

APPENDICE C

Sintassi del software R per l'analisi composizionale degli habitat

```
row.names(montalto)<-montalto[,1]
montalto[,1]<-NULL
distanze<-vegdist(log(t(montalto+1)), method="br")
cluster <- hclust(distanze, "average")
plot(cluster)
rect.hclust(cluster, 8)
dev.print(jpeg, filename="clusters.jpg",width=1000, height=500)
gruppi<- cutree(cluster, 8)
library(vegan)
tbarga<-data.frame(t(montalto))
perordinamento<-data.frame(log(tmontalto+1))
names(perordinamento)
ord_gruppi1 <- metaMDS(perordinamento)
plot(ord_gruppi1, display = "sites", type="p")
text(ord_gruppi1, display = "sites")
ordispider(ord_gruppi1,gruppi, col = "red", label=TRUE, cex=1.5)
ordihull(ord_gruppi1,gruppi, col = "blue")
dev.print(jpeg, filename="/home/gio/ord_plot_fito.jpg",width=1000, height=500)
View(tmontalto)
```