

## Procvičování 10

1. Naimportujte do **R** dataframu *spe* a *env* z excelového souboru *dat09.xls* ve studijních materiálech (cv09).
2. Vytvořte sekvenci celých čísel od -5 do 5 (*vec*). Pomocí smyčky vynásobte každou hodnotu vektoru *vec* -1 a výsledné hodnoty uspořádejte do vektoru *res2*.
3. Pomocí smyčky upravte hodnoty vektoru *vec* následovně:  $x^2 - x$ .
4. Pomocí smyčky spočítejte kumulativní sumy vektoru *vec*. V základní instalaci **R** je funkce, která kumulativní sumy počítá. Najděte ji, na vektor *vec* použijte a výsledek porovnejte.
5. Pomocí smyčky spočítejte pro každou lokalitu dataframu *spe*, kolik druhů na ní bylo zaznamenáno.
6. Pomocí smyčky spočítejte pro každý druh dataframu *spe* jeho celkovou abundanci.
7. Pomocí smyčky zjistěte pro každý druh dataframu *spe*: počet nulových abundancí (počet lokalit, na kterých chyběl), minimální, mediánovou a maximální abundanci nenulových hodnot. Zjištěné hodnoty uspořádejte do matice spočtem řádků rovným počtu druhů a čtyřmi sloupci. Řádky i sloupce matice si rozumně pojmenujte.
8. Pro všechny druhy zaznamenané alespoň na třetině lokalit (9) zjistěte Adjusted R Squared lineárního modelu závislosti  $\log(x + 1)$  abundance na Froudeho čísla. Použijte polynom druhého řádu:

```
m1<- lm(log.abundance ~ poly(froude,2))
```

Adjusted R Squared najdete v `summary(m1)`, musíte jen přijít na to, jak si pro něj sáhnout.

9. Pro 10 druhů s nejvyšším Adjusted R Squared zobrazte bodový graf závislosti jeho  $\log(x + 1)$  abundance na Froudeho čísla.