**Cvičení 9**

1. Načtěte data popisující morfometrii bruslařek. Vyberte z nich data popisující samečky 6. instaru. Na tato data aplikujte k-means partitioning. Určete optimální počet clusterů. Proveďte k-means s tímto počtem a následně vykreslete do PCA diagramu, tak, že k-means klasifikaci vyjádříte barvou a skutečnou druhovou příslušnost zakleslete obálkou. Zkuste to ještě jednou pro skutečný počet druhů.

2. Načtěte data o pakomárech ze Svratky. Na základě logaritmovaných (*ln(x+1)*) druhových dat vypočítejte Bray-Curtis matici nepodobností. Na získané distanční matici vypočítejte 3 následující shlukové analýzy a porovnejte jejich dendrogramy:
    1. single linkage (Nearest Neighbour)
    2. complete linkage (Farthet Neighbour)
    3. average linkage (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean)
3. Nechejte si zobrazit kofenetické vzdálenosti proti původním (Bray-Curtis) vzdálenostem a vykreslete jejich vztahy ve scatter-plotu. Přidejte do grafů přímku odpovídající y = x. Porovnejte grafy a zamyslete se nad tím, co říkají
4. (*samostatně*) Načtěte data o rostlinných společenstvech v tundře (Saccone et al.). Spočítejte na nich clusterovou analýzu. Zkuste různé přístupy. Nakreslete výsledky. Čísla vzorků v diagramu nahraďte typem stanoviště (proměnná site) a zhodnoťte jak dobře korespondují výsledné shluky právě s typem stanoviště.

**R funkce**

**kmeans** k-means partitioning

**hclust** klastrová analýza

**cophenetic** matice kofenetických vzdáleností mezi vzorky.

vegan:

**cascadeKM** k-means paritioning provedené přes sérii k, diagnostika pomocí Calinski – Harabasz kritéria pomocí plot(cascadeKM.objekt)