

Procvičování 12 - řešení

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.

```
env<- read.delim("D:/My Dropbox/predmety/uvod do R/2013/cv12/env.txt", row.names= 1)
spe<- read.delim("D:/My Dropbox/predmety/uvod do R/2013/cv12/spe.txt", row.names= 1)
tax<- read.delim("D:/My Dropbox/predmety/uvod do R/2013/cv12/tax.txt", row.names= 1)
```

2. Vytvořte zkratky jmen druhů (jež jsou v hlavičce listu `spe`) a přejmenujte sloupce dataframu `spe` zkratkami.

```
# install.packages("vegan"), pokud není nainstalovány
library(vegan)

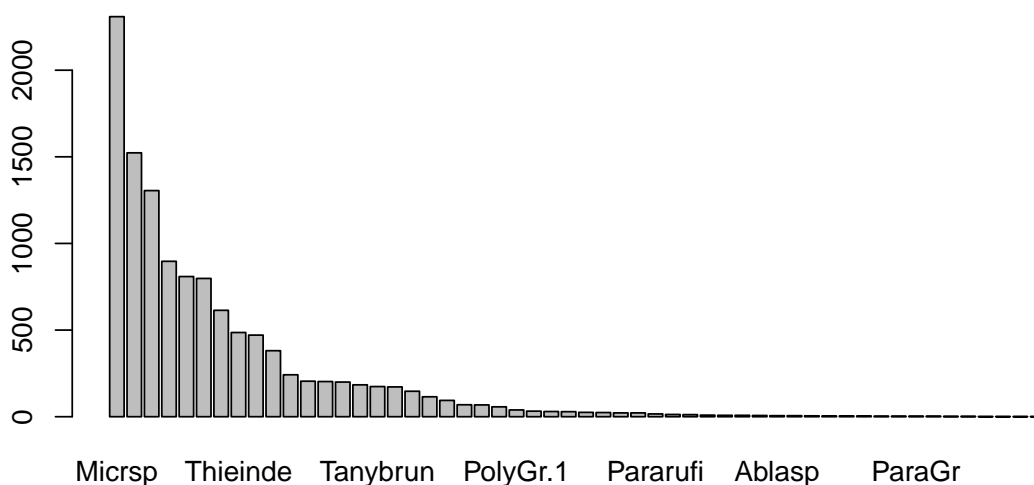
## Loading required package: permute
## Loading required package: lattice
## This is vegan 2.0-10

names(spe)<- make.cepnames(names(spe))
```

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.

```
# nejprve nahradim NA hodnoty nulami (pripadne mohu pouzivat argument na.rm= T ve funkcich,
# kde by mi NA hodnoty prekazely)
spe[is.na(spe)]<- 0

# zmenzeni okraju v grafickem okne
par(mar= c(4,4,4,1))
barplot(sort(colSums(spe), decreasing= T))
```



4. Zjistěte pro každou podčeleď, kolik celkem jedinců dané podčeledi bylo zaznamenáno.

```
# pouziju smycku, tak si nejprve vytvorim "prazdny" vysledny objekt,
# který pomoci smycky naplnim
res<- numeric(length= nlevels(tax$subfamily))
names(res)<- levels(tax$subfamily)

for(i in levels(tax$subfamily)){
  res[i]<- sum(spe[, tax$subfamily == i])
}
res
```

##	Diamesinae	Chironominae	Orthoclaadiinae	Prodiamesinae	Tanypodinae
##	58	4929	6189	147	545

5. Zjistěte, kolik druhů bylo v jednotlivých podčeledích zaznamenáno.

```
# pocet druhu v podceledich odpovida poctu vyskytu nazvu podceledi ve vektoru tax$subfamily
table(tax$subfamily)
```

##	Diamesinae	Chironominae	Orthoclaadiinae	Prodiamesinae	Tanypodinae
##	2	15	31	1	5

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, Orthoclaadiinae a Tanypodinae resp. na jednotlivých lokalitách. Dataframe *subfam* tedy bude mít 27 řádků (lokalit) a 4 sloupce (proměnné).

```
subfam<- data.frame(froude= env$froude,
  chir= rowSums(spe[, tax$subfamily == "Chironominae"]),
  orth= rowSums(spe[, tax$subfamily == "Orthoclaadiinae"]),
  tanypod= rowSums(spe[, tax$subfamily == "Tanypodinae"]))
```

```
subfam
```

```
##      froude chir orth tanypod
## s01 0.139193  41  92      6
## s02 0.175951  64 323     18
## s03 0.140536  55  80     10
## s04 0.046165  55 110     18
## s05 0.051925 100 327     62
## s06 0.070242 134 405     65
## s07 0.296715  19 232      7
## s08 0.427528   5 141      0
## s09 0.329023  14 202      3
## s10 0.407331  22 187      0
## s11 0.219511  14 163      3
## s12 0.522477 149 297      1
## s13 0.065500 378 102     83
## s14 0.181655  38 109      3
## s15 0.299809 337 368     17
## s16 0.167799   7 114      1
## s17 0.135520  13 226      4
## s18 0.242733 103 452      3
## s19 0.039662  47 135     16
## s20 0.476675  57 139     21
## s21 0.507082 195 1227     2
## s22 0.134698  49  59     13
## s23 0.127380  47  92      6
## s24 0.558432 268 395      6
## s25 0.539509  14  31      1
## s26 0.001813 2530 107    139
## s27 0.020319 174  74     37
```

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.

```
# nejprve si udelam kopii hab v subfam
subfam$hab<- env$hab

# pak uz jen upravit nazvy urovni
levels(subfam$hab)<- c('P', 'OM', 'OM', 'R', 'VEG')
subfam

##      froude chir orth tanypod hab
## s01 0.139193  41  92      6  P
## s02 0.175951  64 323     18  P
```

```
## s03 0.140536 55 80 10 P
## s04 0.046165 55 110 18 OM
## s05 0.051925 100 327 62 OM
## s06 0.070242 134 405 65 OM
## s07 0.296715 19 232 7 R
## s08 0.427528 5 141 0 R
## s09 0.329023 14 202 3 R
## s10 0.407331 22 187 0 VEG
## s11 0.219511 14 163 3 VEG
## s12 0.522477 149 297 1 VEG
## s13 0.065500 378 102 83 OM
## s14 0.181655 38 109 3 P
## s15 0.299809 337 368 17 VEG
## s16 0.167799 7 114 1 P
## s17 0.135520 13 226 4 P
## s18 0.242733 103 452 3 VEG
## s19 0.039662 47 135 16 P
## s20 0.476675 57 139 21 R
## s21 0.507082 195 1227 2 VEG
## s22 0.134698 49 59 13 P
## s23 0.127380 47 92 6 P
## s24 0.558432 268 395 6 VEG
## s25 0.539509 14 31 1 R
## s26 0.001813 2530 107 139 OM
## s27 0.020319 174 74 37 OM
```

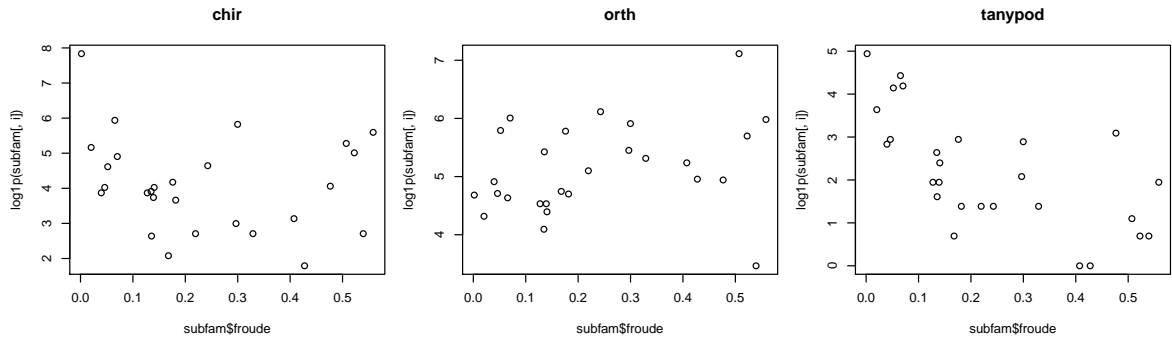
8. Rozdělte si grafické okno na 3 oddíly.

```
par(mfrow= c(1,3))
```

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.

```
# muzeme pouzít smyčku, ale nemusíme
par(mfrow= c(1,3), mar= c(4,4,4,1))

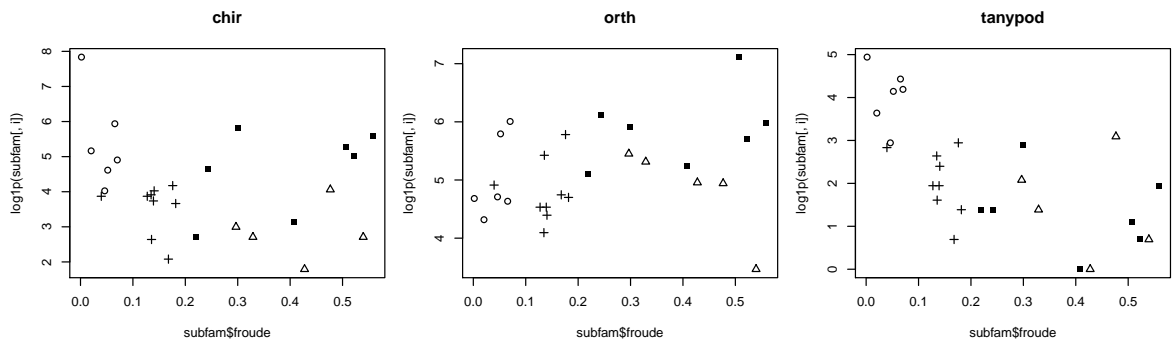
for(i in names(subfam)[2:4]){
  plot(log1p(subfam[, i]) ~ subfam$froude, main= i)
}
```



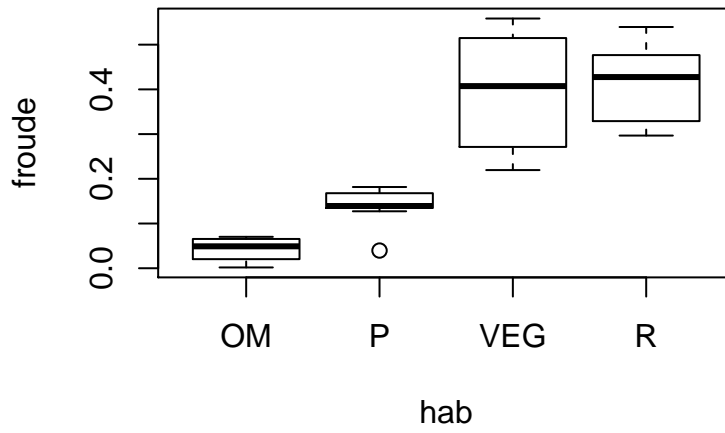
10. Stejně jako v předchozím bodě zobrazte pro každou ze tří nejběžnějších podčeledí její logaritmované abundance proti Froudeho číslo, různými symboli ale odlište vzorky z odlišných habitatů *hab* dataframu *subfam*.

```
par(mfrow= c(1,3), mar= c(4,4,4,1))

# opet se smyckou
for(i in names(subfam)[2:4]){
  plot(log1p(subfam[, i]) ~ subfam$froude, main= i, pch= c(3,1,2,15)[subfam$hab])
}
```



11. Seřadte úroveň 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.

