R语言数据对象I



Huiping Sun(孙惠平) sunhp@ss.pku.edu.cn

R Data I

上节课回顾

- 课程简介:
- 数据分析简介: 数据; 数据分析; 过程;目的; 数据展现; 数据分析报告;
- R软件简介: 历史; 优点; 安装; R Gui; RStudio;
- R基本使用:解释性语言;>;<-;#,表达式;区分大小写;
- demo: graphics; image; Hershey; persp;
- 包函数: install.package(); library(); search(); update.package();
- 工作空间函数: getwd(); setwd(); history(); savehistory(); loadhistory();
 save.image();
 c(); mean(); sd(); cor(); plot();
- 输入输出函数: source(); sink(); dev.off(); pdf(); png(); jpeg(); bmp(); map();
- 帮助函数: help.start(); help(); ?; example(); data(); rnorm(); density();

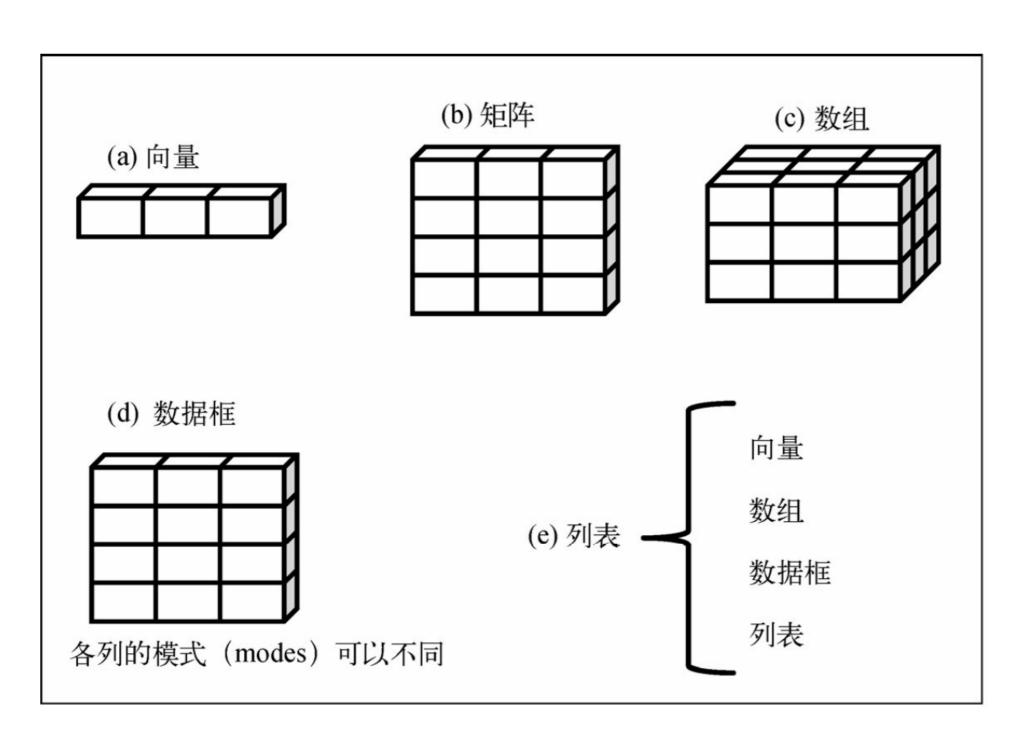
数据集

表2-1 病例数据

病人编号 (PatientID)	入院时间 (AdmDate)	年龄 (Age)	糖尿病类型 (Diabetes)	病情 (Status)
1	10/15/2009	25	Type1	Poor
2	11/01/2009	34	Type2	Improved
3	10/21/2009	28	Type1	Excellent
4	10/28/2009	52	Type1	Poor

- 数据集通常是由数据构成的一个矩形数组,行表示观测,列表示变量。
- R中有许多用于存储数据的结构,包括标量、向量、数组、数据框和列表。 表。
- R可以处理的数据类型(模式)包括数值型、字符型、逻辑型(TRUE / FALSE)、复数型(虚数)和原生型(字节)。
- 在R中,对象(object)是指可以赋值给变量的任何事物,包括常量、数据结构、函数,甚至图形。

数据结构



- 定义
- 提取
- 操作

图2-1 R中的数据结构

R Data I

向量

- 向量是用于存储数值型、字符型或逻辑型数据的一维数组。执行组合功能的函数c()可用来创建向量。
- 通过在方括号中给定元素所处位置的数值,我们可以访问向量中的元素。
- 使用冒号(:)用于生成一个数值序列。

创建向量和访问向量

• a < -c(1, 2, 5, 3, 6, -2, 4)

数值类型

b <- c("one", "two", "three")

字符类型

• c <- c(TRUE, FALSE, TRUE, FALSE)

逻辑类型

定义

提取

- a <- c(1, 2, 5, 3, 6, -2, 4)
- a[3]
- a[c(1,3,5)]
- a[2:6]

向量生成: c()和:

c()可以将不同的向量合并成一个更长的向量

```
> y <- c(1,5,2)
> z <- c(x,0,y)
> z
[1] 8.2 3.7 4.5 5.6 7.3 0.0 1.0 5.0 2.0
```

: 可以生成步长为1的等差数列(向量)

```
> 1:5
[1] 1 2 3 4 5
> 5:1
[1] 5 4 3 2 1
> 1.2:5
[1] 1.2 2.2 3.2 4.2
> 5.2:1
[1] 5.2 4.2 3.2 2.2 1.2
```

:运算优先于四则运算

```
> 1:9-1

[1] 0 1 2 3 4 5 6 7 8

> 1:(9-1)

[1] 1 2 3 4 5 6 7 8
```

向量生成: seq()和rep()

- seq()函数用来生成等距间隔的数列。
- 基本形式是: seq(from=value), to=value2, by=value3), 表示从value1开始, 到value2结束,中间间隔为value3;
- 另一个使用形式为: seq(length=value2,from=value1,by=value3)。

```
大
设置
```

```
> seq(-2,2,0.5)
[1] -2.0 -1.5 -1.0 -0.5 0.0 0.5 1.0 1.5 2.0
> seq(length=9,from=-2,by=0.5)
[1] -2.0 -1.5 -1.0 -0.5 0.0 0.5 1.0 1.5 2.0
```

- rep()函数将一个向量重复若干次 再放入新的变量。
- 使用形式为: rep(x,times=n),表示 将x重复n次后构成的向量

```
> rep(2,3)
[1] 2 2 2
> x <- 1:3
> rep(x,3)
[1] 1 2 3 1 2 3 1 2 3
```

向量提取

算术运算符

+	力口
	减
*	乘
/	除
Λ, **	求幂
x %% Y	求余
x %/% Y	整除

算术运算符例子

```
> x <- c(1,3,5)
> y <- c(2,4,6)
                                   向量运算的概念
> x+y
[1] 3 7 11
> x-y
[1] -1 -1 -1
> x*y
[1] 2 12 30
> x/y
[1] 0.5000000 0.7500000 0.8333333
> x^2
[1] 1 9 25
> x**2
[1] 1 9 25
> x%/%y
[1] 0 0 0
> x%%y
[1] 1 3 5
> x%*%y
    [,1]
[1,] 44
```

R Data I

逻辑运算符

>,<	大于,小于	
<=, >=	大于等于,小于等于	
!==, ==	不等于,等于	
!x	≢⊧x	
x l y	x或者y	
x & y	×和y	
isTRUE(x)	x是否为TRUE	

```
> x <- 1:7
> X
[1] 1 2 3 4 5 6 7
> 1 <- x>3
> 1
[1] FALSE FALSE FALSE TRUE TRUE TRUE
> z <- c(TRUE, FALSE, F, T)
> all(c(1,2,3,4,5,6,7)>3)
[1] FALSE
> any(c(1,2,3,4,5,6,7)>3)
[1] TRUE
```

数据对象处理函数

length(object)	显示对象中元素/成分的数量	
dim(object), str	显示某个对象的维度/结构	
class(object)	显示某个对象的类和类型	
name(object)	显示某个对象中各成分的名字	
head(object), tail	★ 列出某个对象的开始部分 / 最后部分	
cbind(object, object,), rbind	按列 / 行合并对象	
object, ls(), rm(object,object,), c(object,object,)		

属性和运算函数

- length(): 对象长度。
- max():向量中的最大值。
- min(): 向量中的最小值。
- range(): 边界
- sum(): 求和。
- prod(): 内积。

```
> x < -c(1,5,7,3)
> length(x)
[1] 4
> min(x)
[1] 1
> max(x)
[1] 7
> range(x)
[1] 1 7
> sum(x)
[1] 16
> prod(x)
[1] 105
```

排序函数

- 向量排序函数包括: order(), sort(), sort.list() 等。
- sort()输出排序后的向量, order()和sort.list()
 返回下标排列。
- which.max()和which.min()返回下标值。

```
> x < -c(10,6,4,7,8)
> order(x)
[1] 3 2 4 5 1
> sort(x)
[1] 4 6 7 8 10
> sort.list(x)
[1] 3 2 4 5 1
> which.min(x)
[1] 3
> which.max(x)
[1] 1
```

矩阵

● 矩阵是一个二维数组,每个元素都拥有相同的模式(数值型、字符型或逻辑型)。可通过函数matrix 创建矩阵。

matrix()

- 其中vector 包含了矩阵的元素, nrow 和ncol 用以指定行和列的维数, dimnames 包含了可选的以字符型向量表示的行名和列名。
- 选项byrow 则表明矩阵应当按行填充(byrow=TRUE) 还是按列填充 (byrow=FALSE), 默认情况下按列填充。
- 以使用下标和方括号来选择矩阵中的行、列或元素。X[i,] 指矩阵X中的第i 行, X[,i]指第j 列, X[i,j] 指第i 行第j 个元素。选择多行或多列时, 下标i和j可为数值型向量。

矩阵创建例子

- y <- matrix(1:20, nrow = 5, ncol = 4)
- y
- cells <- c(1, 26, 24, 68)
- rnames <- c("RI", "R2")
- cnames <- c("C1", "C2")
- mymatrix <- matrix(cells, nrow = 2, ncol = 2, byrow = TRUE, dimnames = list(rnames, cnames))
- mymatrix
- mymatrix <- matrix(cells, nrow = 2, ncol = 2, byrow = FALSE, dimnames
 list(rnames, cnames))
- mymatrix

矩阵访问

- x <- matrix(1:10, nrow = 2)
- X

定义

提取

- x[2,]
- x[, 2]
- x[1,4]
- x[1, c(4, 5)]

数组

● 数组 (array) 与矩阵类似,但是维度可以大于2 。数组 可通过array 函数创建。

其中vector 包含了数组中的数据, dimensions 是一个数值型向量,给出了各个维度下标的最大值,而dimnames 是可选的、各维度名称标签的列表。

数组访问

- dim I <- c("A I", "A2")
- dim2 <- c("B1", "B2", "B3")
- dim3 <- c("C1", "C2", "C3", "C4")
- z <- array(1:24, c(2, 3, 4), dimnames = list(dim1, dim2, dim3))
- z

数据框

- 由于不同的列可以包含不同模式(数值型、字符型等)的数据,数据框的概念较矩阵来说更为一般。数据框将是你在R中最常处理的数据结构。
- 病例数据集包含了数值型和字符型数据。由于数据有多种模式,无法将此数据集放入一个矩阵。在这种情况下,使用数据框是最佳选择。
- 数据框可通过函数data.frame()创建
 mydata <- data.frame(col1, col2, col3,...)
- 其中的列向量coll, col2, col3,...可为任何类型(如字符型、数值型或逻辑型)。每一列的名称可由函数names指定。

数据框生成和访问

- patientID <- c(1, 2, 3, 4)
- age <- c(25, 34, 28, 52)
- diabetes <- c("Type I", "Type 2", "Type I", "Type I")
- status <- c("Poor", "Improved", "Excellent", "Poor")
- patientdata <- data.frame(patientID, age, diabetes, status)
- patientdata

定义

提取

- patientdata[1:2]
- patientdata[c("diabetes", "status")]
- patientdata\$age



attach(), detach(), with()

```
with (mtcars, {
attach(mtcars)
                       summary(mpg, disp, wt)
  summary (mpg)
                       plot(mpg, disp)
  plot(mpg, disp)
                       plot(mpg, wt)
  plot(mpg, wt)
                     })
detach(mtcars)
                                    可以暂时不看
                                    后边需要的时
 > with(mtcars, {
                                    候再看
    nokeepstats <- summary(mpg)
    keepstats <<- summary(mpg)
 })
 > nokeepstats
 Error: object 'nokeepstats' not found
 > keepstats
```

因子

- 变量可归结为名义型、有序型或连续型变量
 - 米名义型变量是没有顺序之分的类别变量
 - **米** 有序型变量表示一种顺序关系,而非数量关系
 - ★ 连续型变量可以呈现为某个范围内的任意值,并同时表示了顺序和数量
- 类别(名义型)变量和有序类别(有序型)变量在R中称为因子(factor)
- 函数factor()以一个整数向量的形式存储类别值,整数的取值范围是[I... k](其中k是名义型变量中唯一值的个数)
- 要表示有序型变量,需要为函数factor()指定参数ordered=TRUE
- 对于字符型向量,因子的水平默认依字母顺序创建,你可以通过指定 levels选项来覆盖默认排序

因子使用

- patientID <- c(1, 2, 3, 4)
- age <- c(25, 34, 28, 52)
- diabetes <- c("Type I", "Type 2", "Type I", "Type I")
- status <- c("Poor", "Improved", "Excellent", "Poor")
- diabetes <- factor(diabetes)
- status <- factor(status, order = TRUE)
- patientdata <- data.frame(patientID, age, diabetes, status)
- str(patientdata)
- summary(patientdata)

显示对象结构

显示对象统计概要

可以

暂时

不看

列表

● 列表(list)是R的数据类型中最为复杂的一种。一般来说,列表就是一些对象(或成分,component)的有序集合。列表允许你整合若干(可能无关的)对象到单个对象名下

- g <- "My First List"
- h <- c(25, 26, 18, 39)
- j <- matrix(1:10, nrow = 5)
- k <- c("one", "two", "three")
- mylist <- list(title = g, ages = h, j, k)
- mylist
- mylist[[2]]

R语言的一些特点

- 对象名称中的句点(•)没有特殊意义。但美元符号(\$)却有着和其他语言中的句点类似的含义,即指定一个对象中的某些部分。例如,A\$x是指数据框A中的变量x。
- 将一个值赋给某个向量、矩阵、数组或列表中一个不存在的元素时,
 R将自动扩展这个数据结构以容纳新值。

```
> x <- c(8, 6, 4)
> x[7] <- 10
> x
[1] 8 6 4 NA NA NA 10
```

- R中没有标量。标量以单元素向量的形式现。
- R中的下标不从0开始,而从I开始。在上述向量中,x[I]的值为8。
- 变量无法被声明。它们在首次被赋值时生成。

数据类型函数

向量	c(, recursive=FALSE),		
矩阵	matrix(vector, nrow, ncol, byrow=FALSE, diamnames)		
数组	array(vector, dimensions, dimnames)		
数据框	data.frame(col1, col2,col3,), \$		
列表	list(object1, object2,)		
类型判断设置	is.numeric(), is.integer(), is.logical(), is.character() as.numeric(), as.integer(), as.logical(), as.character()		
attach(), detach(), with(), factor(), rep(x,n), mode()			

提问时间!

孙惠平 sunhp@ss.pku.edu.cn

谢谢!

孙惠平 sunhp@ss.pku.edu.cn