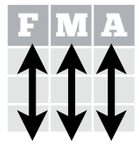
利用dplyr和tidyr进行数据再加工速查表

RStudio

由supstat ANALYTICS 翻译

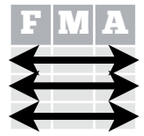
整洁数据 - 在R中进行数据再加工的基础

在一个整洁的数据集中:



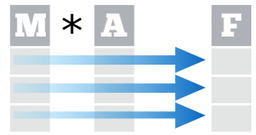
每个变量的数据存储在其自身的列中

&



每个观测值的数据存储在其自身的行中

整洁数据与R语言的向量化操作相辅相成。当你在使用变量进行操作时，R会自动保存你的数据记录。任何其他语言都不能像R一样灵活运作。



语法 - 有用的数据再加工规则

dplyr::**tbl_df(iris)**

将数据转化为tbl类。相比数据框，tbl更易于查看。R只会显示适合屏幕大小的数据:

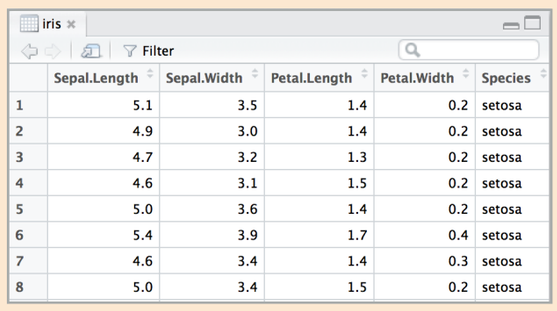
```
Source: local data frame [150 x 5]

   Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length
1           5.1         3.5          1.4
2           4.9         3.0          1.4
3           4.7         3.2          1.3
4           4.6         3.1          1.5
5           5.0         3.6          1.4
..          ...         ...          ...
Variables not shown: Petal.Width (dbl),
  Species (fctr)
```

dplyr::**glimpse(iris)**

tbl数据的信息密集概括。

utils::**View(iris)**

在电子表格样式的显示中查看数据集。（标为大写V）。



	Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species
1	5.1	3.5	1.4	0.2	setosa
2	4.9	3.0	1.4	0.2	setosa
3	4.7	3.2	1.3	0.2	setosa
4	4.6	3.1	1.5	0.2	setosa
5	5.0	3.6	1.4	0.2	setosa
6	5.4	3.9	1.7	0.4	setosa
7	4.6	3.4	1.4	0.3	setosa
8	5.0	3.4	1.5	0.2	setosa

dplyr::**%>%**

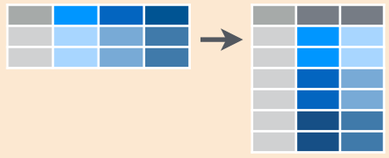
将左边的对象作为第一个参数（或参数 .）传递到右边的函数中。

```
x %>% f(y) 相当于 f(x, y)
y %>% f(x, ., z) 相当于 f(x, y, z )
```

利用%>%进行“Piping”管道操作增强了代码的可读性，例如:

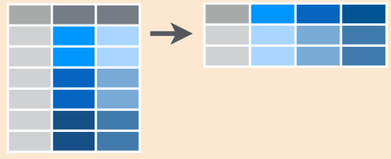
```
iris %>%
  group_by(Species) %>%
  summarise(avg = mean(Sepal.Width)) %>%
  arrange(avg)
```

重组数据 - 改变数据集的布局



tidyr::**gather(cases, "year", "n", 2:4)**

将列聚集成行。

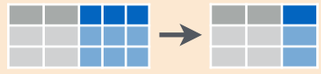


tidyr::**spread(pollution, size, amount)**

将行展开为列。

tidyr::**separate(storms, date, c("y", "m", "d"))**

将单列分离成多列。



tidyr::**unite(data, col, ..., sep)**

将多列统一为单列。

dplyr::**data_frame(a = 1:3, b = 4:6)**

将向量合并成数据框（已优化）

dplyr::**arrange(mtcars, mpg)**

对单列中的行数据值进行排序（从低到高）。

dplyr::arrange(mtcars, **desc(mpg)**)

对单列中的行数据值进行排序（从高到低）。

dplyr::**rename(tb, y = year)**

重命名数据框中的列变量。

子集观测值 (行)

dplyr::**filter(iris, Sepal.Length > 7)**

抽取符合逻辑条件的数据记录。

dplyr::**distinct(iris)**

删除重复记录。

dplyr::**sample_frac(iris, 0.5, replace = TRUE)**

随机选取部分数据记录。

dplyr::**sample_n(iris, 10, replace = TRUE)**

随机选取n条数据记录。

dplyr::**slice(iris, 10:15)**

通过位置选取数据记录。

dplyr::**top_n(storms, 2, date)**

选取并排列前n条数据记录 （若为分组数据则按组排序）

R中的逻辑运算 - ?Comparison, ?base::Logic

<	小于	!=	不等于
>	大于	%in%	组成员
==	等于	is.na	为缺失值
<=	小于或等于	!is.na	不为缺失值
>=	大于或等于	&,|,!,xor,any,all	Boolean运算符

通过devtools::install_github("rstudio/EDAWR") 获取数据集

子集变量 (列)

dplyr::**select(iris, Sepal.Width, Petal.Length, Species)**

通过列名或帮助函数选取列变量。

选取操作的帮助函数 - ?select

select(iris, contains("."))
选取名称中含有字符的列。

select(iris, ends_with("Length"))
选取名称以指定字符串结尾的列。

select(iris, everything())
选取每一列。

select(iris, matches(".t."))
选取名称符合指定表达式规则的列。

select(iris, num_range("x", 1:5))
选取名为x1、x2、x3、x4、x5的列。

select(iris, one_of(c("Species", "Genus")))
选取名称在指定名字组内的列。

select(iris, starts_with("Sepal"))
选取名称以指定字符串为首的列。

select(iris, Sepal.Length:Petal.Width)
选取在Sepal.Length和Petal.Width之间的所有列（包含Sepal.Length和Petal.Width）。

select(iris, -Species)
选取除Species以外的所有列。

本介绍由SupStat Inc.翻译。英文网址：supstat.com 中文网址：supstat.com.cn

通过命令browseVignettes(package = c("dplyr", "tidyr"))知道更多 • dplyr 0.4.0• tidyr 0.2.0 • Updated: 1/15

概述数据

dplyr::**summarise(iris, avg = mean(Sepal.Length))**
将数据概括为单行数值。

dplyr::**summarise_each(iris, funs(mean))**
对每一列运行概述函数。

dplyr::**count(iris, Species, wt = Sepal.Length)**
计算各变量中每一个特定值的行数（带权重或不带权重）。

利用**概述函数**概括数据信息，输入数值向量而返回单一数值，如：

dplyr::**first**
向量的第一个值。

dplyr::**last**
向量的最后一个值。

dplyr::**nth**
向量的第n个值。

dplyr::**n**
向量中元素的个数。

dplyr::**n_distinct**
向量中的不同元素的个数。

IQR
向量的IQR（四分位距）。

min
向量中的最小值。

max
向量中的最大值。

mean
向量中的均值。

median
向量中的中位数。

var
向量中的方差。

sd
向量中的标准差。

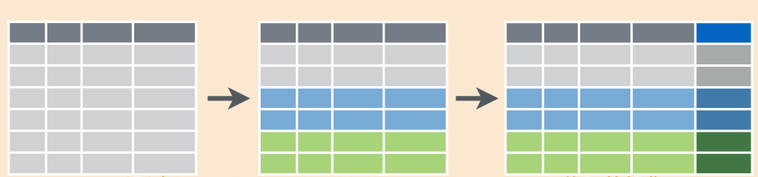
分组数据

dplyr::**group_by(iris, Species)**
把在Species中的值相同的数据组合成行。

dplyr::**ungroup(iris)**
从数据框中移除组合信息。

iris %>% group_by(Species) %>% summarise(...)
为每一个分组分别计算行概述。

iris %>% group_by(Species) %>% mutate(...)
按组计算新变量。



通过devtools::install_github("rstudio/EDAWR") 获取数据集

创建新变量

dplyr::**mutate(iris, sepal = Sepal.Length + Sepal. Width)**
计算并添加一个或多个新列。

dplyr::**mutate_each(iris, funs(min_rank))**
对每一列运行窗体函数。

dplyr::**transmute(iris, sepal = Sepal.Length + Sepal. Width)**
计算一个或多个新列并删除原列。

利用窗体函数变换数据，输入数值向量而返回另外的数值向量，如：

dplyr::**lead**
把除第一个值以外的所有元素提前，最后一个元素为NA。

dplyr::**lag**
把除最后一个值以外的元素延后，第一个元素为NA。

dplyr::**dense_rank**
无缝排序。

dplyr::**min_rank**
排序。并列时，其他序号顺延。

dplyr::**percent_rank**
把数据在[0, 1]中重组并排列。

dplyr::**row_number**
排序。并列时，位置在前的并列数据序号在前。

dplyr::**ntile**
把向量分为n份。

dplyr::**between**
数值是否在a和b之间?

dplyr::**cume_dist**
累积分布。

dplyr::**cumall**
累积all函数

dplyr::**cumany**
累积any函数

dplyr::**cummean**
累积mean函数

cumsum
累积sum函数

cummax
累积max函数

cummin
累积min函数

cumprod
累积prod函数

pmax
针对元素的max函数

pmin
针对元素的min函数

合并数据集

a

x1	x2
A	1
B	2
C	3

+

b

x1	x3
A	T
B	F
D	T

=

转换与合并

x1	x2	x3
A	1	T
B	2	F
C	3	NA

dplyr::**left_join(a, b, by = "x1")**
向数据集a中加入匹配的数据集b记录。

x1	x3	x2
A	T	1
B	F	2
D	T	NA

dplyr::**right_join(a, b, by = "x1")**
向数据集b中加入匹配的数据集a记录。

x1	x2	x3
A	1	T
B	2	F

dplyr::**inner_join(a, b, by = "x1")**
合并数据。仅保留匹配的记录。

x1	x2	x3
A	1	T
B	2	F
C	3	NA
D	NA	T

dplyr::**outer_join(a, b, by = "x1")**
合并数据。保留所有记录，所有行。

筛选与合并

x1	x2
A	1
B	2

dplyr::**semi_join(a, b, by = "x1")**
数据集a中能与数据集b匹配的记录。

x1	x2
C	3

dplyr::**anti_join(a, b, by = "x1")**
数据集a中与数据集b不匹配的记录。

y

x1	x2
A	1
B	2
C	3

+

z

x1	x2
B	2
C	3
D	4

=

集处理

x1	x2
B	2
C	3

dplyr::**intersect(y, z)**
均出现在数据集y和z中的记录。

x1	x2
A	1
B	2
C	3
D	4

dplyr::**union(y, z)**
出现在数据集y或z中的记录。

x1	x2
A	1

dplyr::**setdiff(y, z)**
仅出现在数据集y而不在z中的记录。

捆绑

x1	x2
A	1
B	2
C	3
B	2
C	3
D	4

dplyr::**bind_rows(y, z)**
把数据集z作为新的行添加到y中。

x1	x2	x1	x2
A	1	B	2
B	2	C	3
C	3	D	4

dplyr::**bind_cols(y, z)**
把数据集z作为新的列添加到y中。
注意：数据按所在位置匹配。

Learn more with **browseVignettes(package = c("dplyr", "tidyr"))** • dplyr 0.4.0• tidyr 0.2.0 • Updated: 1/15