

Příloha č. 1: Skript k výpočtu indexu specializace Theta

```
# vstup: tabulková data (EBCC) ve formě jedniček a nul, sloupce představují druhy, řádky představují plochy

mytable <- read.table("ebcc.txt",header=T,check.names = F)

# volitelné vstupní parametry
repetition <- 100 # počet náhodných randomizací
min.occur <- 20 # minimální počet výskytů druhu

##### dále neupravovat #####

matrixall <- data.matrix(mytable)
sci.names <- colnames(mytable)

# počet všech druhů a čtverců ze vstupní tabulky
Nspecies.all <- dim(matrixall)[2]
Nplots.all <- dim(matrixall)[1]

rownames(matrixall) <-c(1:Nplots.all)
colnames(matrixall) <-c(1:Nspecies.all)

plots <- as.numeric(as.vector(rownames(matrixall))) # vektor čtverců označených čísly 1:počet

species.all <- as.numeric(as.vector(colnames(matrixall))) # vektor druhů označených čísly 1:počet

Nplots.sp <- colSums(matrixall) # počet čtverců pro každý druh

species <- species.all[which(Nplots.sp >= min.occur)] # vektor vybraných druhů do výpočtu s minimálním potem obsazených čtverců o velikosti min.occur

Nspecies <- length(species) # počet vybraných druhů

sci.name <- rep(0,Nspecies)
coex <- rep(0,Nspecies)
coex.sd <- rep(0,Nspecies)
richness <- rep(0,Nspecies)
total.co <- rep(0,Nspecies)
occur.freq <- rep(0,Nspecies)
BETA <- rep(0,Nspecies)
BETA.sd <- rep(0,Nspecies)

# VÝPOČET PRO J-TÝ DRUH ZE VŠECH VYBRANÝCH DRUHŮ

for(j in 1:Nspecies){
j.species <- species[j] # číslo druhu
```

```

j.matrixall <- matrixall[which(matrixall[,j.species]==1),] # matice obsazených
čtverců druhem j vs. všechny druhy

j.N <- dim(j.matrixall)[1] #počet všech výskytů druhu j

#### NÁHODNÝ VÝBĚR ČTVERCŮ ####

pole <- array(0,dim=c(min.occur,Nspecies.all,repotation)) # pole min.occur vs. počet
všech druhů
matice <- apply(matrix(c(1:j.N),nrow=j.N,ncol=repotation),2,function(x) sample(x,min.
occur)) # pomocná matice pro náhodný výběr čtverců o velikosti min.occur

# výsledkem je pro druh j (z Nspecies) pole náhodně vybraných obsazených čtverců vs.
všechny druhy (Nspecies.all) vs. počet opakování (#repotation)
for(i in 1:repotation){
new <- j.matrixall[matice[,i],]
as.numeric(row.names(new))
pole[,i] <- j.matrixall[matice[,i],]}

soucet <- colSums(pole);soucet[soucet>0] <- 1

j.richness <- colSums(soucet)-1 # počet všech koexistujících druhů s druhem j pro
každou repetici jako vektor

loc.rich <- apply(pole,c(1,3),sum) # lokální počet druhů ve čtvercích pro každou
repetici

Walpha.rep <- colMeans(loc.rich) # průměrná lokální alfa diverzita pro každou repetici
i

Wbeta.rep <- j.richness-Walpha.rep # Whittakerova beta diverzita pro každou repetici
= počet všech koexistujících druhů - průměrná lokální diverzita

BETA[j] <- mean(Wbeta.rep) # průměrná beta diverzita ze všech repetici
BETA.sd[j] <- sd(Wbeta.rep) # směrodatná odchylka
coex[j] <- mean(j.richness) # průměrný počet koexistencí v repeticích
coex.sd[j] <- sd(j.richness) # směrodatná odchylka
sci.name[j] <- sci.names[species[j]] # vědecké jméno
richness[j] <- mean(rowSums(j.matrixall)) # průměrná lokální druhová bohatost ze
všech čtverců okolo j-tého druhu

occur.vec <- colSums(j.matrixall)
total.co[j] <- length(occur.vec[occur.vec>0])-1 # celkový počet koexistujících druhů
s druhem j

occur.freq[j] <- j.N # celkový počet výskytů druhu j
}

#####

# VÝSTUPNÍ TABULKA

BETA <- round(BETA,digits=2)
BETA.sd <- round(BETA.sd,digits=2)
richness <- round(richness,digits=2)

```

```

coex <- round(coex,digits=2)

Beta <- data.frame(sci.name,BETA,BETA.sd,occur.freq,total.co,coex,richness)

Beta <- Beta[order(-BETA),]
rownames(Beta) <- c(1:Nspecies)
colnames(Beta)[which(names(Beta) == "sci.name")] <- "druh"
colnames(Beta)[which(names(Beta) == "BETA")] <- "theta"
colnames(Beta)[which(names(Beta) == "BETA.sd")] <- "theta.sd"
colnames(Beta)[which(names(Beta) == "occur.freq")] <- "#ctverce"
colnames(Beta)[which(names(Beta) == "total.co")] <- "#koex"
colnames(Beta)[which(names(Beta) == "coex")] <- "#koex.sp.(plots)"
colnames(Beta)[which(names(Beta) == "richness")] <- "alfa(plots)"

veta <- print(paste("Výpočet specializace je omezen pro druhy (",Nspecies, "z celkov
ého počtu" ,Nspecies.all, ") s minimálním počtem (",min.occur,"z",Nplots.all, ") výs
kytů ve čtvercích."),sep="")

## [1] "Výpočet specializace je omezen pro druhy ( 379 z celkového počtu 498 ) s mini
málním počtem ( 20 z 2059 ) výskytů ve čtvercích."

# druhy s nízkou obsazeností čtverců pro výpočet beta diverzity:
uncalc.spec <- as.vector(sci.names[setdiff(species.all,species)])

write.table(Beta,file = "BETA_EBCC_20.txt")

```

Příloha č.2: Skript k výpočtu multipárového indexu specializace Simpson

```
#vstup: tabulková data (atlas) ve formě jedniček a nul, sloupce představují
druhy, řádky představují plochy

vstup.data <- read.table("atlas_m3.txt",sep=" ",header=T,check.names=F)

# volitelné vstupní parametry

repetition <- 100 # počet náhodných randomizací
min.occur <- 20 # minimální počet výskytů druhu

##### dále neupravovat #####

matrixall <- data.matrix(vstup.data,rownames.force = T)
sci.names <- colnames(matrixall)

# počet všech druhů a čtverců ze vstupní tabulky
Nspecies.all <- dim(matrixall)[2]
Nplots.all <- dim(matrixall)[1]

rownames(matrixall) <-c(1:Nplots.all)
colnames(matrixall) <-c(1:Nspecies.all)

plots <- c(1:Nplots.all) # vektor čtverců označených čísly 1:počet
species.all <- c(1:Nspecies.all) # vektor druhů označených čísly 1:počet

Nplots.sp <- colSums(matrixall) # počet čtverců pro každý druh
species <- species.all[which(Nplots.sp >= min.occur)] #vektor vybraných druhů
do výpočtu s minimálním počtem obsazených čtverců o velikosti min.occur

Nspecies <- length(species) # počet vybraných druhů

beta.simps <- rep(0,repetition)
beta.simpson <- rep(0,Nspecies)
name <- rep(0,Nspecies)
coex.species <- rep(0,Nspecies)
freq <- rep(0,Nspecies)

fce.simpson <- function(matice=random.matice,k,l,i){
b1 <- length(which(matrixall[matice[k,i],] ==1 & matrixall[matice[l,i],]==0))
b2 <- length(which(matrixall[matice[k,i],] ==0 & matrixall[matice[l,i],]==1))
return(min(b1,b2))}

fce.vypocet <- function(matice=random.matice){
for(i in 1:repetition){
```

```

Nspecies.plots<-length(which(colSums(matrixall[matrice[,i],])>0)) # počet
všech druhů ve vybraných plotech

min.all <- NULL
n <- min.occur
Nspecies.per.plot <- rep(0,n) # vektor počtu druhů ve vybraných čtvercích
k <-1
repeat{ l <- k+1
  minimum <- rep(0,times=(n-k))
  repeat{ minimum[l-k] <- fce.simpson(matrice,k,l,i)
    if (l==n) break
    l <- l+1}
  min.all<- c(min.all,minimum)
  k <- k+1
  if (k==n) break }
Nspecies.per.plot<-sum(matrixall[random.matrice[,i],])
beta.simps[i] <- sum(min.all)/(sum(min.all)+(sum(Nspecies.per.plot)-Nspecies.
plots))
}
beta.mean <- mean(beta.simps)
return(beta.mean)
}

for(j in 1:Nspecies){
j.species <- species[j]
j.matrixall <- matrixall[which(matrixall[,j.species]==1),]
j.N <- dim(j.matrixall)[1]
j.plots <- as.numeric(rownames(j.matrixall))

#### NÁHODNÝ VÝBĚR ČTVERCŮ ####

random.matrice <- apply(matrix(j.plots,nrow=j.N,ncol=repetition),2,function(x)
sample(x,min.occur))
beta.simpson[j] <- fce.vypocet(random.matrice)
name[j] <- sci.names[species[j]]
coex.species[j] <- dim(j.matrixall[,which(colSums(j.matrixall)>0))][2]-1
# celkový počet koexistujících druhů s druhem j

freq[j] <- j.N # celkový počet výskytů druhu j
}

##### VÝSTUPNÍ TABULKA ###
output.tab <- data.frame(name,beta.simpson,freq,coex.species)
colnames(output.tab)[which(names(output.tab) == "name")] <- "druh"
colnames(output.tab)[which(names(output.tab) == "beta.simpson")] <- "simpson"
colnames(output.tab)[which(names(output.tab) == "occur.freq")] <- "#ctverce"
colnames(output.tab)[which(names(output.tab) == "total.co")] <- "#koex"
output.tab <- output.tab[order(-output.tab$simpson),]
rownames(output.tab) <- c(1:Nspecies)

write.table(output.tab,file = "SIMPS_atlas_m3.txt")

```