---

output: html\_document

---

止水メソコズム試験PRC解析 種別 全処理区

========================================================

Version 1.0

Last update: 2017/09/06

### 1. パッケージのロード

```{r load\_package}

# パッケージ'vegan'のロード

library("vegan")

```

### 2. データの処理

```{r set\_data}

#解析テンプレートとデータファイル(mesocosm\_data\_sheet.csv)を保存したフォルダを指定

setwd("C:/Rdata")

# CSV型式データを相対パスで指定し、データを読み込む

num\_Total <- read.csv("mesocosm\_data\_sheet.csv")

#以下の説明は「mesocosm\_data\_sheet\_使用例.xlsx」の内容に従う

# 比較する薬剤処理区を指定。Chem列（D列）に入れた薬剤名を指定する

# (以下の例の場合，CT：コントロール，TM：チアメトキサムの2処理区が比較される)

# 全ての処理区を指定したい場合は下の2行を削除

slct\_Chem <- (num\_Total$chem == "CT" | num\_Total$chem == "TM")

num\_Total <- num\_Total[slct\_Chem,]

# 個体数データのみのサブセットデータ作成

# 'select'で解析する種の範囲を指定。以下の場合、H列からL列までの種が解析対象になる

#全種を解析したい場合はH列と一番右の列の種名を指定

num\_Subset <- subset(num\_Total, select = Chironomidae\_spp\_L\_I:Sigara\_substriata\_A\_I)

# 個体数をlog(10\*X+1)に変換

# 変換しない場合は下の1行を削除

num\_Subset <- log10(10 \* num\_Subset + 1)

```

### 3. 調査日と処理区の格納

```{r time\_treat}

# 下記の2変数'num\_Total$week'および'num\_Total$treat'はCSVファイルのヘッダに記載されたラベル

time\_Prc <- factor(num\_Total$week)

treat\_Prc <- factor(num\_Total$treat)

```

### 4. PRCの計算とプロット

```{r calc\_prc, fig.width = 8, fig.height = 6}

rslt\_Prc <- prc(num\_Subset, treat\_Prc, time\_Prc)

smr\_Prc <- summary(rslt\_Prc)

smr\_Prc

# Species scoresの絶対値が0.5以上のもののみ表示

# 全てを表示する場合は「select = abs(smr\_Prc$sp) > 0.5」の部分を削除

plot(rslt\_Prc, select = abs(smr\_Prc$sp) > 0.5, xlab="Week")

# ANOVA

anova(rslt\_Prc, strata = time\_Prc, first = TRUE, perm.max = 1000)

```

### 5. 計算時のRの環境

```{r print\_ver}

Sys.time()

sessionInfo()

```

##### Copyright &copy; 2014-2017 National Institute for Environmental Studies, Japan. All Rights Reserved.