

RPakiet

"loop"

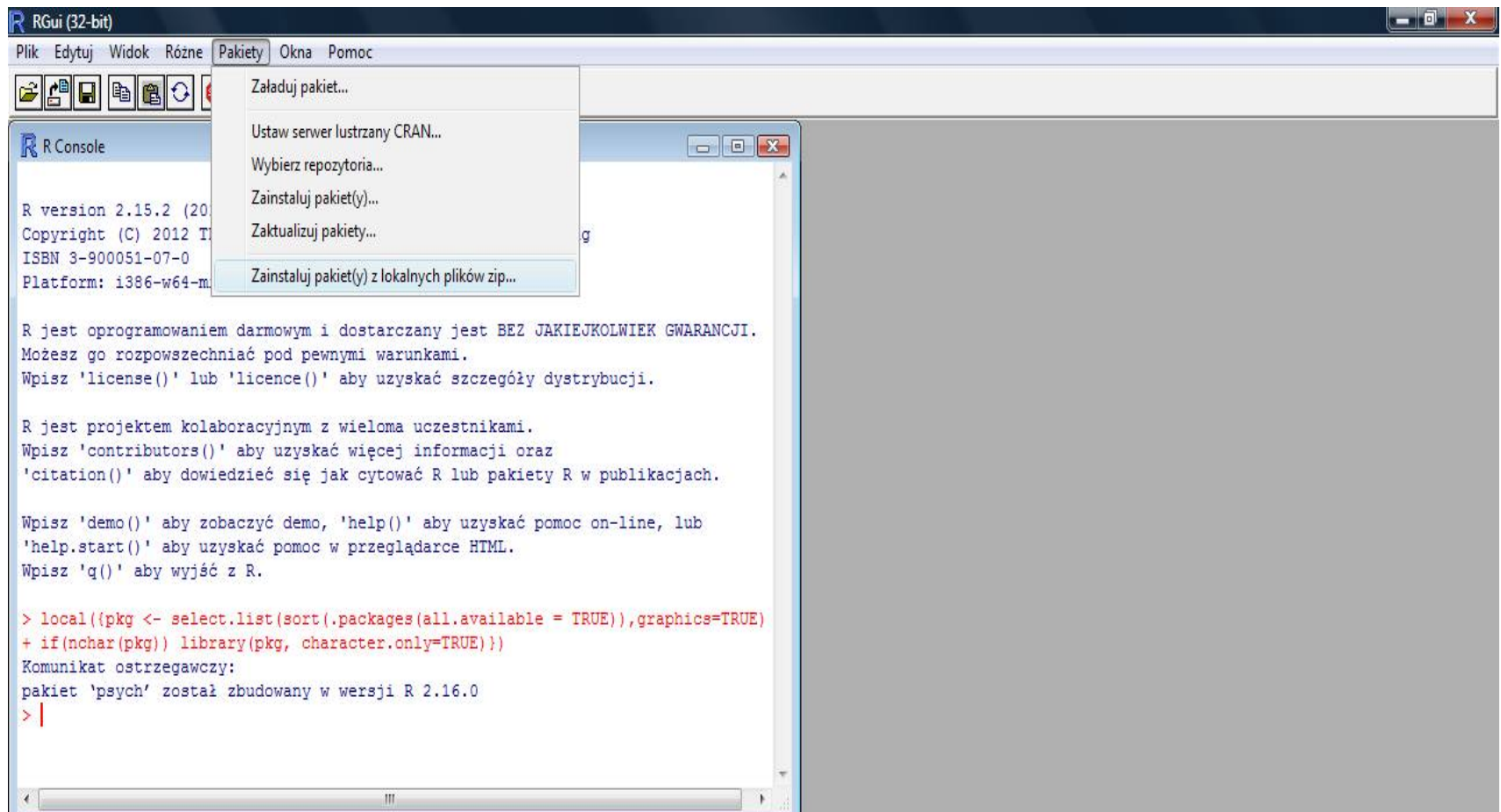
01 października

2012

Katarzyna Iwaniuk

Jak dodać bibliotekę?

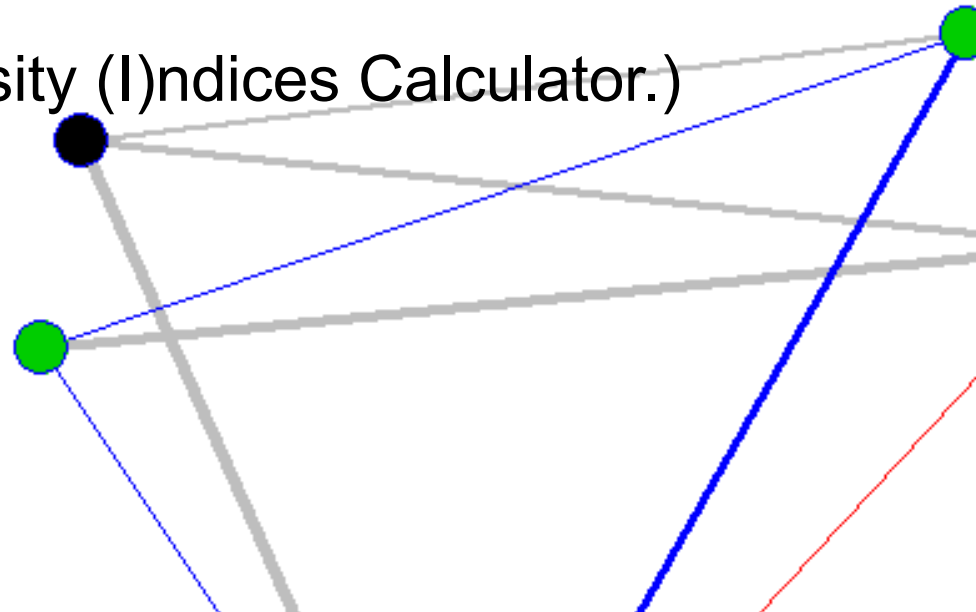
Windows binary: loop_1.1.zip



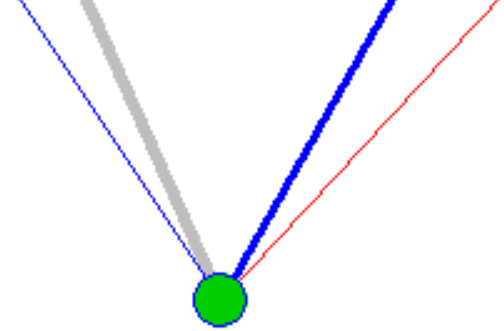
Informacje o pakiecie:

- Version: 1.1
- Depends: grid, MASS
- Published: 2012-10-01
- Author: Youhua Chen

MBI-(M)ultiple-site (B)iodiversity (I)ndices Calculator.)



Opis pakietu



Zastosowania:

- dekompozycja ważonych grafów dla analizy cyklu życia
- elastyczne metody tworzenia wykresów sieci
- analiza właściwości łańcuchów pokarmowych

Przykładowe funkcje

```
gplot(edgemat,arrow=TRUE,lty=1,col=8,weighted=TRUE)
```

Generuje graf z macierzy

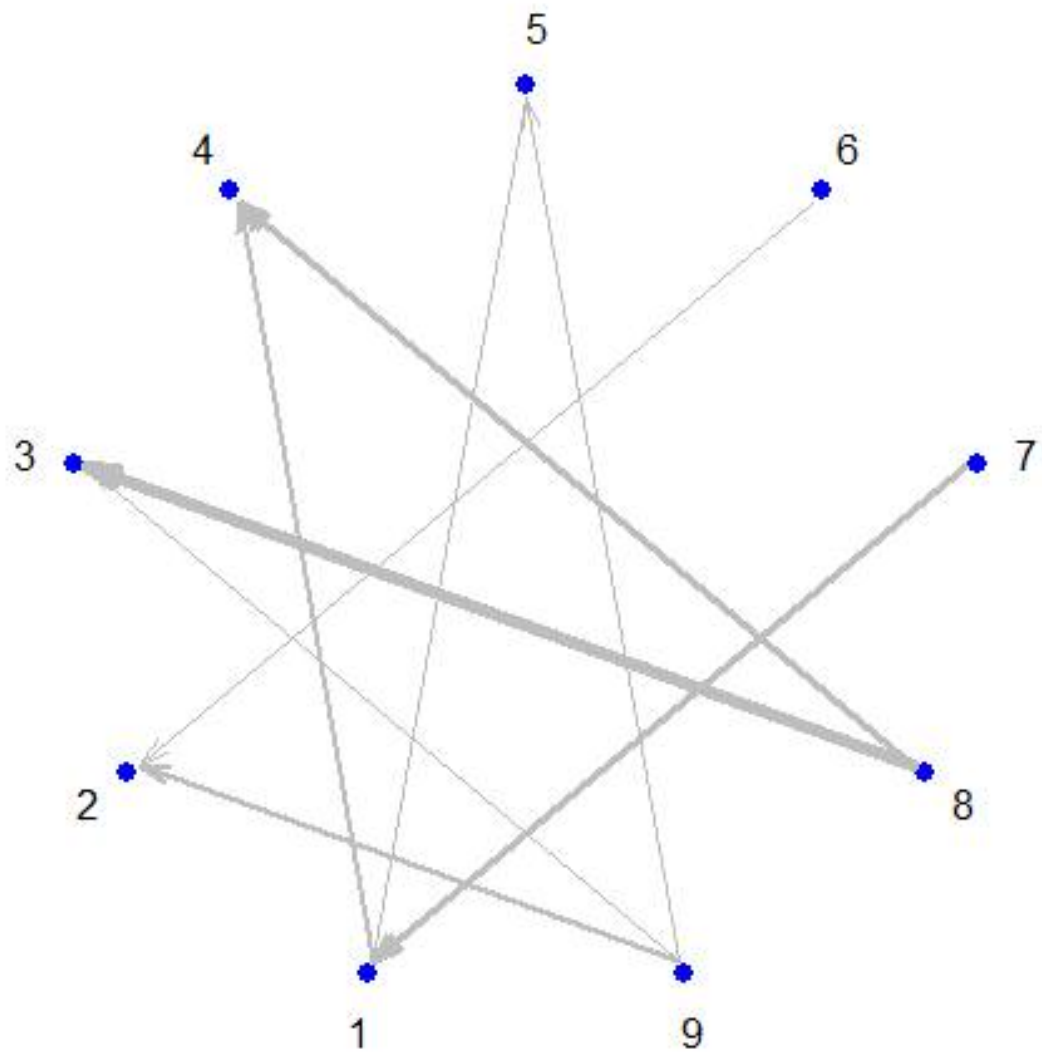
```
mat<matrix(c(1,2,1,3,2,4,3,5,4,5,6,7,8,9,1,9,9,8),nrow=9,ncol=2)
```

```
w<-c(3,10,30,50,20,22,9,15,33)
```

```
mat<-cbind(mat,w)
```

```
gplot(edgemat=mat)
```

- `fplot.foodweb`
- `Fplot`
- `Groupplot`
- `groupplot.foodweb`
- `gplot1`



- `loop.random(gemat)`
- `loop.forward(gemat)`

to są funkcje dekompozycji grafów
ważonych w pojedyncze

Funkcje analizy

łańcuchów pokarmowych

`shortes.chain`

Odnajduję najkrótszy łańcuch pokarmowy wśród wszystkich łańcuchów związanych z danym gatunkiem.

```
mat=matrix(c(0,5,3,7,0,5,0,8,0,4,3,8,0,1,6,7,0,1,0,2,0,4,6,2,0),5,5)
```

```
shortest.chain(gemat=mat,sp=4)
```

`smallest.weight`

Odnajduję łańcuch pokarmowy o najmniejszej wadze co nie jest równoznaczne z najmniejszą długością

`smallest.weight(gemat, sp)`

find.ranks

Tworzy ranking łańcuchów troficznych z macierzy

```
find.ranks(gemat, converted = TRUE)
```

Gemat- argument, macierz kwadratowa

Converted-true/false, tworzy liste łańcuchów troficznych/wektor

5

4

3

2

1

