talk05 练习与作业

目录

0.1	练习和作业说明	1
0.2	Talk05 内容回顾	1
0.3	练习与作业: 用户验证	1
0.4	练习与作业 1:dplyr 练习	2

0.1 练习和作业说明

将相关代码填写入以"'{r}"'标志的代码框中,运行并看到正确的结果;

完成后,用工具栏里的"Knit" 按键生成 PDF 文档;

将 PDF 文档改为: 姓名-学号-talk05 作业.pdf, 并提交到老师指定的平台/钉群。

0.2 Talk05 内容回顾

- dplyr、tidyr (超级强大的数据处理) part 1
 - pipe
 - dplyr 几个重要函数

0.3 练习与作业:用户验证

请运行以下命令,验证你的用户名。

目录 2

如你当前用户名不能体现你的真实姓名,请改为拼音后再运行本作业!

Sys.info()[["user"]]

[1] "wchen"

Sys.getenv("HOME")

[1] "/Users/wchen"

getwd(); ## 显示当前工作目录

[1] "/Users/wchen/workspace/华中科技大学/06 - 学生培养/060 - 教学/062-本科教学/R for

0.4 练习与作业 1: dplyr 练习

0.4.1 使用 mouse.tibble 变量做统计

- 每个染色体(或 scaffold)上每种基因类型的数量、平均长度、最大和最小长度、挑出最长和最短的基因
- 去掉含有 500 以下基因的染色体 (或 scaffold), 按染色体 (或 scaffold)、数量高 -> 低进行排序

挑战题 (可选做):

实现上述目标(即: 去掉少于 500 基因的染色体、排序、并统计)时不使用中间变量;

代码写这里,并运行;

0.4.2 使用 grades2 变量做练习

首先,用下面命令生成 grades2 变量:

目录 3

然后统计: 1. 每个人最差的学科和成绩分别是什么? 2. 哪个职业的平均成绩最好? 3. 每个职业的最佳学科分别是什么(按平均分排序)???

代码写这里,并运行;

0.4.3 使用 starwars 变量做计算

- 1. 计算每个人的 BMI;
- 2. 挑选出肥胖 (BMI >= 30) 的人类, 并且只显示其 name, sex 和 homeworld;

代码写这里,并运行;

- 3. 挑选出所有人类;
- 4. 按 BMI 将他们分为三组, <18, 18~25, >25, 统计每组的人数, 并用 barplot 进行展示; 注意: 展示时三组的按 BMI 从小到大排序;
- 5. 改变排序方式,按每组人数从小到大排序;

代码写这里,并运行;

6. 查看 starwars 的 films 列,它有什么特点? data.frame 可以实现类似的功能吗?

答:

目录 4

7. 为 starwars 增加一列,用于统计每个角色在多少部电影中出现。

代码写这里,并运行;

0.4.4 使用 Theoph 变量做练习

注: 以下练习请只显示结果的前 6 行;

1. 选取从 Subject 到 Dose 的列; 总共有几列?

代码写这里,并运行;

2. 用 filter 选取 Dose 大于 5, 且 Time 高于 Time 列平均值的行;

代码写这里,并运行;

3. 用 mutate 函数产生新列 trend, 其值为 Time 与 Time 列平均值的差; 注意:请去除可能产生的 na 值;

代码写这里,并运行;

- 4. 用 mutate 函数产生新列 weight_cat , 其值根据 Wt 的取值范围而不同:
- 如果 Wt > 76.2, 为 'Super-middleweight', 否则
- 如果 Wt > 72.57, 为 'Middleweight', 否则
- 如果 Wt > 66.68, 为 'Light-middleweight'
- 其它值, 为'Welterweight'