

## Procvičování 5

Natáhněte si pracovní prostředí z <http://www.sci.muni.cz/~syrovat/pakomari.RData>.

1. Převedte matici *spe* na dataframe a všechny její NA hodnoty nahraďte nulami (0).
2. Přejmenujte proměnné *gr\_env* a *velocity* dataframu *env* na *hab* a *vel*, resp.
3. Proměnnou *vel* dataframu *env* přepište absolutní hodnotou této proměnné (záporná rychlost proudu je nesmyslná).
4. V dataframu *env* vytvořte proměnnou *fr* obsahující hodnoty Froudeho čísla ( $Fr = U/(gD)^{1/2}$ , kde  $U$  = absolutní hodnota rychlosti proudu,  $D$  = hloubka,  $g = 9.81$ .)
5. Vytvořte dataframe *micr* (Podle druhu *Microtendipes chloris*) s proměnnými *depth*, *fr* a *abund*, obsahující hloubku a hodnoty Froudeho čísla dataframu *env* a abundance druhu *Microtendipes chloris* (zkratka *micrchgr*) dataframu *spe*. Řádky dataframu *micr* pojmenujte stejně jako řádky dataframu *env*.
6. V dataframu *micr* vytvořte proměnnou *abundL* s logaritmovanými abundancemi druhu *Microtendipes chloris*. Nula nejde logaritmovat, proto logaritmuje (hodnoty abundance + 1) a použijte přirozený logaritmus.
7. V dataframu *micr* vytvořte proměnnou *prezence*, obsahující jedničky (1) a dvojky (2) a odlišující kladné nenulové hodnoty abundance druhu *M. chloris* od nulových. Jedničky budou odpovídat nulovým, a dvojky kladným nenulovým hodnotám.
8. Vytvořte bodový graf (`plot()`) hloubky (*depth*, osa y) proti Froudeho číslu (osa x) a barevně a tvarem symbolu odlište lokality, kde *M. chloris* byl nalezen od těch, kde nebyl.
9. Z vektoru *prezence* vytvořte vektor jedniček (1) a patnáctek (15) *puntik* (místo dvojek budou patnáctky).
10. Vytvořte stejný graf jako v bodě 6, jen pro odlišení tvaru puntíků použijte *puntik*.
11. Barvy jdou specifikovat i slovně. Seznam pojmenovaných barev získáme příkazem `colors()`, nebo `colours()`. Vyberte si libovolné dvě a vytvořte vektor *barvy*, v němž se budou tyto dvě barvy opakovat podle stejného pravidla jako v bodech 5 a 7. Cílem je odlišit opět lokality s výskytem *M. chloris* od těch bez výskytu a použít k tomu nějaké hezké barvy.
12. Zdá se, že *M. chloris* nemá rád, když voda moc teče, že si spíš libuje v tůňích. Spočtete průměrné Froudeho číslo lokalit, kde se druh vyskytoval a těch, kde se nevyskytoval (tedy 2 hodnoty).
13. Zjistěte, na kolika lokalitách se druh vyskytoval a kolik z těchto lokalit je tůňových (Froudeho číslo  $\leq 0.23$ ).
14. Vytvořte dataframe *micrPool*, který bude obsahovat všechny proměnné dataframu *micr*, ale jen ta měření, kde Froudeho číslo bylo nižší nebo rovno než 0.23.
15. Z dataframu *micrPool* odstraňte proměnnou *prezence*.
16. Vytvořte vektor, v němž se bude opakovat pětkrát za sebou sekvence celých čísel od 1 do 5.
17. Uspřádejte tento vektor do matice o 5 řádcích a 5 sloupcích: (a) po sloupcích, (b) po řádcích.
18. Vytvořte matici *ones* jedniček o 9 řádcích a 6 sloupcích.
19. Matici *ones* vynásobte tak, aby výsledkem násobení byla matice *onesR*, která má v prvním řádku samé jedničky, ve druhém samé dvojky,... v devátém samé devítky.

20. Matici *ones* vynásobte tak, aby výsledkem násobení byla matice *onesC*, která má v prvním sloupci samé jedničky, ve druhém samé dvojky,... v šestém samé šestky.
21. Použijte postupně matice *onesR* a *onesC* jako subscript pro výběr jmen druhů z dataframu *spe*.
22. Aplikujte funkce `row()` a `col()` na matici *ones* a zamyslete se nad výsledkem. K čemu se tyto funkce hodí?
23. Jednou z možných transformací druhových dat předcházejících vícerozměrným analýzám je Wisconsin double standardization, která spočívá v tom, že abundance jednotlivých druhů nejprve standardizujeme druhovým maximem (hodnoty v každém sloupečku vydělíme maximální hodnotou daného sloupečku) a posléze lokální sumou (hodnoty každého řádku vydělíme sumou hodnot daného řádku). Do dataframu *spe.wis* standardizujte druhové abundance *spe* pomocí Wisconsin double standardization. (Nápověda: vektor druhových maxim získáme pomocí `sapply(spe, max)`).