**Ćwiczenie 1**

Badano skład gatunkowy gatunków roślin w runie oraz w glebowym banku nasion (plik **runo.bank.csv**) lasu grądowego Puszczy Białowieskiej.

1. Zaimportować dane do R
2. Za pomocą funkcji vegdist w bibliotece vegan stworzyć macierz niepodobieństwa Bray-Curtisa
3. Wyniki macierzy zobrazować za pomocą dendrogramów używając metody najbliższego i najdalszego sąsiada oraz metodą centroidów. Czy są obecne różnice? Która metoda okazuje się najlepsza do analizy powyższych danych?
4. Dendrogram najlepiej obrazujący wyniki

- korzystając z biblioteki ape zobrazować za pomocą różnych metod graficznych (triangle, unrooted, fan i radial)

- zmienić jego orientację na poziomą

- zmienić kolor, typ linii oraz kolor tekstu

- podzielić na dwie klasy

**Ćwiczenie 2**

Badano skład gatunkowy zbiorowisk wyleżyskowych w Tatrach w dwóch okresach czasowych (1927: litera „k” przy nazwie powierzchni oraz 2015: litera „n” przy nazwie powierzchni). Dane zawarto w pliku **snowbeds1.csv**.

1. Korzystając z funkcji beta.pair (biblioteka betapart) stworzyć macierz niepodobieństwa Sorensena pomiędzy próbami
2. Dane z macierzy zobrazować w postaci dendrogramu wybierając najlepszą strategię
3. Nazwy powierzchni na dendrogramie zrównać do jednej linii
4. Jakie jest średnie niepodobieństwo składu gatunkowego Sorensena pomiędzy wszystkimi próbami?
5. Jakie jest średnie niepodobieństwo składu gatunkowego Sorensena pomiędzy próbami z 1927 a próbami z 2015 roku?

**Ćwiczenie 3**

Badano skład gatunkowy wysokogórskich muraw granitowych (plik **granit.csv**) i nawapiennych (plik **wapien.csv**).

1. Dla każdego typu siedliska obliczyć średni wskaźnik różnorodności Shannona-Wienera i wskazać siedlisko o większej różnorodności gatunkowej
2. Dla każdego typu siedliska obliczyć średni wskaźnik równocenności Pielou. O czym mówi wskaźnik i czy są różnice pomiędzy dwoma siedliskami?