

## Cvičení 5

1. Importujte dataset obsahující **morfometrická data bruslařek**
2. Proved'te souhrn dat a zkontrolujte, že se načetla správně
3. Spočítejte na kompletním datasetu PCA – vyberte ale jen morfometrické parametry (tj. od 4. sloupce dále). Zamyslete se nad tím, zda provést standardizaci po proměnných.
4. Zhodnoťte PCA a významnost jednotlivých os
5. Nakreslete ordinační diagram tímto postupem
  - a) prázdný ordinační diagram
  - b) přidejte skóre vzorků
  - c) přidejte šipky parametrů
  - d) přidejte polygony zobrazující jednotlivé instary
  - e) přidejte legendu zobrazující, ilustrující význam polygonů
6. *Samostatně*: Z **bruslařkového datasetu** vyberte pouze data pro 6. instar. Opakujte na tomto datasetu body 3-5, ale na PCA digramu zobrazte rozdíly mezi druhy pomocí pavouka (ordispider).
7. Importujte druhová data k **datasetu společenstev pakomárů** z řeky Svatky
8. Proved'te souhrn dat a zkontrolujte, že se načetla správně.
9. NA hodnoty nahraďte nulami. Vymažte druhy s jediným výskytem v datasetu
10. Spočítejte na datech DCA. Zvažte zda logaritmovat hodnoty abundancí.\*\*
11. Zobrazte eigenvalues a délky gradientů
12. Nakreslete ordinační diagram
  - a) Použijte zkratky druhových jmen
  - b) Zobrazte pouze druhy, které mají relativně vyšší vliv v analýze
13. Spočítejte NMDS na pakomářích datech. Použijte stejnou transformaci dat jako u DCA
14. Analýzu proved'te pro  $k=2$  až  $k=5$ ; zobrazte si hodnoty stresu a rozhodněte jaké by mohlo být nejlepší  $k$ \*\*\*
15. Zobrazte ordinační diagram NMDS – 1. a 2. osu
  - a) zobrazte skóre vzorků
  - b) zobrazte skóre druhů pomocí zkratk názvů; vyberte pro zobrazení jen druhy, které mají korelaci s prvními dvěma osami  $r^2 > 0.2$

\* ano je nutné standardizovat, aby se zajistila stejná váha všech proměnných

\*\* ano, hodnoty vypadají pozitivně zešikmená. Transformovat je potřeba (pomocí  $\log(x+1)$  transformace protože obsahují nuly)

\*\*\*  $k = 3$ ; stres je při něm výrazně nižší než při  $k=2$ . Při dalším přidávání os už nedochází k podstatnému snižování stresu.

vegan:

**ordihull()** znázornění skupin pozorování pomocí obálek

**ordispider()** znázornění skupin a jejich centroidů pomocí pavouků

**make.cepnames()** generování osmipísmenných zkratk jmen druhů;  
doporučuju ještě převést 5. pásmeno na velké pomocí  
`substr(short.names, 5, 5) <- toupper(substr(short.names, 5, 5))`

**weights()** Zobrazení vah druhů nebo vzorků v analýzách (typicky unimodální metody: CA, DCA, CCA)

**metaMDS()** NMDS

**stressplot()** Stressplot pro NMDS

**envfit()** Fitování korelací s ordinačními osami