

Procvičování 11

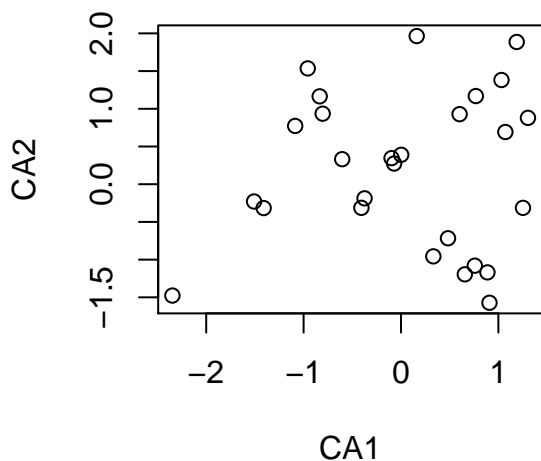
Naimportujte do **R** dataframy *spe* a *env* z excelového souboru *dat09.xls* ve studijních materiálech (cv09).

1. Vytvořte funkci `minmax()`, která vrátí nejnižší a nevyšší hodnotu ve vektoru. Otestujte funkci na libovolném vektoru.
2. Vytvořte funkci `mocnina()`, která vrátí umocněné hodnoty na druhou.
3. Vytvořte funkci `myplot()`, která v bodovém grafu zobrazí proti sobě 2 zadané vektory.
4. Do funkce `myplot()` přidejte argument `group=`, která zajistí odlišení bodů v grafu pomocí různých symbolů. Otestujte na proměnných *depth*, *fr* a *gr* dataframu *env*.
5. Do funkce `myplot()` přidejte argument `...`, který ponechá možnost přidání dalších argumentů funkce `plot()`, například nastavení větší nebo menší velikosti bodů v grafu. Otestujte na proměnných *depth*, *fr* a *gr* dataframu *env*, zkuste několik variant s různě velkými symboly.
6. Vytvořte funkci `showme()`, která zobrazí prvních 5 řádků a sloupců zadaného tabulkového objektu. Otestujte na dataframu *spe*.
7. Upravte funkci `showme()` tak aby zobrazila prvních 5 a posledních 5 řádků a sloupců zadaného tabulkového objektu.
8. Přidejte do funkce `showme()` argument `n=`, pomocí něhož bude možné specifikovat, kolik (*n*) prvních a posledních řádků zadaného tabulkového objektu bude zobrazeno. Jako default nastavte hodnotu *n* na 5. Počet sloupců nechejte na $5 + 5$.
9. Vytvořte funkci `colstat()`, která vrátí počet nenulových hodnot, minimální, mediánovou a maximální hodnotu těchto nenulových hodnot pro všechny sloupce zadaného tabulkového objektu (*mat*). Zjištěné hodnoty nechť jsou uspořádány do matice, kde řádky odpovídají sloupcům *mat* a ve sloupcích jsou jednotlivé statistiky (nenul, min, median, max). Řádky výsledné matice nechť jsou seřazeny sestupně podle mediánu. Otestujte na dataframu *spe*.
10. Teď připojíme knihovnu balíku *vegan* a uděláme ordinaci pakomářích společenstev pomocí korepondenční analýzy (CA). Vyextrahujeme skóre lokalit na prvních dvou osách ordinace a s těmi budeme dál pracovat.

```
par(mar= c(4,4,1,1))
library(vegan)

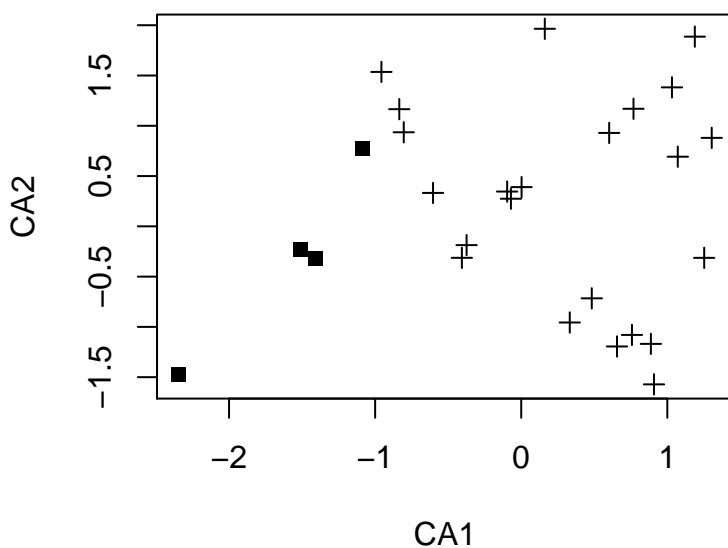
## Loading required package: permute
## Loading required package: lattice
## This is vegan 2.0-10

ca1<- cca(log1p(spe))
sc1<- scores(ca1, display= 'sites')
plot(sc1)
```



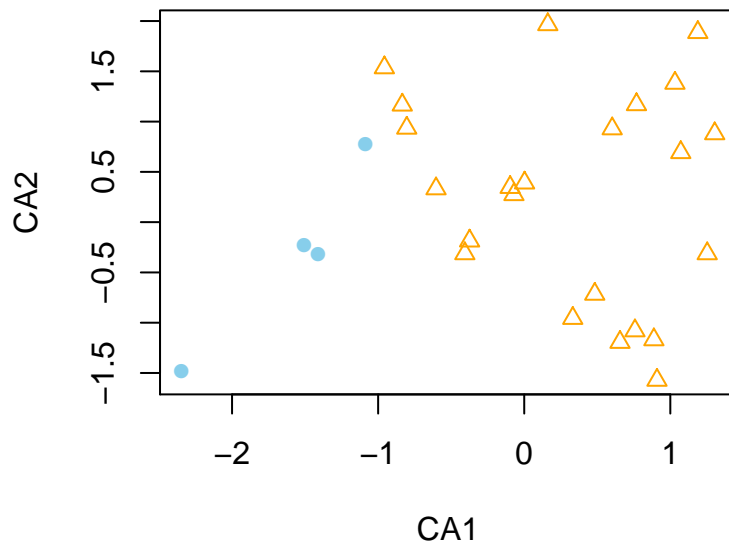
11. Vytvořte funkci `show.species()`, která v zadané ordinaci odliší symboly lokality, na kterých se zadaný druh vyskytoval od ostatních. Výsledek by měl vypadat asi takhle:

```
par(mar= c(4,4,1,1))
show.species(sc1, "prodoliv")
```



12. Přidejte do funkce `show.species()` argument, pomocí něhož bude možné specifikovat symboly a barvy bodů zobrazovaných v grafu (samozřejmě aby jedna barva a jeden symbol patřil lokalitám s výskytem druhu a druhá barva a symbol těm ostatním). Příklad:

```
par(mar= c(4,4,1,1))
show.species(sc1, "prodoliv", col=c('orange', 'skyblue'), pch= c(2,16))
```



13. Přidejte do funkce `show.species()` argument `...`, pomocí něhož bude možné specifikovat další grafické argumenty, například velikost symbolů.