

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 a zkuste pro ně nastavit různé barvy.
 - 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 podsoubor druhů na základě jejich frekvence tak, aby byl diagram stále čitelný

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

** ano, hodnoty vypadají pozitivně zešikmené. 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. písmeno 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, v CA a DCA pro výběr druhů k zobrazení)

metaMDS() NMDS

stressplot() Stressplot pro NMDS

nmds.objekt\$stress - zobrazí stress hodnotu daného NMDS fitu

envfit() Fitování korelací s ordinačními osami

palette(), **palette.colors()** Definice barev např. pro ordihull