

Cvičení 4

1. Importujte dataset o popisující rybí společenstva v řece Doubs. Budete potřebovat pouze data o druhovém složení.
2. Proveďte souhrn dat a zkontrolujte, že se načetla správně
3. Spočítejte na datech PCA. Data obsahují hodně nul. Použijte proto Hellingerovu standardizaci.
4. Zobrazte summary analýzy a množství variability vysvětlené osami
5. Zhodnoťte významnost os. Použijte k tomu screeplot.
6. Prostudujte si funkci ordiplot a její použití – jednak v popisu dole a jednak v R dokumentaci.
7. Nakreslete ordinační diagram pro první a druhou osu a pro první a třetí osu; zobrazte na ordinačním diagramu druhy a lokality. Nastavte škálování na korelace mezi druhy.
Odtud pracujte samostatně ve skupinách
8. Importujte dataset popisující rostlinná společenstva v Bílých Karpatech. Budete potřebovat data o proměnných prostředí
9. Proveďte souhrn dat a zkontrolujte, že se načetla správně
10. Spočítejte na datech PCA. Vzhledem k tomu, že jde o měřené proměnné, proveďte standardizaci po proměnných. Druhá proměnná je kategoriální – tu musíte z analýzy vyřadit
11. Zhodnoťte významnost os. Použijte k tomu screeplot.
12. Nakreslete ordinační diagram pro významné osy; zobrazte na ordinačním diagramu proměnné pomocí šipek a názvů. Lokality zobrazte pomocí bodů. Škálování nastavte symetrické.

vegan:

rda() Analýza hlavních komponent (PCA), Redundanční analýza (RDA)

PCA je možné zadat pomocí `rda(matice druhů/proměnných)`
`scale = T` provede standardizaci po druzích (proměnných)

plot.rda(), nakreslí ordinační diagram, **scores()** extrahuje skóre na ordinačních osách (používají velmi podobný set parametrů)

`choices` výběr ordinačních os

`display` specifikuje typ skóre

= "sites" skóre vzorků

= "species" skóre druhů (proměnných)

`scaling` specifikuje, která skóre se mají škálovat podle eigenvalues

= 1 nebo "sites" vzorky; jejich vzdálenosti pak odpovídají nepodobnostem

= 2 nebo "species" druhy (proměnné); úhly mezi šípkami pak odpovídají korelacím/kovariancím mezi nimi

= 3 nebo "symmetric" symetrické škálování vzorků i druhů odmocninou z eigenvalues

`xlab`, `ylab` doporučuju používat k znázornění množství vysvětlené variability, např. `xlab = "PC1 (30.5%)"`

ordiplot() alternativní (a lepší) možnost kreslení ordinačních diagramů. Většina parametrů je stejná jako ve `scores()`. Nejlepší zkúsob kreslení je použít `ordiplot` s parametrem `type='n'` a výsledek uložit do objektu. tj.

plot.obj<-ordiplot(pca.obj.,type='n', další parametry). Výsledkem je prázdný ordinační diagram do kterého je možné přidávat objekty

pomocí funkcí `text` nebo `points`.

`text(ordiplot)`, `points(ordiplot)`

`what` co se bude kreslit (odpovídá `par. display` ve `scores`)

`arrows = T` šipky jsou znázorněny pomocí šipek (vhodné pro druhy, proměnné v lineárních ordinacích)

`length` důležitý parametr, který ovlivňuje velikost hrotu šipek (viz základní funkce `arrows()`)

`eigenvals()` extrahuje eigenvalues ordinačních os

`screepplot()` nakreslí screeplot eigenvalues

`bstick = T` nakreslí do barplotu očekávání dle broken-stick modelu

`abline(h=mean(eigenvals(ordination.object)), lty=2)` přidá do obrázku čárkovanou čáru znázorňující průměrné eigenvalue přes všechny osy (Kaiser-Guttman kritérium)