Introduction à R partie 2

L'organisation des données sous R

v <- 1:10

v1 <- seq(from=3, to=21, by=2)

v2 <- seq(from=2, by=3, length=10)</pre>

```
v3 <- seq(from=1, to=50, length=100)
```

```
v4 <- rep(1:2, times=3)
v5 <- rep(1:2, each=3)
```

```
length(v1)
## [1] 10
mean(v2)
## [1] 15.5
sd(v3)
## [1] 14.35922
```

```
exp(v1)
```

- ## [1] 2.008554e+01 1.484132e+02 1.096633e+03 8.103084e+03 5.987414e+04
- ## [6] 4.424134e+05 3.269017e+06 2.415495e+07 1.784823e+08 1.318816e+09

log(v2)

- **##** [1] 0.6931472 1.6094379 2.0794415 2.3978953 2.6390573 2.8332133 2.9957323
- ## [8] 3.1354942 3.2580965 3.3672958

Quelques fonctions sur les vecteurs

```
v7 <- rep(v2, times = 3)
# classer
sort(v7)

## [1] 2 2 2 5 5 5 8 8 8 8 11 11 11 14 14 14 17 17 17 20 20 20 23 23
## [24] 23 26 26 26 29 29 29

rev(v7)

## [1] 29 26 23 20 17 14 11 8 5 2 29 26 23 20 17 14 11 8 5 2 29 26 23
## [24] 20 17 14 11 8 5 2</pre>
```

Quelques fonctions sur les vecteurs

```
# compter le nombre d'occurence de chaque valeur
table(v7)
## v7
## 2 5 8 11 14 17 20 23 26 29
##
   3 3 3 3 3 3 3 3 3
# extraire les valeurs uniques
unique(v7)
   [1] 2 5 8 11 14 17 20 23 26 29
##
```

Un vecteur de chaine de caractères

```
ch1 <- c("traitement_1")
ch2 <- c("traitement_2", "traitement_3")
ch3 <- c(ch1, ch2)
length(ch3)</pre>
```

```
## [1] 3
```

Les tableaux (dataframe)

```
df1 <- data.frame(v1, v2, v3)
df2 <- data.frame(ch1, ch2)
df3 <- data.frame(v=1:4, ch=c("a","b","b","c"), n=10)</pre>
```

Les tableaux (dataframe)

```
x < -c(1:10)
y < -c(2:11)
df4 \leftarrow cbind(x,y)
df5 \leftarrow rbind(x,y)
# ajouter les intitulés des colonnes
colnames(df4) <- ch2
```

Les matrices (matrix)

```
m <- matrix(1:12, nrow=4, ncol=3)
m1 <- m+1
m2 <- m*2
m3 <- t(m2) # transposé d'une matrice
m4 <- m1*m2</pre>
```

Les matrices (matrix) dim(m2)## [1] 4 3 dim(m3) ## [1] 3 4 sum(m)

[1] 78

[1] 6.5

mean(m)

```
class(v)
## [1] "integer"
class(df1)
## [1] "data.frame"
class(m)
## [1] "matrix"
```

Indexation des vecteurs

```
x<-1:20*pi
x[10] #le 10ème élément de l'objet x
## [1] 31.41593
```

```
x[-1] #tous les éléments de x sauf le premier
```

```
## [1] 6.283185 9.424778 12.566371 15.707963 18.849556 21.991149 25.132741 
## [8] 28.274334 31.415927 34.557519 37.6799112 40.840704 43.982297 47.123890 
## [15] 50.265482 53.407075 56.548668 59.690260 62.831853
```

x[1:10]

Indexation des vecteurs

```
[1] 3.141593 6.283185 9.424778 12.566371 15.707963
##
##
    [8] 25.132741 28.274334 31.415927
x[c(1, 4, 2)]
## [1] 3.141593 12.566371 6.283185
x[c(5:10, 15:20)]
##
    [1] 15.70796 18.84956 21.99115 25.13274 28.27433 31.41
##
    [8] 50.26548 53.40708 56.54867 59.69026 62.83185
```

Indexation des matrices

```
m[1,2] #l'élément de la ligne i, colonne j
```

[1] 5

```
Indexation
   Indexation des matrices
   m[1,] #toute la ligne i
   ## [1] 1 5 9
   m[,2] #toute la colonne j
   ## [1] 5 6 7 8
   m[,c(1,3)] #les colonnes 1 et 3
   ## [,1] [,2]
   ## [1,] 1 9
   ## [2,] 2 10
   ## [3,] 3 11
   ## [4,] 4 12
```

Indexation des dataframes

Les matrices et les dataframes sont indexés de la même façon.

```
df3[["ch"]] # les éléments de la colonne nommée "ch"

## [1] a b b c

## Levels: a b c

## [1] a b b c

## [1] a b b c

## Levels: a b c
```

Sélection des éléments

Dans un vecteur

▶ Sélection des éléments de x suivant des critères:

```
x[x>10]
## [1] 12.56637 15.70796 18.84956 21.99115 25.13274 28.274
## [8] 34.55752 37.69911 40.84070 43.98230 47.12389 50.269
## [15] 56.54867 59.69026 62.83185

x[x>10 & x<16]</pre>
```

```
## [1] 12.56637 15.70796
```

Sélection des éléments

Dans un tableau

▶ Sélection des éléments du tableau data suivant des critères:

```
data <- read.csv("data/data_poisson.csv")
data_demersal <- subset(data, position == "demersal")
newdata <- subset(data, groupe=="poisson" & life_span > 5)
```

Sélection des éléments

Dans un tableau

► Remplacer une valeur dans un tableau

```
data2 <- data
data2$life_span[data2$life_span==2] <- 1000</pre>
```

Statistiques conditionnelles dans un tableau

```
tapply(X=data$catch_2001, INDEX=data$groupe, FUN=mean)
## cephalopod crustacea fish
## 1346606 2001715 1985685
```

- Calculez la somme des captures en 2005 en fonction de la position des espèces dans la colonne d'eau.
- ► Enregistrez les sorties dans l'objet : result

Enregistrer les sorties

```
write.csv(result, file="My_results.csv")
```

Fonctions mathématiques

```
x < -m[1,] *pi
y<-m[2,]/pi
max(x)
## [1] 28.27433
min(x)
## [1] 3.141593
range(x)
## [1] 3.141593 28.274334
```

Fonctions mathématiques

```
sum(x)
## [1] 47.12389
prod(x)
## [1] 1395.282
mean(x)
## [1] 15.70796
median(x)
## [1] 15.70796
quantile(x)
```

Fonctions mathématiques

```
rank(x)
## [1] 1 2 3
var(x)
## [1] 157.9137
cor(x, y)
## [1] 1
round(x, 2)
## [1] 3.14 15.71 28.27
```

Excercise

Dessous les mesures d'échantillionnage de bivalve dans une lagune.

```
mussel.count <- c(20, 19, 13, 17, 21, NA, 19, 17, 24, 23, 18, 24, 23, 20, 15)
mussel.area<-c("area1", "area1", "area1", "area1", "area2", "area2", "area2", "area2", "area3", "area3", "area3", "area3")
```

- 1/ Entrer les données R en format vecteur
- 2/ Créer un tableau à partir des vecteurs
- 3/ Enregistrer les données dans votre répertoire de travail sous format csv
- 4/ Lire le fichier que vous avez enregistrer et vérifier les données
- 5/ Calculer la moyenne, écart-type, somme et variance de l'abondance des moules par zone et les mettre dans un vecteur