

# Ćw. 1

## Podstawowe wykresy

### Funkcja plot

Wczytujemy dane dotyczące różnorodności gatunków (znajdują się w pliku [RBook.zip](#)). Wykres przedstawia zależność różnorodności i ilości substratów w ziemi.

```
Veg <- read.table(file="Vegetation2.txt",header =TRUE)
plot(Veg$BARESOIL, Veg$R)
#ewentualnie
plot(x = Veg$BARESOIL, y = Veg$R)
```

Dodajemy tytuł i opis osi:

```
plot(x = Veg$BARESOIL, y = Veg$R,
     xlab = "Exposed soil",
     ylab = "Species richness",
     main = "Scatter plot",
     xlim = c(0, 45),
     ylim = c(4, 19))
```

Aby zmienić symbole znaczące punkty używamy atrybutu pch=

```
plot(x = Veg$BARESOIL, y = Veg$R,xlab = "Exposed soil", ylab = "Species richness", main = "Scatter plot",
     xlim = c(0, 45), ylim = c(4, 19), pch = 8)
```

Zmiana koloru:

```
plot(x = Veg$BARESOIL, y = Veg$R,
     xlab = "Exposed soil",
     ylab = "Species richness", main = "Scatter plot",
     xlim = c(0, 45), ylim = c(4, 19),
     col = 2)
```

Inne kolory:

```
x <- 1:8
plot(x, col = x)
```

Jeśli chcielibyśmy narysować obserwacje od 1956 do 1974 roku jako czarne kwadraty, a te od 1981 do 2002, jako wypełnione czerwone kółka, to użyjemy kodu:

```
Veg$Time2 <- Veg$Time
Veg$Time2 [Veg$Time <= 1974] <- 15
Veg$Time2 [Veg$Time > 1974] <- 16
Veg$Col2 <- Veg$Time
Veg$Col2 [Veg$Time <= 1974] <- 1
Veg$Col2 [Veg$Time > 1974] <- 2
plot(x = Veg$BARESOIL, y = Veg$R,
     xlab = "Exposed soil",
     ylab = "Species richness", main = "Scatter plot",
     xlim = c(0, 45), ylim = c(4, 19),
     pch = Veg$Time2, col = Veg$Col2)
```

Zmiana rozmiaru symbolu:

```
plot(x = Veg$BARESOIL, y = Veg$R,
     xlab = "Exposed soil", ylab = "Species richness",
     main = "Scatter plot",
     xlim = c(0, 45), ylim = c(4, 19),
     pch = 16, cex = 1.5)
```

# Ćw. 2

# Graphics Devices in R

Zapoznajemy się z treścią dokumentu [graphicsdevices.pdf](#)

## Ćw. 3

### Zapis serii wykresów do pdf

Zaanalizujemy teraz zbiór danych zawierający obserwacje zachowania piskląt [sowy płomykówki](#). Jest to wynik pracy [Roulina i Bersiera](#) badających reakcję piskląt na przybycie do gniazda ich rodziców przynoszących zdobycz (użyto tu zestawu mikrofonów oraz kamer). Dane były zapisywane między 21.30 a 5.30.

Importujemy dane, na których będziemy pracować:

```
Owls <- read.table(file = "Owls.txt", header = TRUE)
names(Owls)
str(Owls)
```

Aby wyodrębnić dane dla jednego gniazda, trzeba najpierw znać nazwy gniazd. Można to zrobić za pomocą polecenia `unique()`:

```
unique(Owls$Nest)
```

Mamy 27 gniazd. Aby pobrać dane dla jednego z nich możemy użyć kodu:

```
Owls.ATV <- Owls[Owls$Nest=="AutavauxTV", ]
```

Uwaga przecinek po `Owls$Nest == "AutavauxTV"`, aby wybrać wiersze ramki danych. Nazwaliśmy wyodrębnione dane dla tego gniazda `Owls.ATV`, gdzie ATV odnosi się do nazwy gniazda. Procedura wykresu rozrzutu pokazująca czas przybycia w porównaniu do zachowania negocyjacyjnego dla danych w `Owls.ATV` wygląda następująco:

```
plot(x = Owls.ATV$ArrivalTime,
     y = Owls.ATV$NegPerChick,
     xlab = "Arrival Time", main = "AutavauxTV",
     ylab = "Negotiation behaviour")
```

Kod dla drugiego gniazda wymaga tylko małych modyfikacji:

```
Owls.Bot <- Owls[Owls$Nest == "Bochet", ]
plot(x = Owls.Bot$ArrivalTime,
     y = Owls.Bot$NegPerChick,
     xlab = "Arrival Time",
     ylab = "Negotiation behaviour", main = "Bochet")
```

Pytamy jak należy to zrobić kolejne 25 razy, albo w jaki sposób zminimalizować wymaganą ilość kodu? Po pierwsze, możemy zmienić nazwę ramki danych na coś bardziej abstrakcyjnego. Zamiast `Owls.ATV` lub `Owls.Bot` możemy użyć `Owls.i` jak poniżej:

```
Nest.i <- "Bochet"
Owls.i <- Owls[Owls$Nest == Nest.i, ]
plot(x = Owls.i$ArrivalTime,
     y = Owls.i$NegPerChick, xlab = "Arrival Time",
     ylab = "Negotiation behaviour", main = "Bochet")
```

Aby zapisać wykres do pliku należy wykonać następujące kroki:

1. Wybrać nazwę pliku. Może to być na przykład, `dowolnaNazwa.jpg`.
2. Otworzyć plik jpeg, wpisując `jpeg(file = "dowolnaNazwa.jpg")`.
3. Użyć polecenia `plot` aby wykonać wykresy. Po wpisaniu polecenia `jpeg`, R wyśle wszystkie wykresy do pliku JPEG, a wyjście graficzne nie pojawi się na ekranie.
4. Zamykamy plik jpeg, wpisując: `dev.off()`

```
Nest.i <- "Bochet"
Owls.i <- Owls[Owls$Nest == Nest.i, ]
YourFileName <- paste(Nest.i, ".jpg", sep="")
jpeg(file = YourFileName)
```

```
plot(x = Owls.i$ArrivalTime, y = Owls.i$NegPerChick,
      xlab = "Arrival Time", main = Nest.i,
      ylab = "Negotiation behaviour")
dev.off()
```

A tak wygląda gotowa pętla dla wszystkich gniazd:

```
AllNests <- unique(Owls$Nest)
for (i in 1:27){
  Nest.i <- AllNests[i]
  Owls.i <- Owls[Owls$Nest == Nest.i, ]
  YourFileName <- paste(Nest.i, ".jpg", sep = "")
  jpeg(file = YourFileName)
  plot(x = Owls.i$ArrivalTime, y = Owls.i$NegPerChick,
        xlab = "Arrival Time",
        ylab = "Negotiation behaviour", main = Nest.i)
  dev.off()
}
```

## Ćw. 4

### Pakiet Lattice

Pakiet Lattice jest już najczęściej zainstalowany w systemie R. Możemy go zacząć używać ładując za pomocą:

```
library(package = "lattice")
```

Wykonujemy polecenia z plików [An Introduction to Lattice](#) oraz [plottinglattice.pdf](#). Aby zainstalować wymaganą bibliotekę mlmRev, wpisujemy:

```
install.packages("mlmRev")
```

lub korzystamy z interfejsu graficznego RStudio: Tools \ Install Packages...

## Ćw. 6

### Praca domowa

1. Wykonaj
  1. wykres z pliku [An Introduction to Lattice](#) ze strony 8. Poznaj zbiór, który jest wykorzystany do utworzenia tego wykresu.
2. Napisz skrypt, który do ćw.1 wygeneruje na wykresie duże kółka dla obserwacji z 2002 i mniejsze dla obserwacji z innych lat.