**Ćwiczenie 1**

Dane zawarte w pliku **carex.fito.csv** reprezentują skład gatunkowy wyleżysk i muraw granitowych w Tatrach Wysokich z oraz bez obecności turzycy Lachenala – gatunku narażonego na wymarcie, a w Polsce występującego tylko w Tatrach. Dane w pliku **cechy.carex.csv** zawierają średnie ważone cech funkcjonalnych roślin, obliczone dla każdej powierzchni badawczej, dane obecności turzycy na powierzchniach badawczych (carex: 1=obecna, 0=nieobecna) oraz dane siedliskowe (habitat: grassland, snowbed).

1. Wczytać dane składu gatunkowego oraz dane ze średnimi ważonymi cech funkcjonalnych roślin
2. Czy konieczna jest transpozycja danych składu gatunkowego?
3. Przeprowadzić analizę DCA
4. Dokonać ekstrakcji współrzędnych dla pierwszej i drugiej osi ordynacyjnej
5. Z obiektu zawierającego średnie ważone cech funkcjonalnych roślin tworzyć obiekt typu envfit
6. Dokonać ekstrakcji współrzędnych wektorów pasywnych
7. Przy użyciu pakietu ggplot2 stworzyć diagram ordynacyjny, gdzie różnymi symbolami oznaczone będą powierzchnie z oraz bez obecności turzycy Lachenala, a różnymi kolorami wyleżyska i murawy granitowe
8. Do diagramu dodać pasywne wektory zmiennych środowiskowych

**Ćwiczenie 2**

Badano różnorodność gatunkową wysokogórskich ziołorośli higrofilnych (**plik tallherbs.csv**) po około 100 latach od pierwszych badań. Dane w tabeli uszeregowane są w następujący sposób: spis historyczny, spis nowy, spis historyczny, spis nowy itd.

1. Wczytać dane do R
2. Czy konieczna jest transpozycja danych składu gatunkowego?
3. Fragment kodu poniżej skopiować do R. Posłuży on do pokolorowania punktów na wykresie w zależności od okresu czasowego.

time<-rep(c("historical", "resampled"),11)

id<-c(1,1,2,2,3,3,4,4,5,5,6,6,7,7,8,8,9,9,10,10,11,11)

id.time<-as.data.frame(cbind(time, id))

1. Przeprowadzić analizę DCA.
2. Dokonać ekstrakcji współrzędnych dla pierwszej i drugiej osi ordynacyjnej
3. Przy użyciu pakietu ggplot2 stworzyć diagram ordynacyjny, gdzie różnymi kolorami zaznaczone będą punkty reprezentujące skład gatunkowy ziołorośli w 1927 roku oraz skład gatunkowy w roku 2015.

**Ćwiczenie 3**

Badano różnice w składzie gatunkowym gatunków roślin na wyleżyskach w Tatrach pomiędzy dwoma okresami czasowymi (1927 i 2015; plik**snowbeds1.csv**)

1. Wczytać dane do R i przeprowadzić analizę DCA
2. Fragment kodu poniżej skopiować do R. Posłuży on do wyrysowania elips na wykresie.

time.s<-rep(c("1927", "2015"),15)

id.s<-c(1,1,2,2,3,3,4,4,5,5,6,6,7,7,8,8,9,9,

10,10,11,11,12,12,13,13,14,14,15,15)

id.time.s<-as.data.frame(cbind(time.s, id.s))

1. Przy użyciu pakietu ggplot2 stworzyć diagram ordynacyjny, gdzie różnymi kolorami zaznaczone będą punkty reprezentujące skład gatunkowy wyleżysk w dwóch okresach czasu.
2. Wokół dwóch chmur punktów wyrysować elipsy.
3. Dodać linie pomiędzy każdym punktem z 1927 a każdym z 2015 roku.

**Ćwiczenie 4\***

W pliku **samples.lasy.csv** zawarto dane składu gatunkowego podgórskich lasów łęgowych Sudetów. Plik **odleglosci.csv** reprezentuje odległości każdej powierzchni badawczej od najbliższego cieku wodnego.

1. Przeprowadzić analizę DCA i dokonać ekstrakcji współrzędnych dla pierwszej i drugiej osi ordynacyjnej
2. Przy użyciu pakietu ggplot2 stworzyć diagram ordynacyjny, gdzie odległość od cieku wodnego wyrażona będzie wielkością punktu w przestrzeni ordynacyjnej

**Ćwiczenie 5**

Badano różnorodność okrzemków w stawach w Wielkiej Brytanii (plik **ponds.spp.csv**) w zależności od różnych czynników środowiskowych (plik **ponds.env.csv**).

1. Przeprowadzić analizę CCA.
2. Dokonać ekstrakcji współrzędnych dla pierwszej i drugiej osi ordynacyjnej
3. Dokonać ekstrakcji współrzędnych aktywnie nałożonych zmiennych środowiskowych
4. Przy użyciu pakietu ggplot2 stworzyć diagram ordynacyjny z aktywnie nałożonymi wektorami reprezentującymi zmienne środowiskowe.