

### Cvičení 3

1. Importujte dataset o popisující rostlinná společenstva v Bílých Karpatech. Budete potřebovat data o druhovém složení a geografické souřadnice
2. Proveďte souhrn dat a zkонтrolujte, že se načetla správně
3. Spočítejte matice euklidovské, hellingerovy, chord, chi-kvadrát a Bray-Curtis nepodobnosti mezi lokalitami
4. Převeďte data na presence/absence a spočtěte Jaccardův a Sörensenův index nepodobnosti
5. Pomocí mantelova testu spočítejte korelace mezi těmito maticemi:
  - a) euklid – chi-kvadrát
  - b) euklid – hellinger
  - c) euklid – Bray-Curtis
  - d) Sörensen – Bray-Curtis
6. Nakreslete geografické rozmištění lokalit
7. Převeďte geografické souřadnice na matici distancí. Odhadněte, která distance je pro tento účel nevhodnější.
8. Spočítejte korelací mezi prostorovou vzdáleností a nepodobností druhového složení (vyberte si libovolnou matici nepodobnosti dle vašeho uvážení)

**as.dist()**, **as.matrix()** převod symetrických matic na matice nepodobnosti a zase zpět

**model.matrix(~factor)** převede faktor na sérii 0/1 kontrastů („dummy variables“). Pro opravdové „dummy“ je třeba manuálně upravit.

vegan:

**decostand()** standardizace

MARGIN = 1 po řádcích (přes vzorky/pozorování)  
= 2 (default) po sloupcích (přes druhy/deskriptory)

method typ standardizace

- = "standardize" standardizace na nulový průměr a jednotkovou variaci
- = "hellinger" Hellingerova standardizace
- = "pa" převod hodnot na presence/absence
- = "range" přeškálování na rozsah 0..1
- = "chi.square" chí-kvadrát standardizace

**vegdist()** indexy nepodobnosti

method typ nepodobnosti

- = "bray" Bray-Curtis (percent) dissimilarity; Sörensen index při aplikaci na p/a data
- = "euclidean" euklidovská distance. Též chord, hellinger a chi-kvadrát když jsou vstupní data standardizována

**mantel()** Mantelův test