

## Procvičování 8

1. Naimportujte do **R** křestní jména z listu *jména* excelového souboru *dat\_2013.xls*. Použijte funkci `scan()`.
2. Naimportujte do **R** počty výskytů těchto jmen v ČR (vedlejší sloupec). Opět použijte funkci `scan()`.
3. Naimportujte do **R** taxonomické zařazení pakomárů do podčeledí (list *tax*). Opět použijte funkci `scan()`. Jedná se o stejné druhy pakomárů, jako jsou v listu *spe*.
4. Naimportujte do **R** do dataframu *env1* nám již známé proměnné prostředí (list *env*). Použijte funkci z rodiny `read.*()` a pro přesun dat použijte datovou schránku “clipboard”. Při importu specifikujte, že jména řádků má **R** vzít z prvního sloupce *sample*. Po importu zkontrolujte strukturu dataframu.
5. Naimportujte do **R** do dataframu *env2* ty stejné proměnné prostředí (list *env*) a stejně jako v předchozím kroku. Navíc při importu specifikujte, že nechcete, aby proměnná *hydr* byla převedena na faktor. Po importu zkontrolujte strukturu dataframu.
6. Uložte tabulku abundancí larev pakomárů listu *spe* do samostatného textového souboru (Tab delimited).
7. Naimportujte do **R** do dataframu *spe* abundance larev pakomárů z nově vytvořeného textového souboru. Při importu specifikujte, že nechcete, aby **R** kontrolovalo a upravovalo druhová jména.
8. Najděte funkci, která z druhových jmen vytvoří zkratky (je v balíku *vegan*) a zkratky z druhových jmen vytvořte. (anglicky zkratka je *abbreviate*)
9. Přejmenujte jména sloupců dataframu *spe* vytvořenými zkratkami.
10. Při importu se prázdné buňky vyplnily NA hodnotami. Nahraďte NA hodnoty dataframu *spe* nulami.
11. Zjistěte, kolik druhů je v dataframu *spe* (odpověď **R** bude jedno číslo, a to počet sloupců dataframu).
12. Představte si, že vzorky byly při determinaci děleny, aby determinátor nezešlél z množství pakomárů (kde jich bylo moc, byla determinována jen polovina, kde jich bylo ještě víc, jen čtvrtina). Abychom získali přibližnou představu o abundancích pakomárů na lokalitách, musíme abundance zpět vynásobit obráceným podílem zpracovaného vzorku (tedy dvojkou nebo čtyřkou). Ve skutečnosti tomu tak nebylo, proto podíly nasimulujeme. Řekněme, že vzorky s méně než 200 pakomáry pochází ze čtvrtiny původních vzorků (a je třeba jejich abundance vynásobit čtyřmi), a vzorky s méně než 400 pakomáry pochází z poloviny původního vzorku (tedy je musíme vynásobit dvěma).
  - (a) Vytvořte vektor násobků, kterými je potřeba abundance vynásobit.
  - (b) Vytvořte dataframe *spe.nas* s vynásobenými abundancemi pakomárů.
  - (c) Přesvědčte se, že podíly lokálních sum abundancí vynásobeného a původního dataframu odpovídají vektoru násobků.
13. Exportujte dataframe *spe.nas* jako tabulátorem oddělený text tak, aby se dal otevřít v excelu. V excelu jej otevřete a zkontrolujte.
14. V některých analýzách chceme srazit vliv hojných druhů. Potom můžeme přistoupit k relativizaci nebo standardizaci druhových abundancí. Vytvořte dataframe *spe.rel* v němž budou zrelativizované druhové abundance tak, že pro každý druh je vydělíte sumou jeho abundancí. Pozor na násobení matic vektory - hodnoty v maticích bere **R** po sloupcích.

15. Exportujte dataframe *spe.rel* jako tabulátorem oddělený text tak, aby se dal otevřít v excelu. V excelu jej otevřete a zkontrolujte.
16. Vytvořte dataframe *stat* s proměnnými *abund* a *freq* obsahujícími součty abundancí a počty výskytů jednotlivých druhů (počet řádků dataframu *stat* bude odpovídat počtu druhů, přičemž pro každý druh bude uvedeno, kolik jedinců celkem bylo zaznamenáno a na kolika lokalitách se vyskytoval).
17. V dataframu *stat* vytvořte proměnnou odlišující běžné druhy od vzácných s úrovněmi: *vzacny* (druh se vyskytoval na max. 3 lokalitách), *bezny* (výskyt na 4 - 9 lokalitách), a *hojny* (výskyt na 10 a více lokalitách).
18. Zjistěte, kolik druhů je vzácných, běžných a hojných (podle kritérií v předchozím bodu).
19. Exportujte dataframe *stat* jako tabulátorem oddělený text tak, aby se dal otevřít v excelu. V excelu jej otevřete a zkontrolujte.