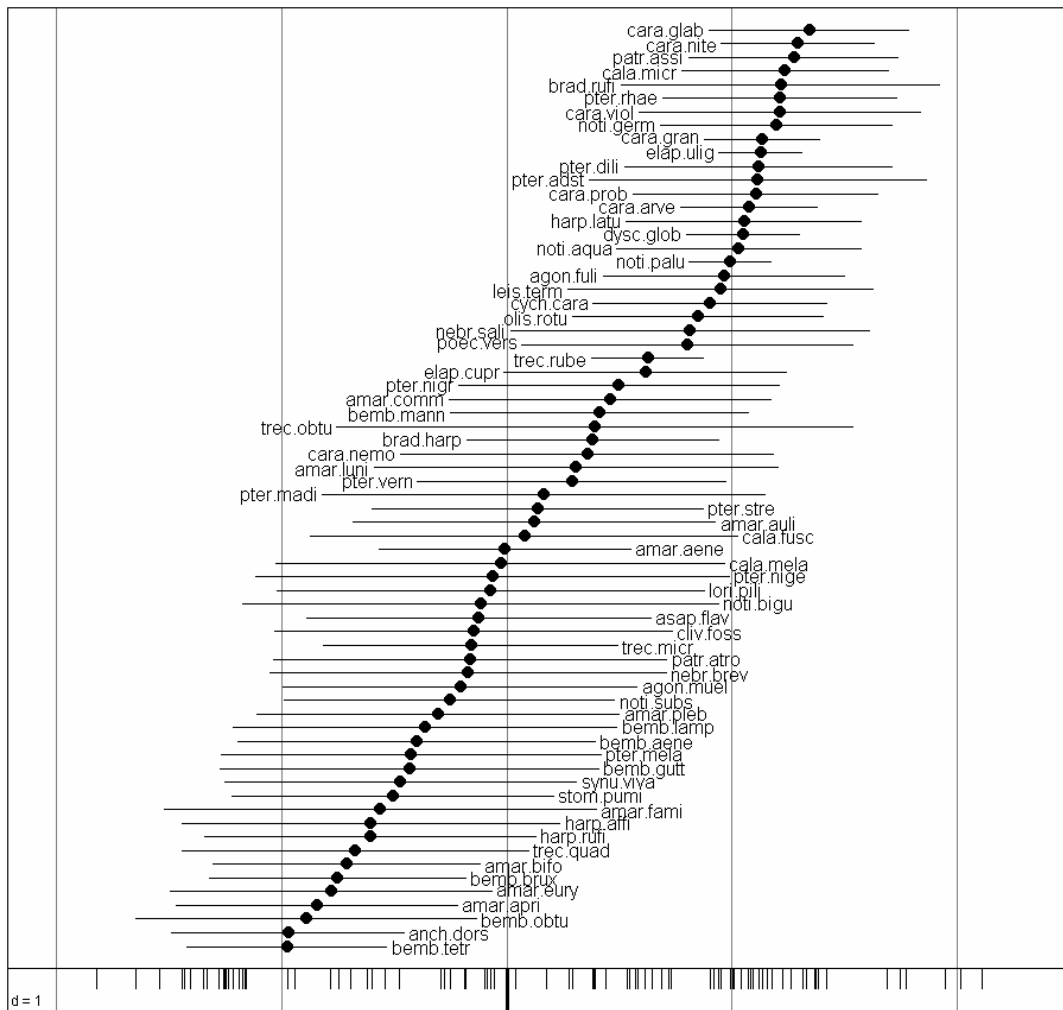


Figure 4 : score des sites, en bas, centré réduit, défini par les variables de milieu (la première composante principale) et position par moyenne et écart-type des espèces.

Comme les variables morphologiques fonctionnent mal dans l'analyse, la figure proposée est une figure classique de relation entre la tableau sites-espèces et le tableau sites-variables.

7. RLQ sur Traits qualitatifs

```
Qmca=dudi.acm(Qqual,Lcoa$cw)
```

```
Select the number of axes: 6
```

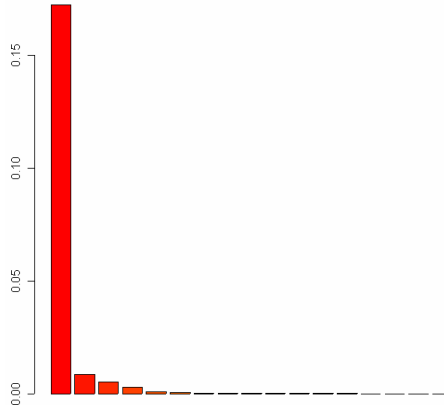
```
round(Qmca$cr,dig=2)
```

	RS1	RS2	RS3	RS4	RS5	RS6
CLG	0.34	0.52	0.08	0.16	0.30	0.09
CLB	0.52	0.20	0.41	0.06	0.03	0.04
WIN	0.04	0.06	0.21	0.09	0.28	0.61
PRS	0.06	0.08	0.37	0.57	0.25	0.01
OVE	0.62	0.01	0.01	0.00	0.04	0.03
FOA	0.19	0.18	0.31	0.42	0.25	0.09
DAY	0.56	0.04	0.13	0.01	0.00	0.03
BRE	0.58	0.51	0.03	0.05	0.26	0.04
EME	0.30	0.49	0.19	0.29	0.04	0.06
ACT	0.00	0.14	0.24	0.05	0.02	0.32

```
round(Qmca$eig,dig=2)
[1] 0.32 0.22 0.20 0.17 0.15 0.13 0.10 0.08 ...
```

Ici, on a exactement le tableau 8 p.1121.

```
rlq2=rlq(Rpca,Lcoa,Qmca)
Select the number of axes: 2
```



Là encore, le dépouillement isolé de l'axe 1 s'impose.

```
Eigenvalues decomposition:
      eig  covar  sdR  sdQ  corr
1 0.172282 0.41507 2.700 0.4040 0.3805
2 0.008603 0.09275 1.621 0.3704 0.1545
```

```
Inertia & coinertia R:
      inertia  max  ratio
1      7.291  7.776  0.9377
12     9.918 10.198 0.9725
```

```
Inertia & coinertia Q:
      inertia  max  ratio
1      0.1632 0.3204 0.5092
12     0.3004 0.5431 0.5531
```

```
Correlation L:
      corr  max  ratio
1 0.3805 0.7004 0.5433
2 0.1545 0.5305 0.2912
```

Pour voir le score des sites par les variables :

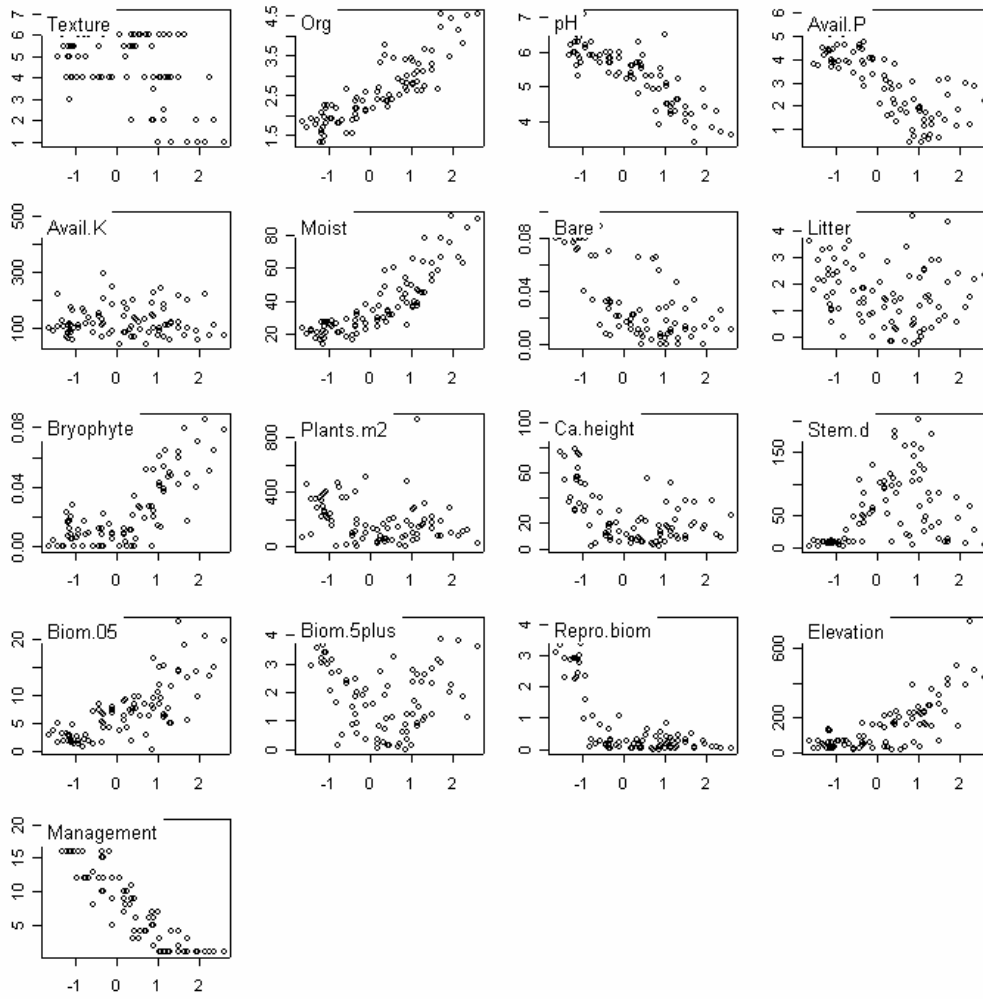
```
sco.quant(rlq2$mR[,1],R) # A
```

Pour voir le score des espèces par les variables :

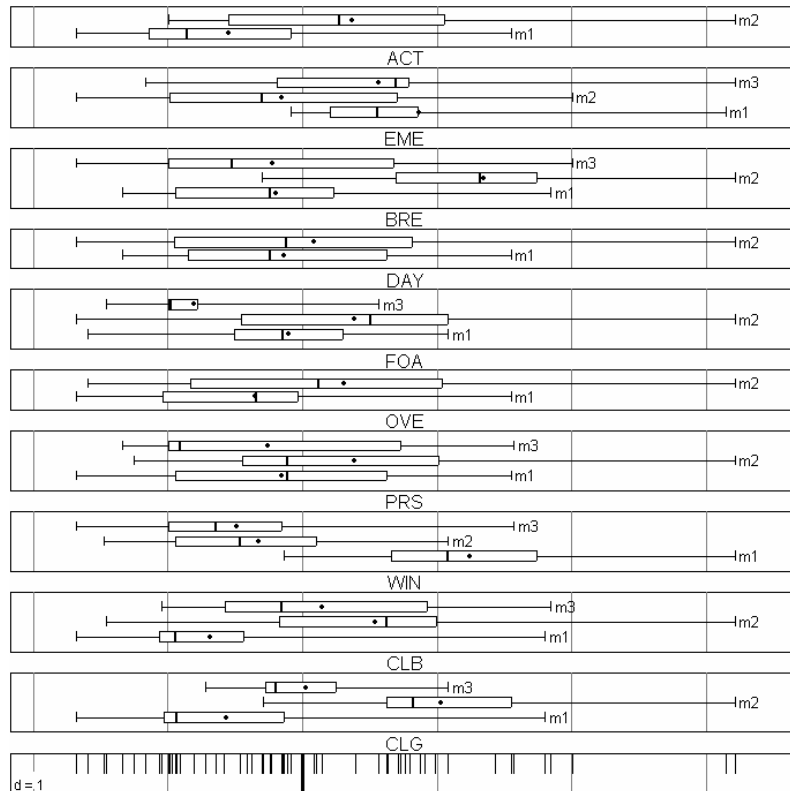
```
sco.boxplot(rlq2$mQ[,1],Qqual) # B
```

Pour voir le lien entre le score des sites et le score des espèces à travers le tableau faunistique :

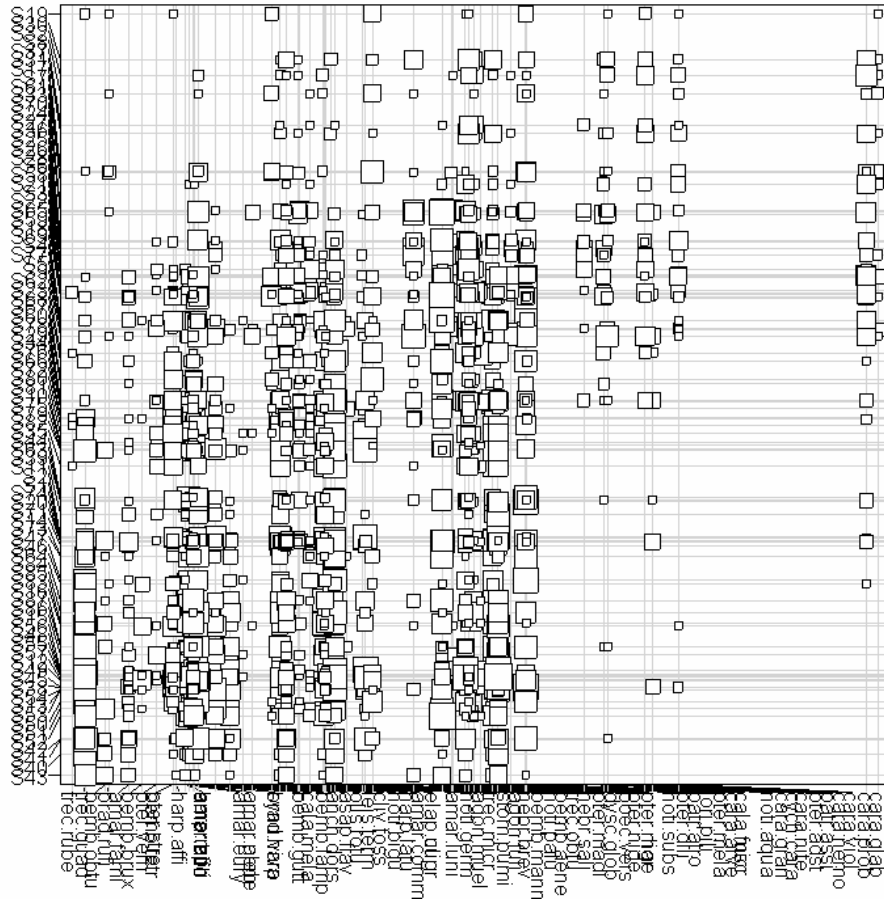
```
table.cont(Llog,rlq2$mQ[,1],rlq2$mR[,1],csi=0.5) # C
```



A



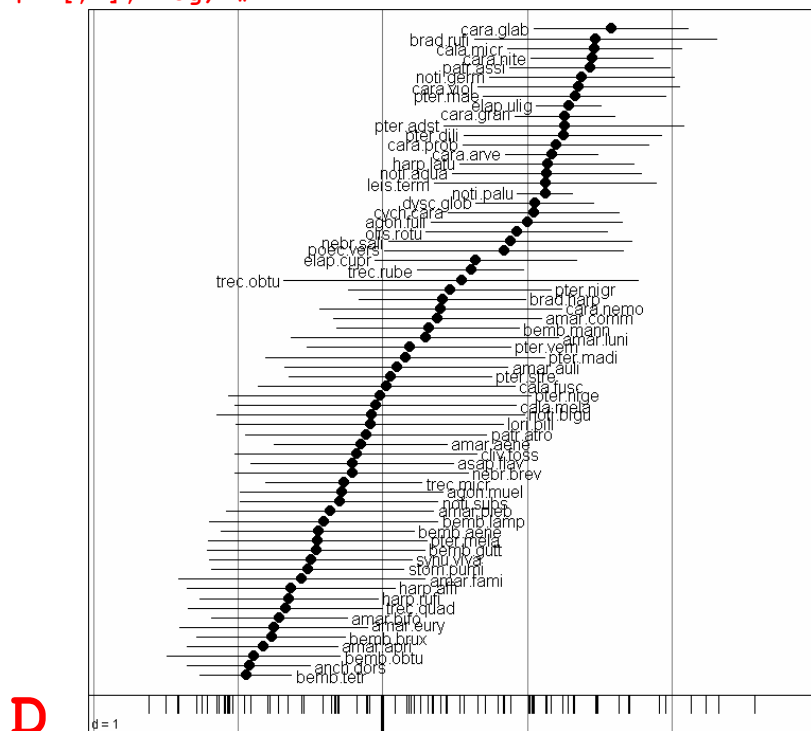
B



C

Le lien est encore faible bien que plus marqué que dans le cas précédent. Pour refaire la figure 4, le score des sites est `rlq2$mR[,1]`. Il vaut mieux dans ce genre de raisonnement mettre des scores normés plus naturels que des coordonnées de projections. Les espèces, par averaging :

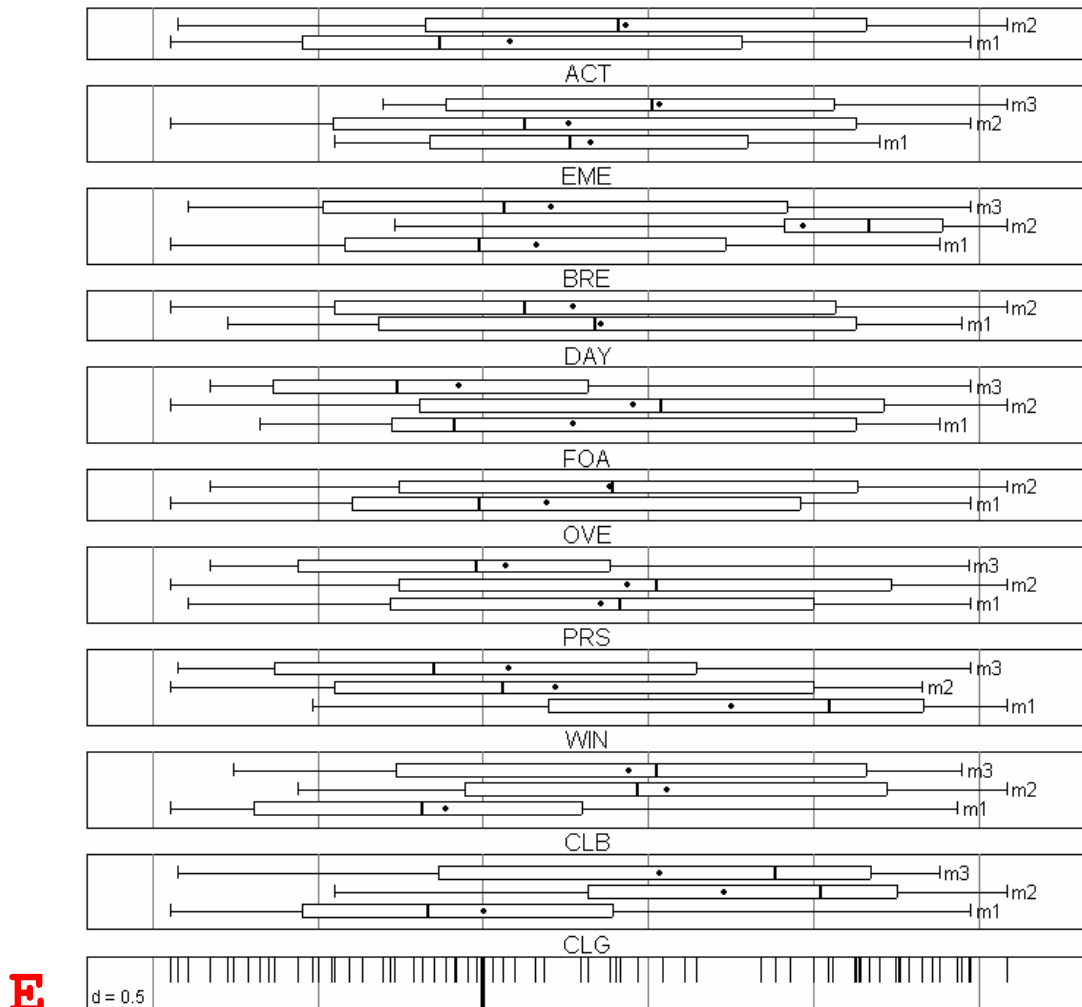
```
sco.distri(rlq2$mR[,1],Llog) # D
```



D

Pour retrouver ces moyennes :

```
wl=unlist(lapply(Llog, function(x) sum(x*rlq2$mR[,1])/sum(x)))
sco.distri(wl,Qqual) #E
```



Le rapport de corrélation entre un trait et l'ordination des espèces vaut :

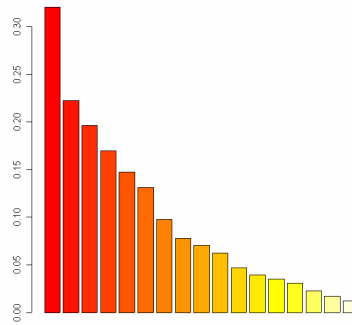
```
round(unlist(lapply(Qqual, function(x)
summary(lm(wl~x, we=Lcoa$cw))$r.squared)), dig=2)
```

```
CLG CLB WIN PRS OVE FOA DAY BRE EME ACT
0.09 0.07 0.19 0.04 0.04 0.03 0.00 0.12 0.01 0.06
```

C'est pas le tableau 12 qui contient une faute de frappe sous forme de valeur négative, ce qui est bizarre pour un pourcentage de variance expliquée. Ces valeurs sont faibles et globalement la cohérence des trois tableaux est faible. Comme les scores sont optimisés, des valeurs inférieures à 10 % de variance expliquée sont à prendre avec prudence. L'analyse RLQ est basée sur la redondance des tableaux. Elle cherche des variables de synthèse regroupant l'information.

De ce point de vue, elle ne fonctionne ici que du côté sites-variables où la redondance est forte. Du côté espèces-trait, bien au contraire, la cohérence est très faible et la variabilité biologique très désorganisée. Chaque trait biologique joue pour lui-même : il faut chercher ceux qui fonctionnent et non un mélange qui n'existe pas. ceci est très net :

```
barplot(Qmca$eig)
```

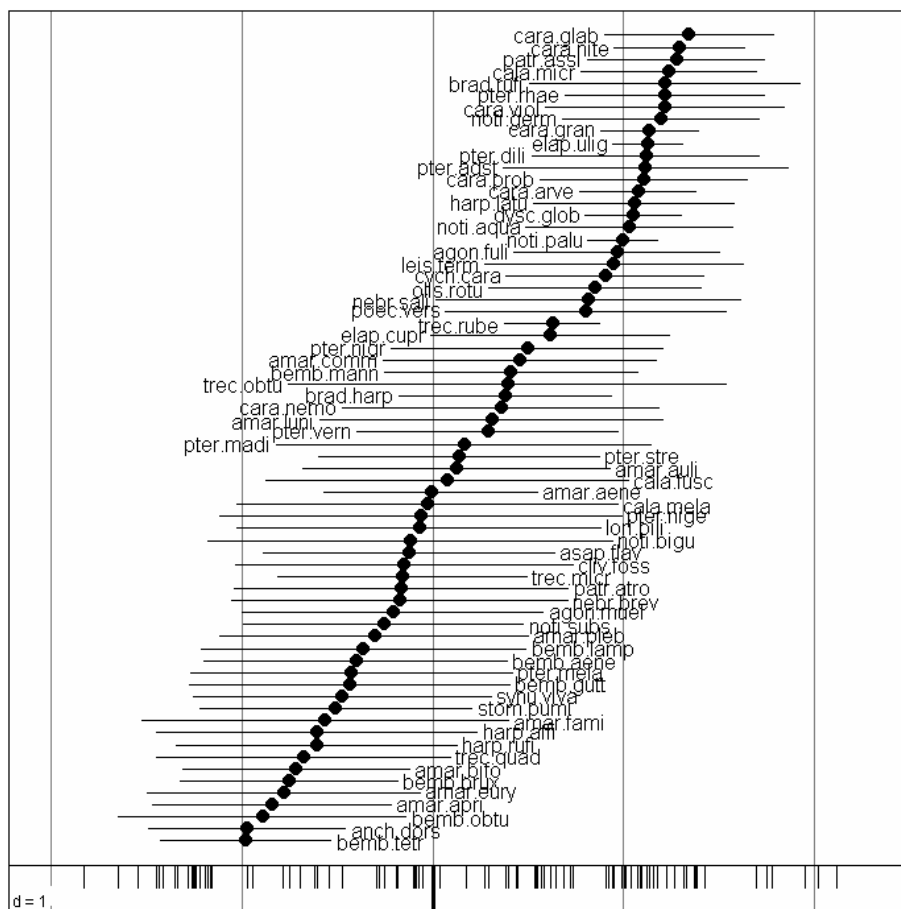


On peut dire que l'analyse montre que l'expérience est conduite sur un gradient écologique unique (altitude, sol, aménagement) bien défini par le premier axe de l'ACP normée du tableau de milieu :

```
x1 = Rpca$l1[,1]
round(cor(x1,R),dig=2)
Texture Org pH Avail.P Avail.K Moist Bare Litter Bryophyte Plants.m2
[1,] -0.45 0.83 -0.81 -0.78 -0.02 0.8 -0.81 -0.29 0.7 -0.29
Ca.height Stem.d Biom.05 Biom.5plus Repro.biom Elevation Management
[1,] -0.64 0.49 0.77 -0.47 -0.8 0.7 -0.93
```

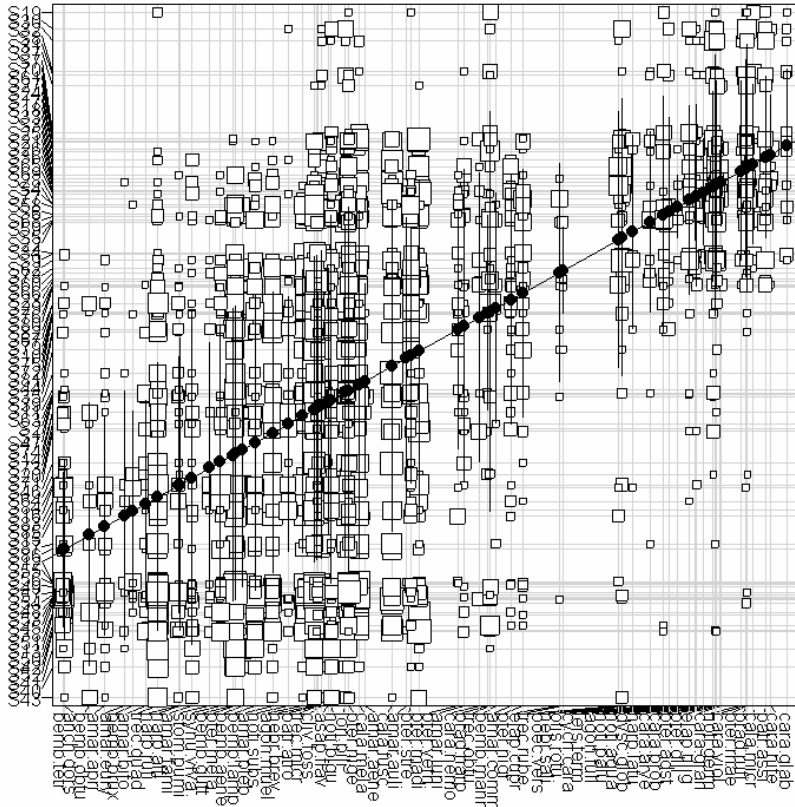
Chaque espèce prend position sur ce gradient :

```
x2 = unlist(lapply(Llog, function(x) sum(x*x1)/sum(x)))
sco.distri(x1,Llog)
```



x2 est un score reflet sans équivoque de la position d'une espèce sur ce gradient :

```
table.cont(Llog,x2,x1,csi=0.5,abline.x=T,abmean.x=T)
```



Le gradient de milieu est clair, l'ordination des espèces aussi : on peut alors tester simplement l'évolution potentielle de chaque trait biologique :

```
round(unlist(lapply(Q, function(x) anova(lm(x2~x))$"Pr(>F)"[1])), dig=3)
LYW.1 LAL.1 LPW.1 LPH.1 LEW.1 LFL.1 LTR.1 LRL.1 LFW.1 LTL.1 CLG.1 CLB.1 WIN.1
0.446 0.539 0.302 0.120 0.134 0.647 0.005 0.886 0.014 0.020 0.001 0.003 0.013
PRS.1 OVE.1 FOA.1 DAY.1 BRE.1 EME.1 ACT.1
0.305 0.409 0.067 0.617 0.011 0.602 0.093
```

Ceci donne un point de vue sensiblement différent. A interpréter. Un bon exemple qui montre qu'une analyse peut invalider le choix *a priori* de la méthode. La méthode exhibe sa limite. Un outil, en somme.