**Ćwiczenie 1**

Dane zawarte w pliku **kasprowy.xls** reprezentują zmiany długości okresu wegetacyjnego w Tatrach w latach 1950-2015.

1. Po zaimportowaniu danych do R, przy użyciu pakietu ggplot2 stworzyć wykres punktowy zmian długości okresu wegetacyjnego w czasie
2. Zmienić punkty na trójkąty, zmienić ich rozmiar oraz kolor na zielony
3. Usunąć z wykresu tło i podziałkę
4. Zmienić nazwy osi i nadać wykresowi tytuł
5. Zmienić kolor nazw osi na czerwony i powiększyć ich rozmiar
6. Cały kod tworzenia i edycji wykresu zapisać w jednym ciągu

**Ćwiczenie 2**

Plik **lichenes1.xls** zawiera charakterystykę bioty porostów epifitycznych w Puszczy Białowieskiej w dwóch okresach czasowych (time: h=historyczne, n=powtórnie przebadane) oraz w dwóch typach lasu (habitat: decid i conif).

1. Po zaimportowaniu danych do R stworzyć wykres pudełkowy porównujący bogactwo gatunkowe (Rich) bioty porostów w dwóch okresach czasowych pomiędzy lasem iglastym i liściastym
2. Stworzyć wykres skrzypcowy z widocznym w środku „skrzypiec” pudełkiem
3. Zaimportowaną tabelkę przekształcić do postaci tabelki wąskiej
4. Stworzyć trzy wykresy pudełkowe na jednej stronie, gdzie pierwszy pokazywać będzie zmiany w udziale gatunków nitrofilnych (EIV\_N), drugi reprezentować będzie zmiany w bogactwie gatunkowym (Rich), a trzeci – zmiany w różnorodności gatunkowej (wskaźnik Shannona-Wienera; Shan)

**Ćwiczenie 3**

Badano różnice składu gatunkowego glebowych banków nasion i runa lasów grądowych Puszczy Białowieskiej w zależności od odległości od miejsc zimowego dokarmiania żubra. Dane poniżej:

upper<-zubry$mean.sor+zubry$sd

lower<-zubry$mean.sor-zubry$sd

zubry = data.frame(distance = c(0,25,75,125,175,225,300,400,500), mean.sor = c(0.7738,0.858,0.8613,0.8953,0.8813,0.8978,0.9023,0.9058,0.9176), sd = c(0.088274049,0.078667474,0.08790146,0.082450562,0.109470587,0.058464792,0.089643167,0.061119605,0.048331123))

zawierają:

* Wartości liczbowe w kolumnach lower i upper służące do obliczenia błędu standardowego, który będzie widoczny na wykresie w postaci „wąsów”
* Odległość od miejsca dokarmiania (distance)
* Średnie niepodobieństwo Sorensena pomiędzy próbami banku nasion i odpowiadającymi im próbami runa leśnego w danej klasie odległości (mean.sor)
* Odchylenie standardowe dla każdej z prób (sd)

1. Powyższe dane skopiować do skryptu w R
2. Stworzyć wykres błędu odległości od miejsca dokarmiania od średniego niepodobieństwa Sorensena
3. Zmienić grubość linii i szerokość „wąsów”

**Ćwiczenie 4**

Badano różnice składu gatunkowego mykoflory grzybów naporostowych w Puszczy Białowieskiej w zależności od gatunku drzewa . Powyższe dane zawarto w pliku **pasozyty.xls**.

1. Stworzyć skumulowany wykres słupkowy frekwencji (freq) pasożytów (parasite) na poszczególnych gatunkach drzew (tree)
2. Zmienić orientację wykresu
3. Zmienić skalę na osi y na od 0 do 150, co 20
4. Stworzyć „wykres polarny”
5. Ponieważ „wykres polarny” jest nieczytelny, przeprowadzić logarytmowanie danych za pomocą funkcji log i ponownie stworzyć „wykres polarny”