

## Procvičování 12

1. Naimportujte data z Excelového souboru `dat_12.xls`. Najdete v něm tři listy: `env`, `spe` a `tax`. `env` a `spe` už znáte, pracujeme s nimi pravidelně. `tax` obsahuje taxonomické zařazení druhů (listu `spe`, jsou ve stejném pořadí) do podčeledí (sloupec `subfamily`). Při importu zachovejte reprodukovatelnost - nepoužívejte 'clipboard', ale specifikujte cestu k souboru.
2. Vytvořte zkratky jmen druhů (jež jsou v hlavičce listu `spe`) a přejmenujte sloupce dataframu `spe` zkratkami.
3. Zobrazte rank abundance plot. To je sloupečkový graf, v němž každý sloupeček představuje jeden druh, výšku určuje celková abundance druhu a sloupečky jsou seřazeny od nejvyššího po nejnižší.
4. Zjistěte pro každou podčeleď, kolik celkem jedinců dané podčeledi bylo zaznamenáno.
5. Zjistěte, kolik druhů bylo v jednotlivých podčeledích zaznamenáno.
6. Vytvořte dataframe `subfam` obsahující proměnné `froude`, `chir`, `orth` a `tanypod`. `froude` bude obsahovat Froudeho čísla spočítaná pro jednotlivé lokality (tak, jak jsou v proměnné `froude` dataframu `env`), `chir`, `orth` a `tanypod` pak součty jedinců nejběžnějších podčeledí Chironominae, Orthocla-diinae a Tanypodinae resp. na jednotlivých lokalitách. Dataframe `subfam` tedy bude mít 27 řádků (lokalit) a 4 sloupce (proměnné).
7. Do dataframu `subfam` přidejte proměnnou `hab`, která bude odlišovat vzorky z různých habitatů. Bude to faktor s úrovněmi OM, P, R a VEG a vytvoříte jej z proměnné `hab` dataframu `env`. Úroveň OM vytvoříte sloučením úrovní `Ep_CPOM` a `Ep_FPOM`; P, R a VEG vytvoříte přejmenováním úrovní `Ep`, `Er` a `Er_VEG`, resp.
8. Rozdělte si grafické okno na 3 oddíly.
9. Pro každou ze tří nejběžnějších podčeledí zobrazte v bodovém grafu její logaritmované abundance proti Froudeho číslo. Použijte argument `main=` pro zobrazní názvu grafu a každý graf nazvěte podle zobrazované podčeledi.
10. Stejně jako v předchozím bodě zobrazte pro každou ze tří nejběžnějších podčeledí její logaritmované abundance proti Froudeho číslo, různými symboli ale odlište vzorky z odlišných habitatů `hab` dataframu `subfam`.
11. Seřadte úrovně faktoru `hab` podle mediánu Froudeho čísla, čili tak, aby v grafu byla první zobrazená úroveň s nejnižším mediánovým Froudeho číslem a poslední ta s nejvyšším. Zkontrolujte zobrazením boxplotu Froudeho čísla proti habitatu.
12. Pro každou ze tří nejběžnějších podčeledí zobrazte v boxplotu její logaritmované abundance proti habitatu. Použijte argument `main=` pro vytvoření názvu grafu a každý graf nazvěte podle zobrazované podčeledi.