Gráficas

Josman

21 de octubre de 2014

Introducción

En este documento explicaremos nociones básicas para el diseño de gráficas en R a través del paquete ggplot2, explicaremos lo elemental en cada tipo de gráfica y desarrollaremos la intuición detrás del código.

```
library(dplyr)
library(tidyr)
library(ggplot2)
library(RColorBrewer) # Paletas de colores
library(gcookbook) # De aquí sacaremos varios datos para graficar
library(MASS) # Otros datos
```

El paquete ggplot2 se llama a sí mismo como "una implementación de la gramática de las gráficas". Este paquete nos permite crear gráficas mapeando capas paso por paso de múltiples bases de datos. Para el diseño de las gráficas usaremos "aesthetics" lo que describe como las variables en los datos son mapeadas a través de características visuales y geométricas.

Gráficas de barras

Digamos que tenemos una base de datos como la siguiente:

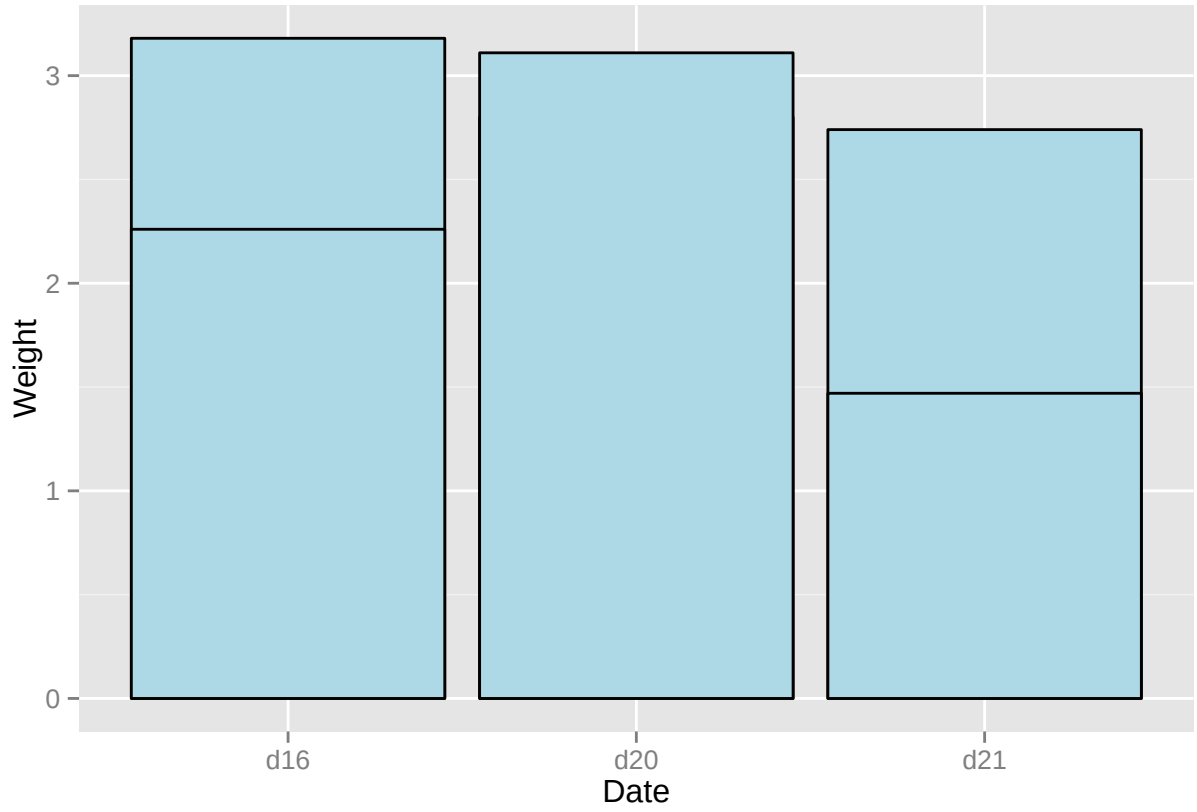
```
cabbage_exp
```

```
##   Cultivar Date Weight        sd  n         se
## 1      c39  d16   3.18 0.9566144 10 0.30250803
## 2      c39  d20   2.80 0.2788867 10 0.08819171
## 3      c39  d21   2.74 0.9834181 10 0.31098410
## 4      c52  d16   2.26 0.4452215 10 0.14079141
## 5      c52  d20   3.11 0.7908505 10 0.25008887
## 6      c52  d21   1.47 0.2110819 10 0.06674995
```

Queremos graficar el peso obtenido para cada fecha. Para ello usaremos una gráfica de barras. Detallaremos cada capa que vayamos agregando en la gráfica. Mientras vayamos avanzando en el tema, detallaremos menos la explicación del código, pues se sigue la misma lógica que en los primeros ejemplos.

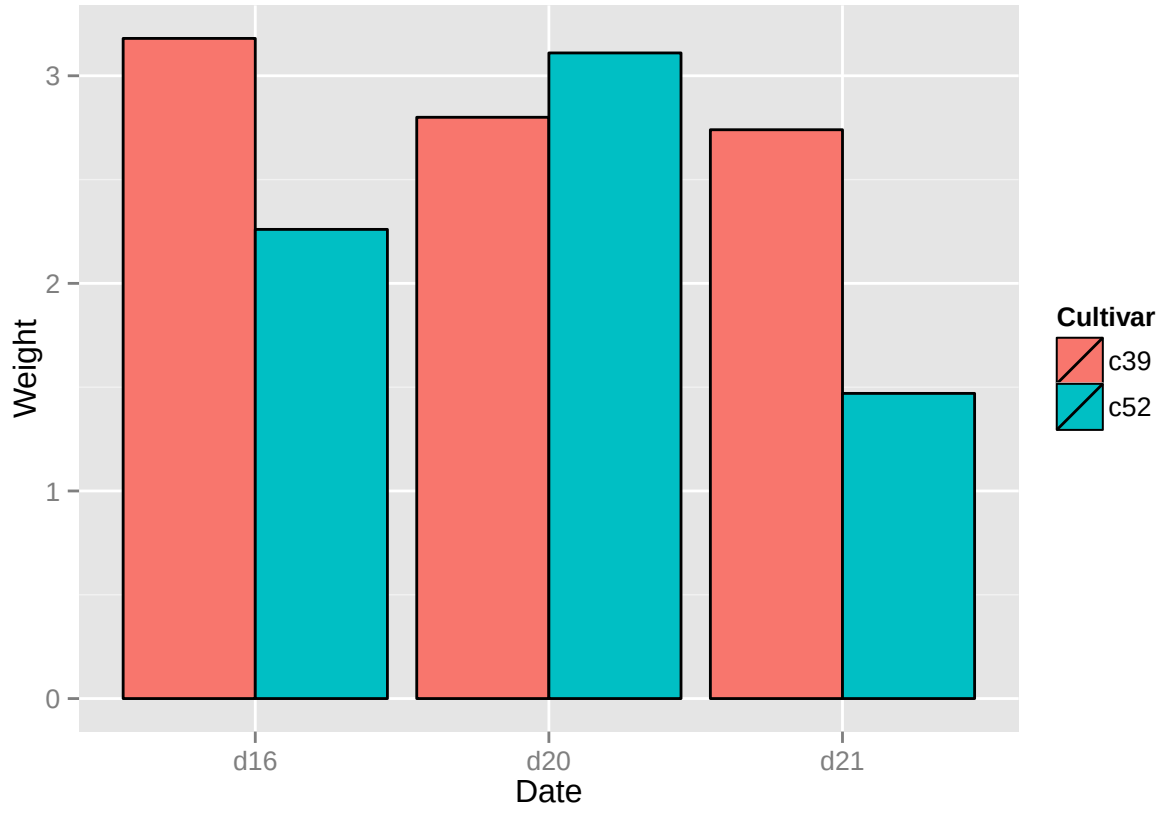
```
# La primera capa crea un objeto 'ggplot', indica la base de datos principal de la gráfica y que variab
plot <- ggplot(data = cabbage_exp, aes(x = Date, y = Weight))

# Este objeto solo conoce los datos, ahora indicaremos cómo graficarlos.
# Vamos agregando capas con '+'.
# geom_bar() indica que agregamos una capa con una gráfica de barras
# position = "dodge" sirve para que las barras queden separadas
# stat = "identity" indica que esta no es una gráfica de frecuencias, sino de dos variables
```

```r
# fill indica el color de relleno
# col indica el color del contorno
plot <- plot + geom_bar(position = "dodge", stat = "identity", fill = "lightblue", col = "black")
plot
```

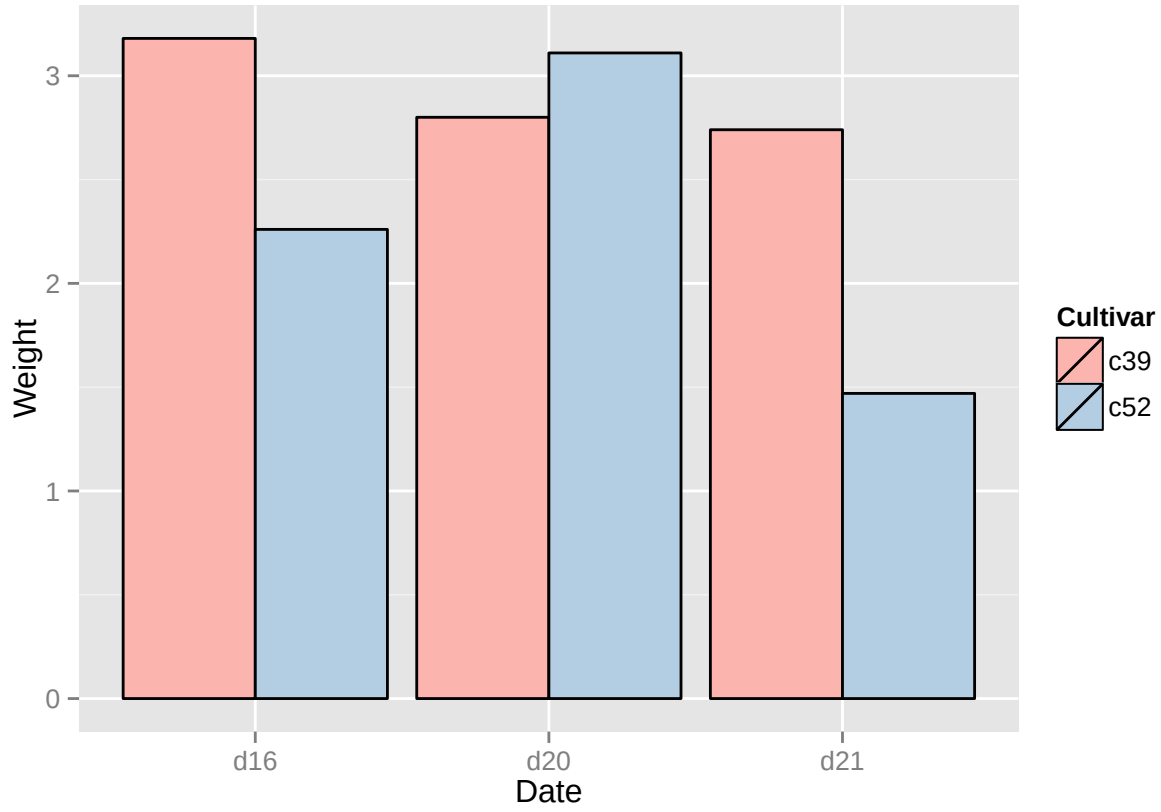


Digamos que ahora queremos ver como afecta el factor 'Cultivar' a la variable 'Weight' en cada fecha. Para ello podemos hacer gráficas de barras agrupadas.

```r
# Ahora a la primera capa le estamos indicando que el color de relleno va a ser determinado por el fact
plot <- ggplot(data = cabbage_exp, aes(x = Date, y = Weight, fill = Cultivar))

# A la segunda capa le quitamos el indicador del color de relleno pues ya está determinado por la varia
plot <- plot + geom_bar(position = "dodge", stat = "identity", col = "black")
plot
```

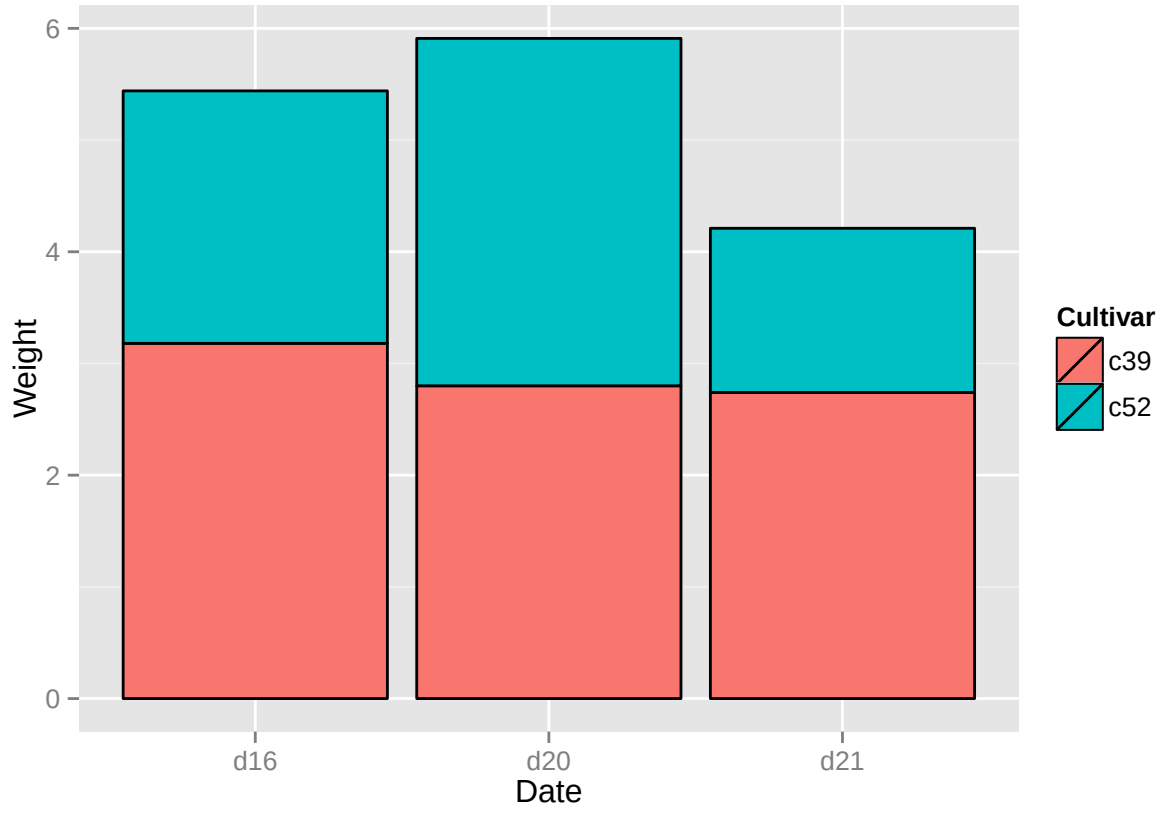



```
# Indicamos otra paleta de colores del paquete RColorBrewer
plot <- plot + scale_fill_brewer(palette = "Pastel1")
plot
```



Si quisieramos graficar las barras unas encima de otras, podemos quitar el indicador 'position = "dodge" '.

```
plot <- ggplot(data = cabbage_exp, aes(x = Date, y = Weight, fill = Cultivar)) +
  geom_bar(stat = "identity", col = "black")
plot
```



Gráficas de frecuencias

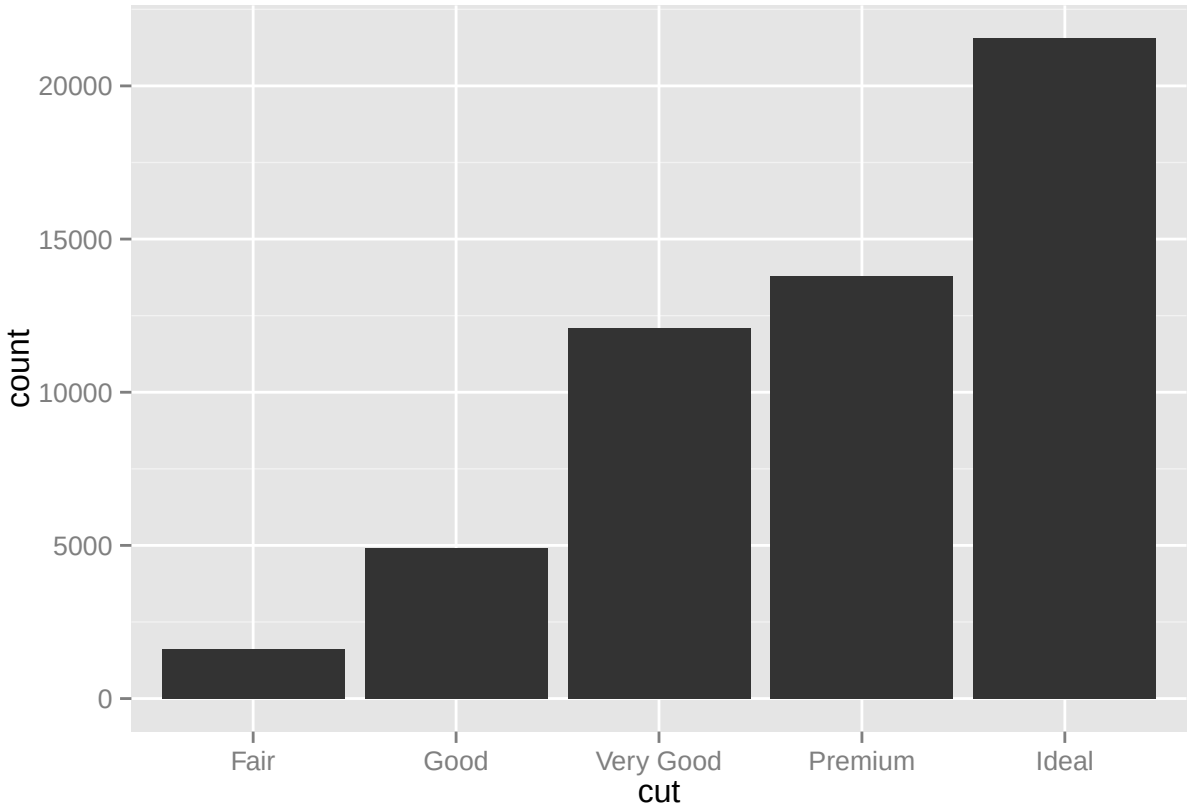
A veces queremos representar la frecuencia con la que se repiten los datos en una muestra aleatoria. Para ello podemos usar gráficas de barras similares a las anteriores, pero ahora cambiaremos el tipo de 'stat'. Usaremos la base de datos 'diamonds' para ejemplificar el caso. Haremos una gráfica de frecuencias de la variable 'cut'. Primero observemos un poco los datos.

```
head(diamonds)
```

```
##   carat       cut color clarity depth table price    x    y    z
## 1  0.23     Ideal     E     SI2  61.5    55   326 3.95 3.98 2.43
## 2  0.21   Premium     E     SI1  59.8    61   326 3.89 3.84 2.31
## 3  0.23      Good     E     VS1  56.9    65   327 4.05 4.07 2.31
## 4  0.29   Premium     I     VS2  62.4    58   334 4.20 4.23 2.63
## 5  0.31      Good     J     SI2  63.3    58   335 4.34 4.35 2.75
## 6  0.24 Very Good     J    VVS2  62.8    57   336 3.94 3.96 2.48
```

Ahora grafiquemos:

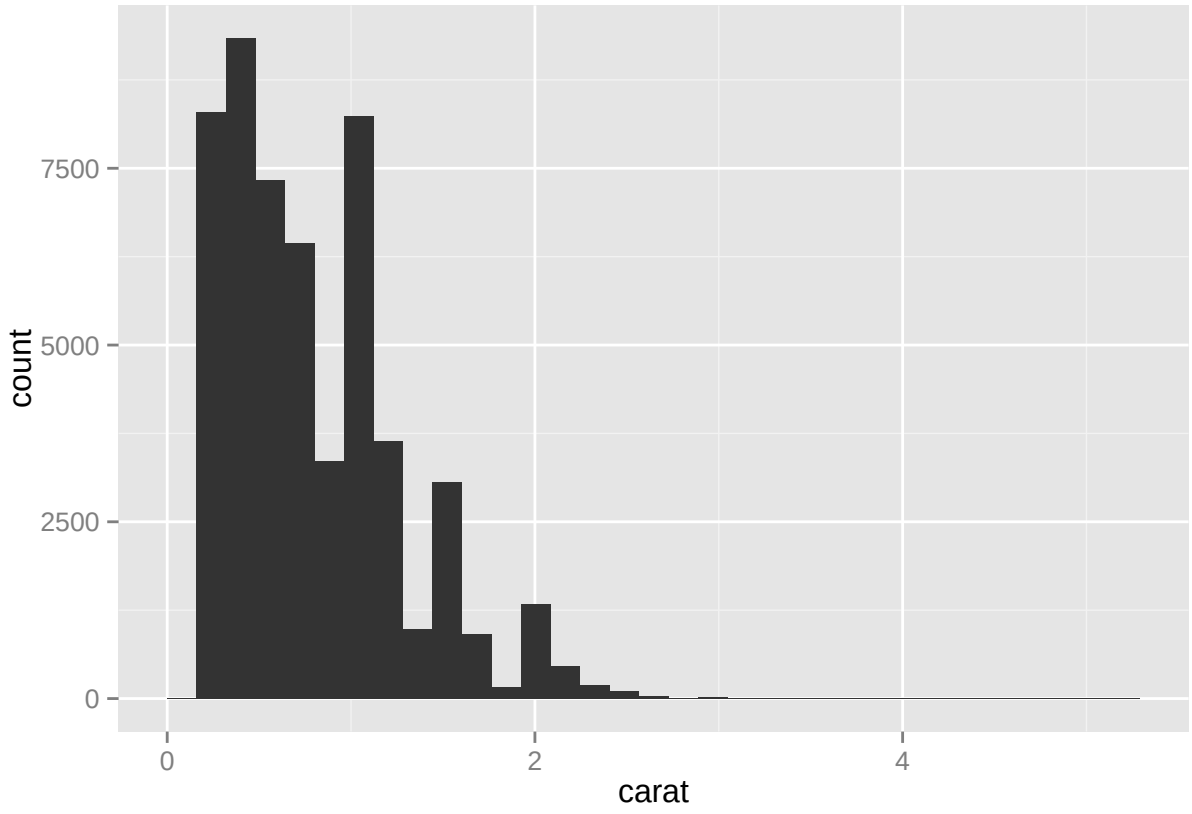
```
# Ahora nuestra gráfica solo necesita los datos de una variable (cut)
plot <- ggplot(data = diamonds, aes(x = cut))

# Cuando graficamos frecuencias indicamos stat = "bin". Éste es el stat por default, así que si dejamos
plot + geom_bar()
```



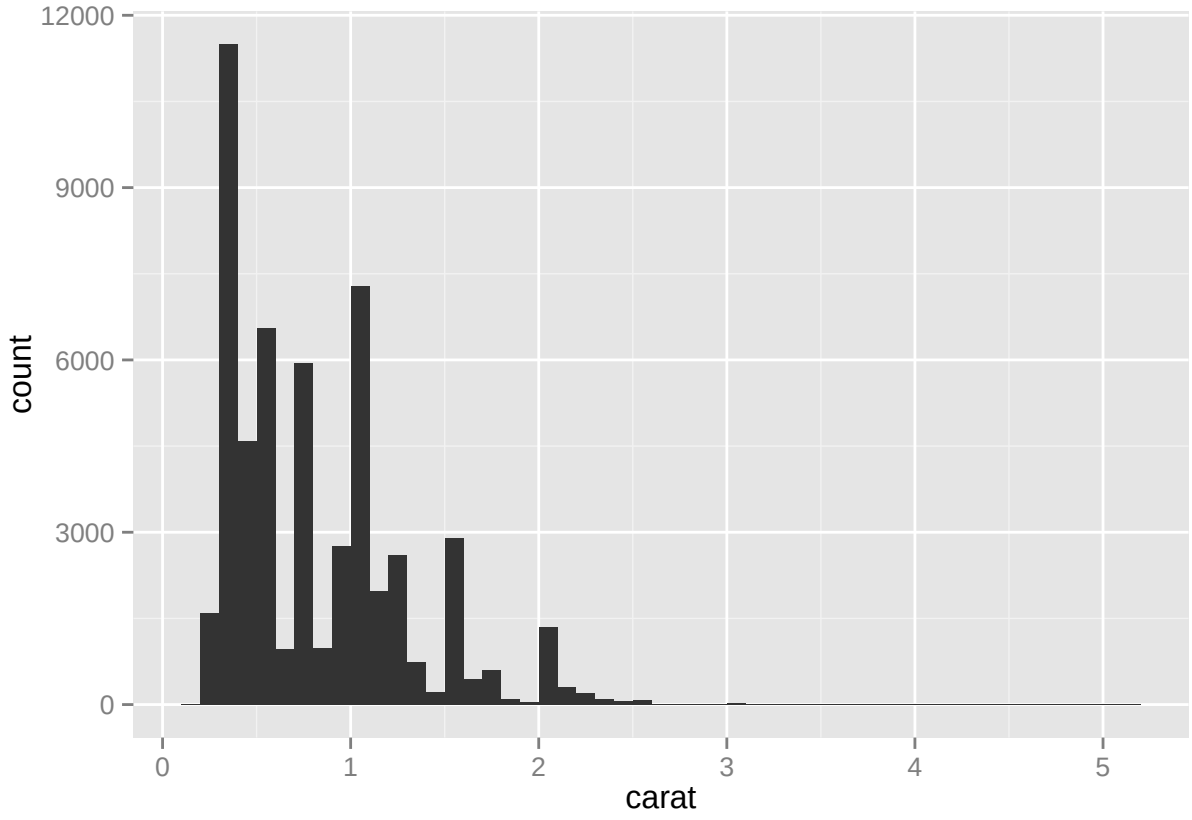
El caso anterior es para una variable categórica. También podemos graficar para una variable continua, como es el caso de 'carat'.

```
ggplot(data = diamonds, aes(x = carat)) + geom_bar()
```

```
## stat_bin: binwidth defaulted to range/30. Use 'binwidth = x' to adjust this.
```




```
# Podemos ajustar el ancho de las barras indicando 'width' en geom_bar()
ggplot(data = diamonds, aes(x = carat)) + geom_bar(binwidth = 0.1)
```




```
# Si estuvieramos en el caso de stat = "identity", usamos 'width' en lugar de 'binwidth'
```

Gráficas de líneas

Existen muchos datos que su mejor respresentación se da a través de gráficas de líneas, por ejemplo, las series de tiempo. Las gráficas de líneas siguen la misma lógica que las gráficas de barras, solo que cambiaremos el tipo de 'geom'.

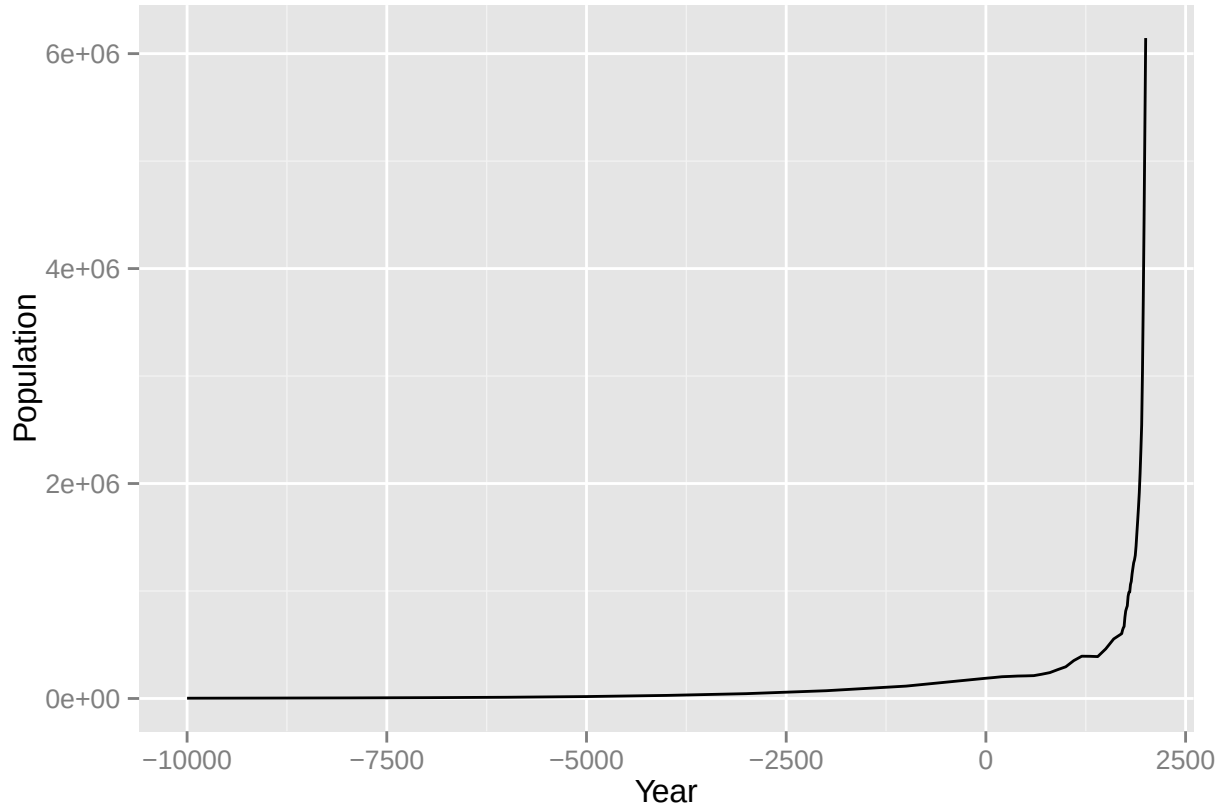
Veamos los siguientes datos:

```
head(worldpop)
```

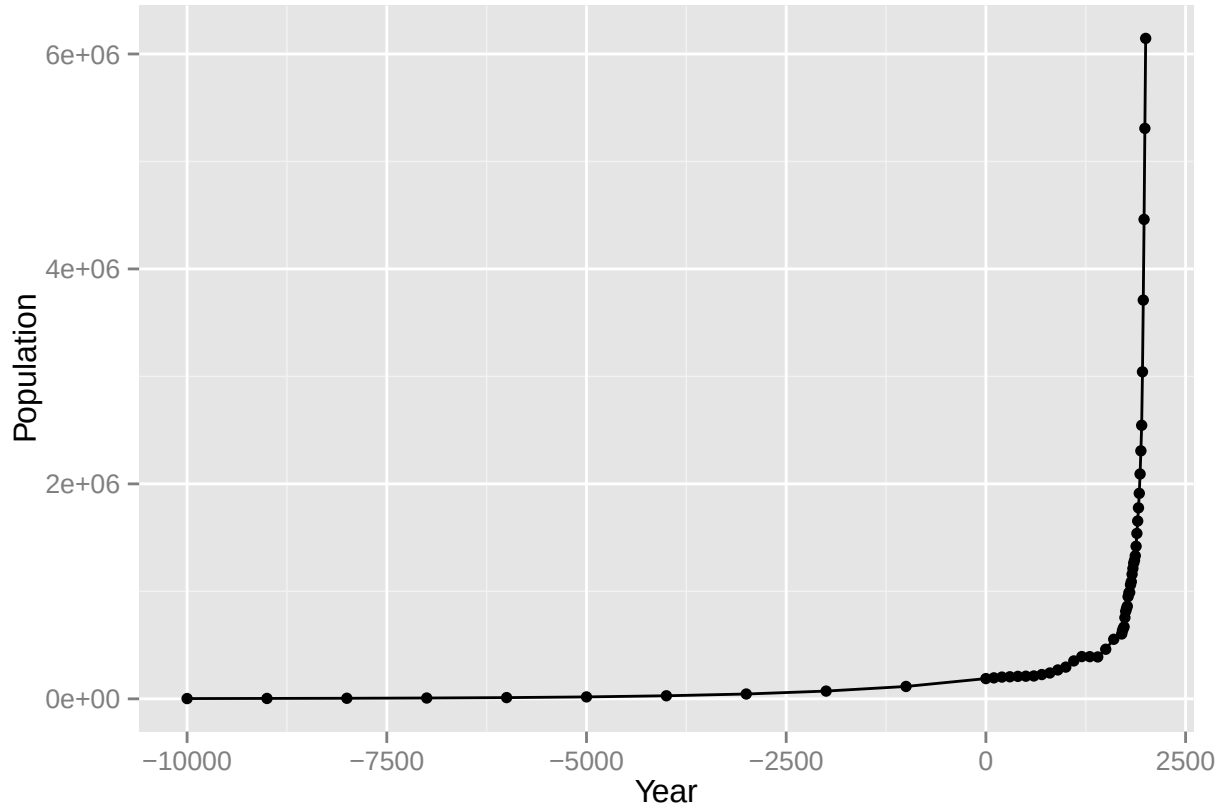
```
##     Year Population
## 1 -10000       2431
## 2  -9000       3564
## 3  -8000       5136
## 4  -7000       7562
## 5  -6000      11461
## 6  -5000      17920
```

Vemos que es una base de datos de series de tiempo que muestran el tamaño de la población de un determinado lugar a través de los años. Usaremos una gráfica de barras pare representar visualmente los datos:

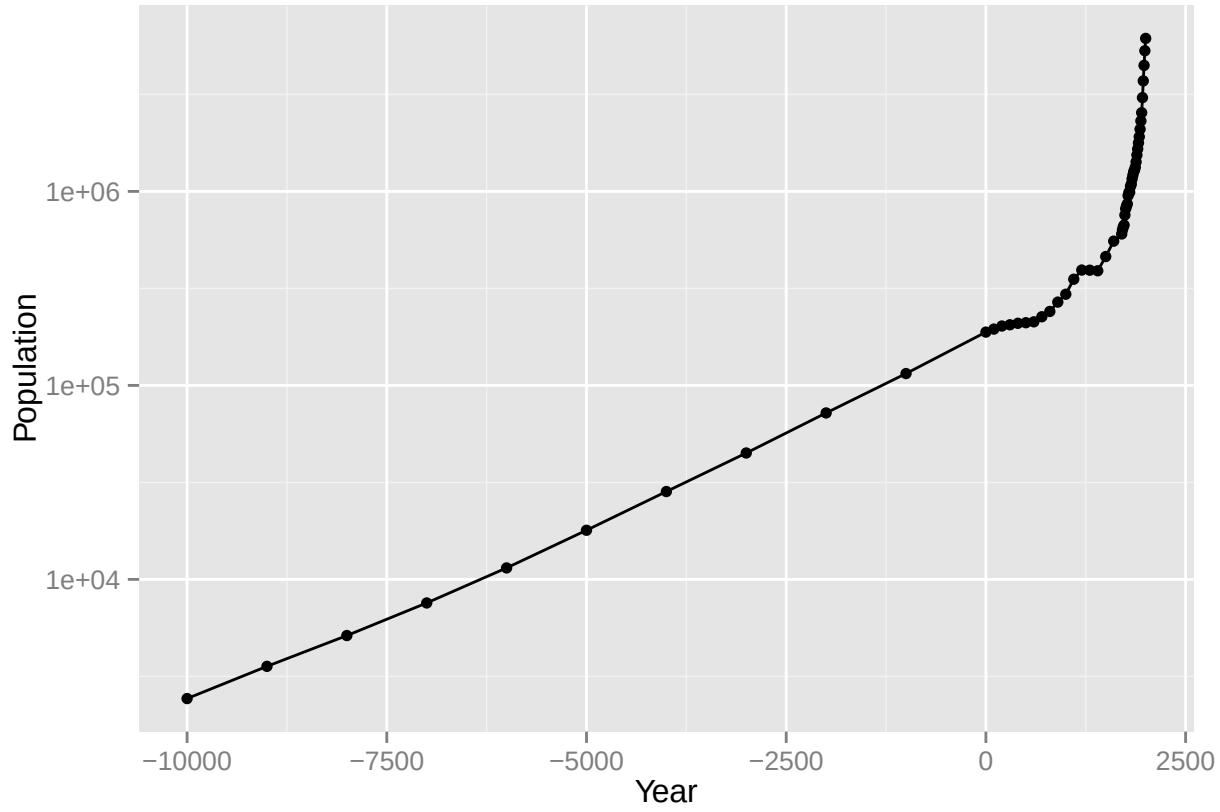
```
plot <- ggplot(data = worldpop, aes(x = Year, y = Population)) + geom_line()
plot
```




```
# Para indicar la muestra de datos agregaremos puntos en cada pareja de datos de nuestra muestra
plot <- plot + geom_point()
plot
```




```
# Muchas veces en este tipo de datos es mejor usar escala logarítmica
plot <- plot + scale_y_log10()
plot
```



Ahora pensemos que tenemos unos datos como los siguientes:

```
head(ToothGrowth)
```

```
##    len supp dose
## 1  4.2   VC  0.5
## 2 11.5   VC  0.5
## 3  7.3   VC  0.5
## 4  5.8   VC  0.5
## 5  6.4   VC  0.5
## 6 10.0   VC  0.5
```

Tenemos una muestra de varios tamaños de dientes clasificados por los factores 'supp' y 'dose'. A nosotros nos interesa representar la dosis que se debe aplicar según el tamaño de los dientes. Para eso no nos sirve graficar toda la dispersión de los datos, sino un resumen de ellos. Por lo cual antes de graficar tenemos que manipular los datos para que nos sean útiles:

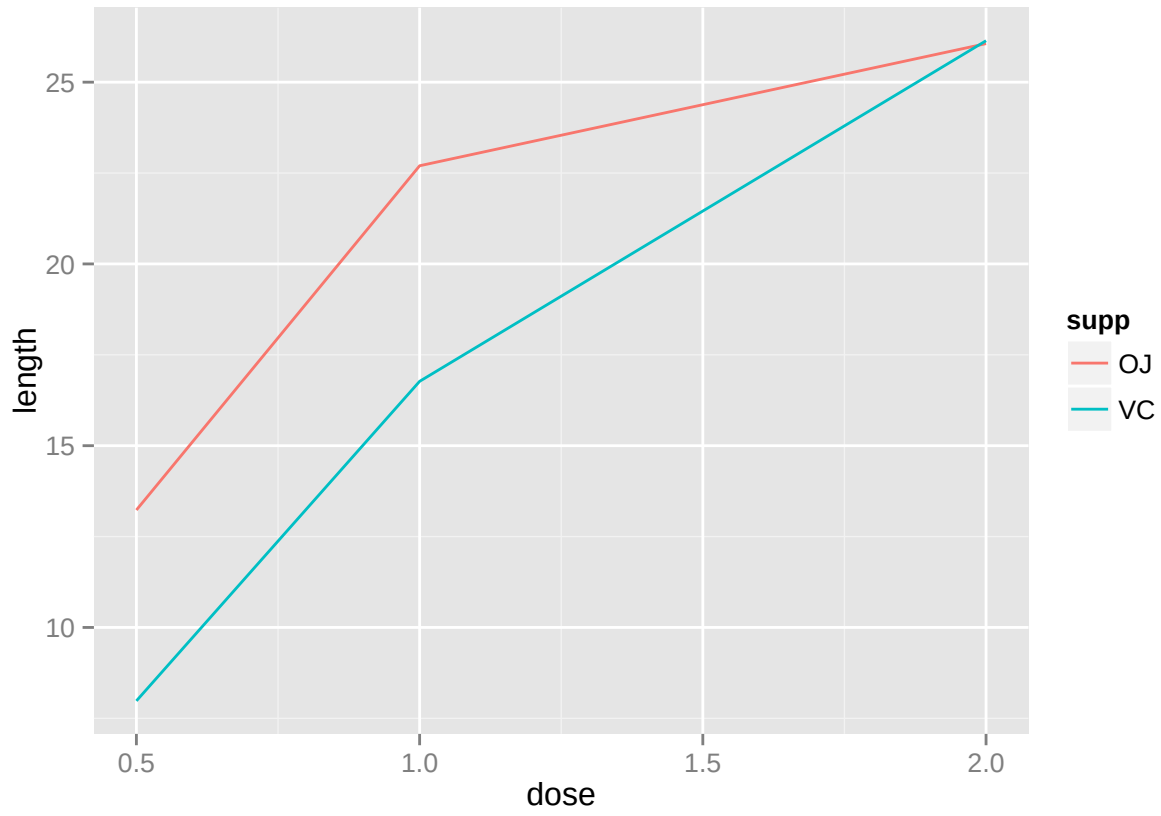
```
tg <- ToothGrowth %>%
  group_by(supp, dose) %>%
  summarise(length = mean(len))
tg
```

```
## Source: local data frame [6 x 3]
## Groups: supp
##
```

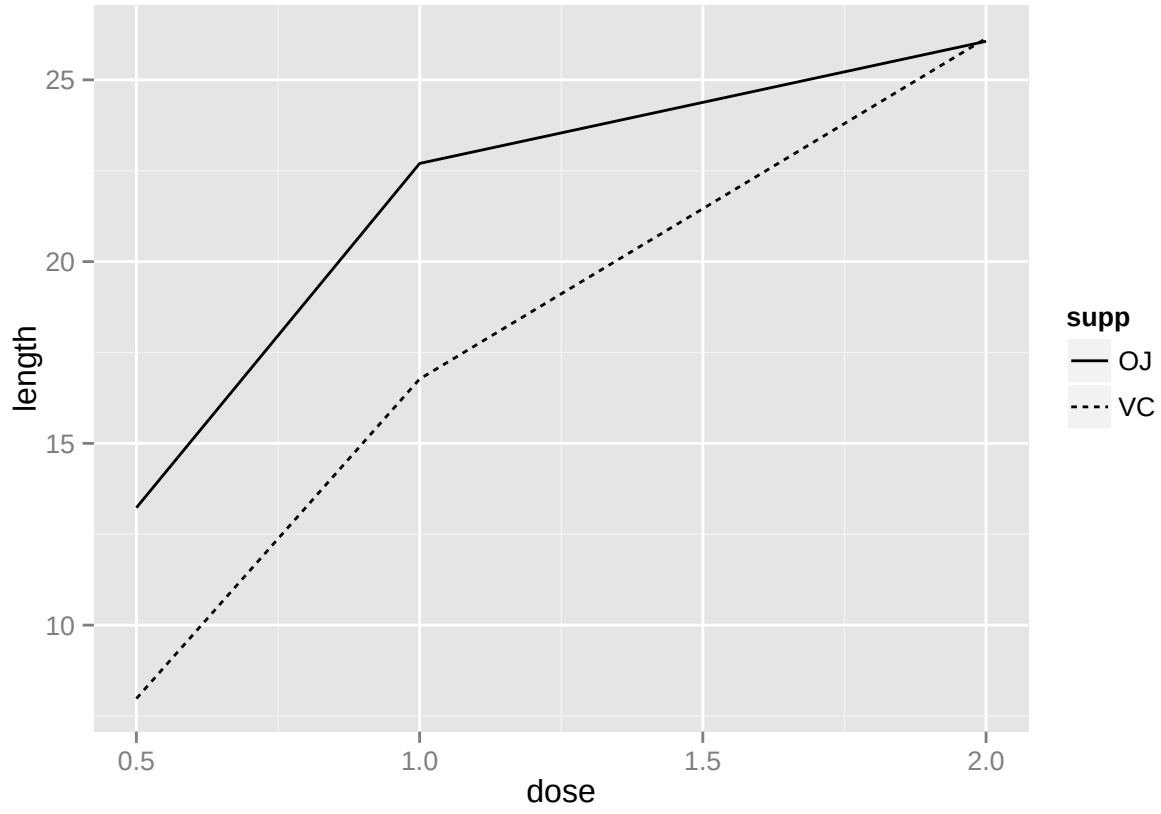
```
##   supp dose length
## 1   OJ  0.5  13.23
## 2   OJ  1.0  22.70
## 3   OJ  2.0  26.06
## 4   VC  0.5   7.98
## 5   VC  1.0  16.77
## 6   VC  2.0  26.14
```

Entonces podemos graficar la dosis con el tamaño y además ver la diferencia cuando cambia 'supp'.

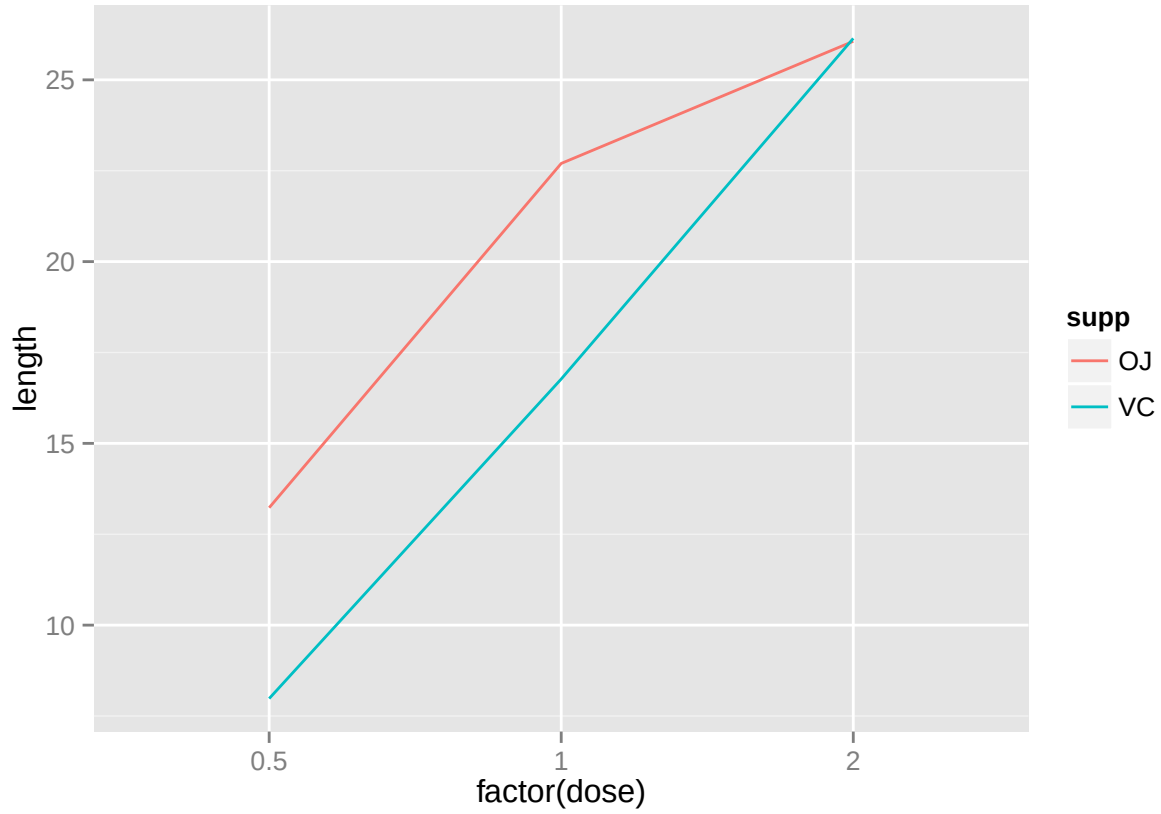
```
# Mapeamos 'supp' al color
plot <- ggplot(tg, aes(x = dose, y = length, col = supp)) + geom_line()
plot
```




```
# Mapeamos 'supp' al tipo de línea
plot <- ggplot(tg, aes(x = dose, y = length, linetype = supp)) + geom_line()
plot
```

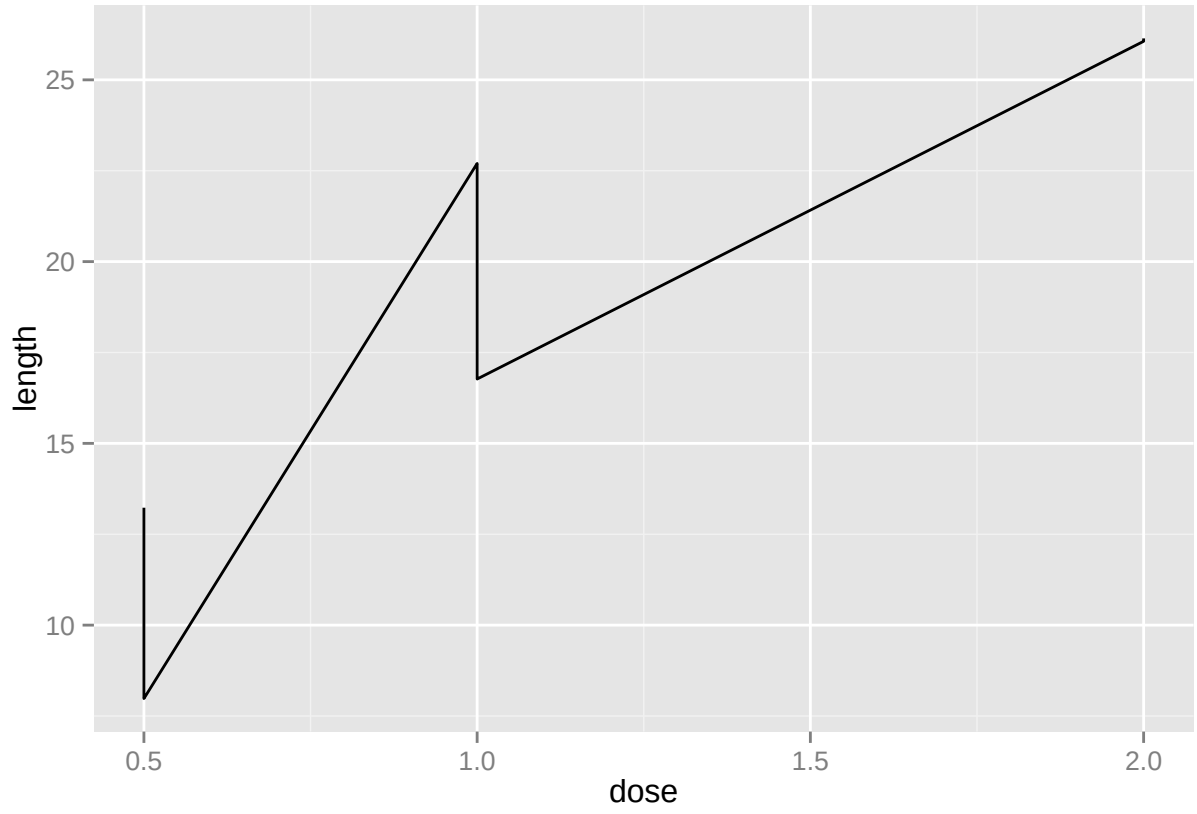



```
# Podemos pensar en la dosis como una variable categórica
# Notar que cuando usamos variables categóricas debemos indicar como agrupar las líneas
plot <- ggplot(tg, aes(x = factor(dose), y = length, col = supp, group = supp)) + geom_line()
plot
```



¿Qué pasa si no diferenciamos según la variable 'supp'?

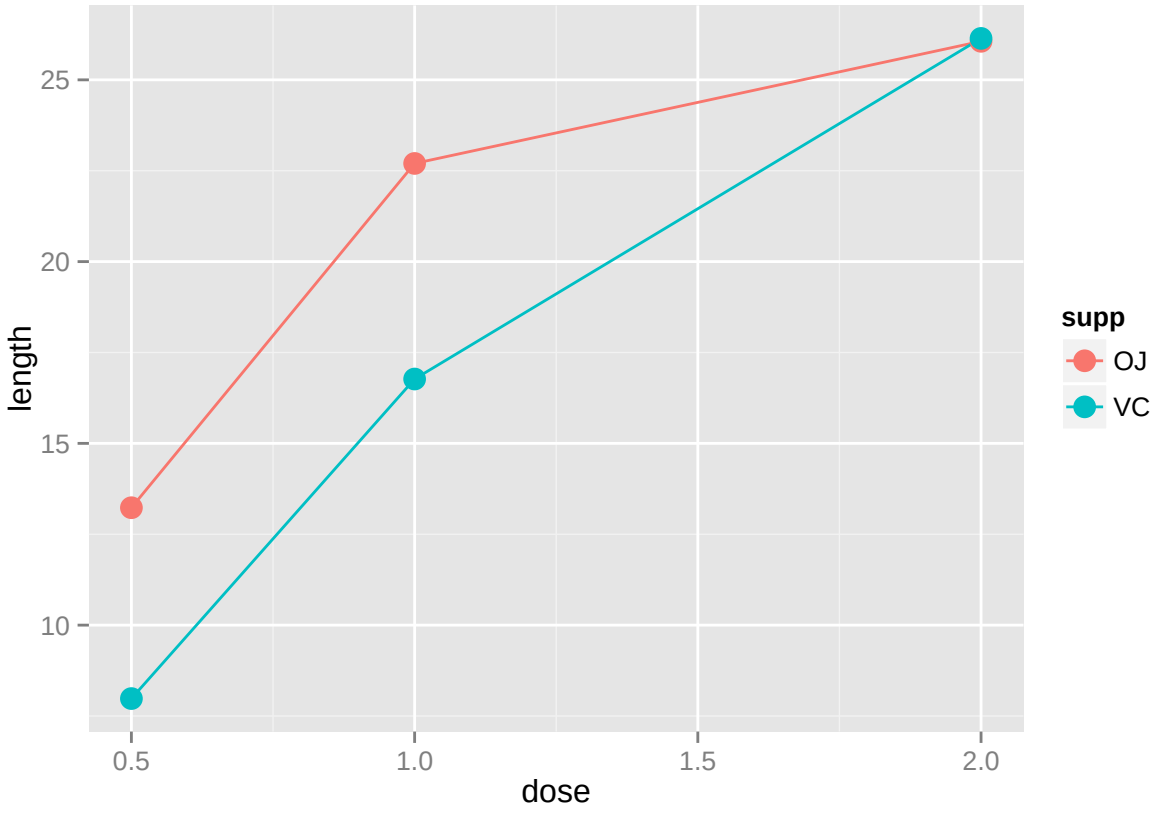
```
plot <- ggplot(tg, aes(x = dose, y = length)) + geom_line()
plot
```



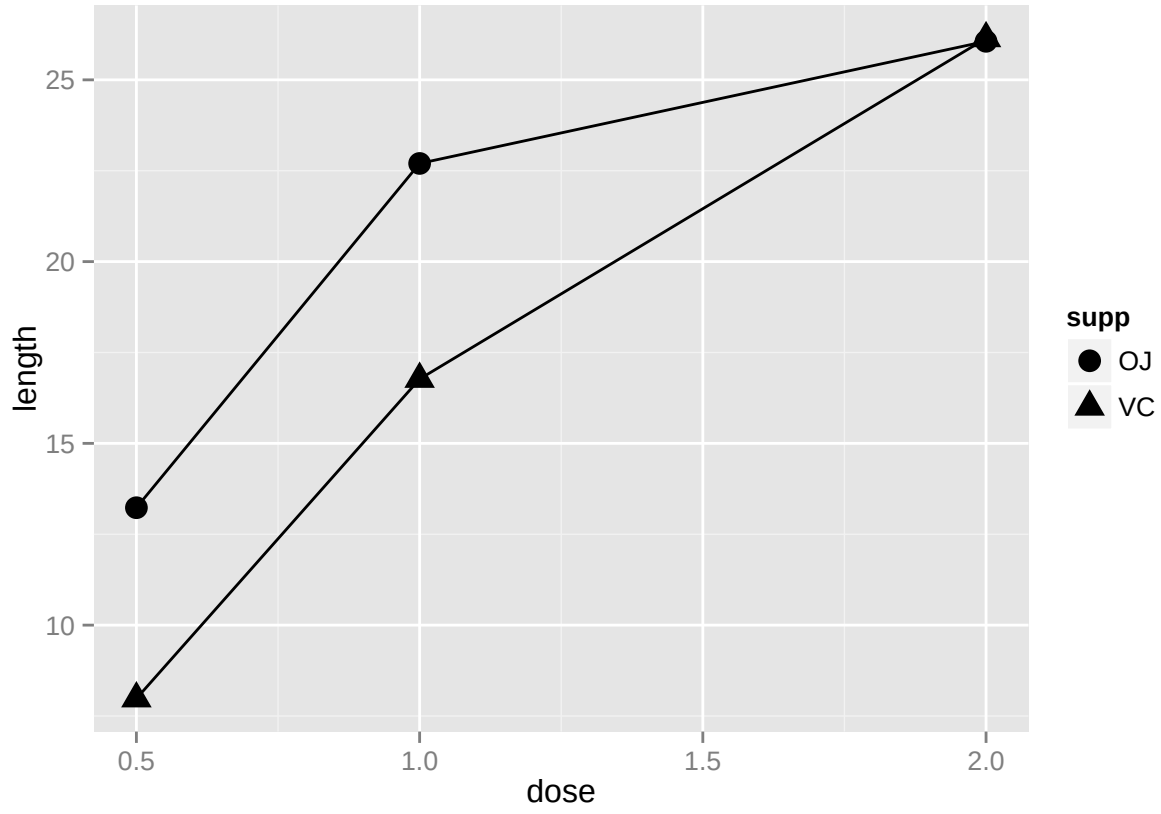
A través de la gráfica nos damos cuenta que hay algo mal con como estamos agrupando los datos.

Podemos agregar puntos en los nodos dados por los datos:

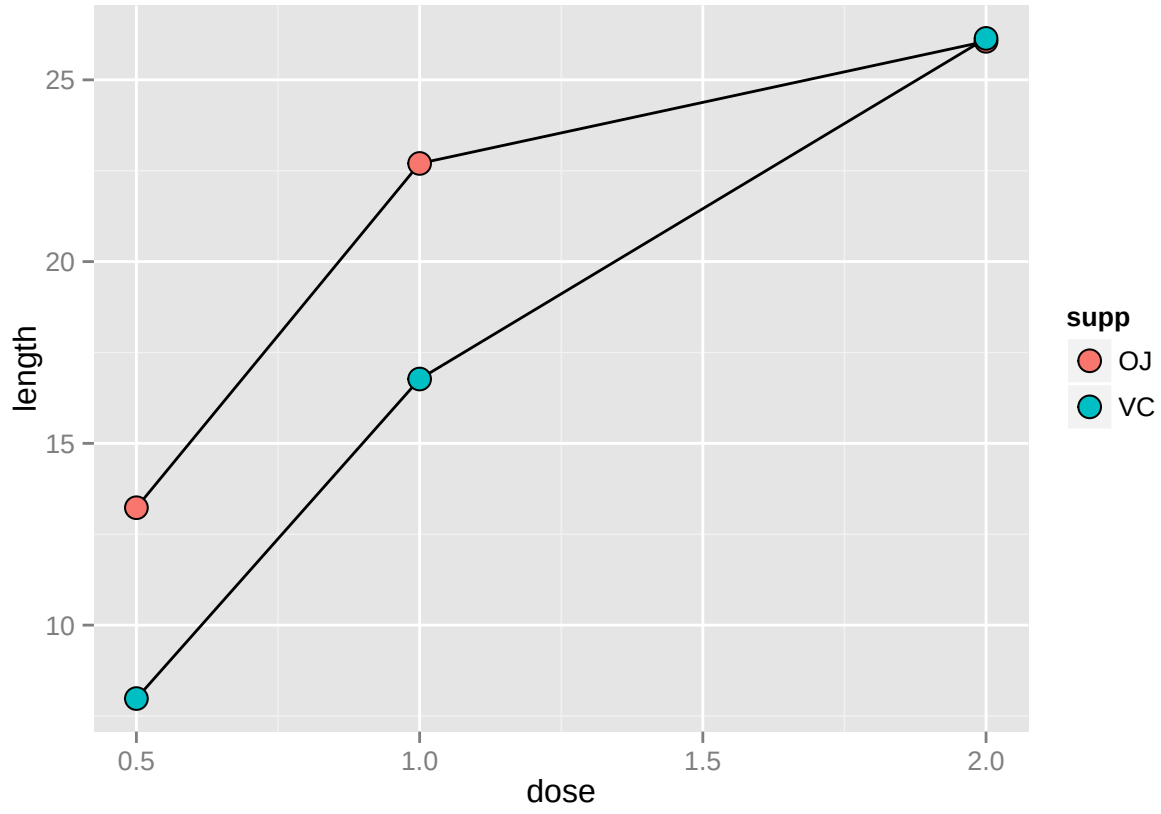
```
# Indicamos el tamaño de los puntos
plot <- ggplot(tg, aes(x = dose, y = length, col = supp)) + geom_line() + geom_point(size = 4)
plot
```




```
# Podemos separar los datos por el tipo de punto en lugar del color
# 'shape' afecta únicamente a los puntos, las líneas no se ven afectadas por el atributo shape
plot <- ggplot(tg, aes(x = dose, y = length, shape = supp)) + geom_line() + geom_point(size = 4)
plot
```




```
# Indicamos los colores solo en los puntos
# fill afecta solo a los puntos (las líneas no tienen relleno)
plot <- ggplot(tg, aes(x = dose, y = length, fill = supp)) +
  geom_line() + geom_point(size = 4, shape = 21)
plot
```



Intervalos de confianza

Veamos los siguientes datos:

```
head(climate)
```

```
##     Source Year Anomaly1y Anomaly5y Anomaly10y Unc10y
## 1 Berkeley 1800        NA        NA     -0.435  0.505
## 2 Berkeley 1801        NA        NA     -0.453  0.493
## 3 Berkeley 1802        NA        NA     -0.460  0.486
## 4 Berkeley 1803        NA        NA     -0.493  0.489
## 5 Berkeley 1804        NA        NA     -0.536  0.483
## 6 Berkeley 1805        NA        NA     -0.541  0.475
```

Estos datos presentan anomalías en el clima a través de los años. Nos interesa graficar los datos para Berkeley. La variable 'Unc10y' indica el intervalo de confianza del 95% para cada valor de la anomalía. Seleccionemos únicamente las variables que nos interesan para nuestra gráfica.

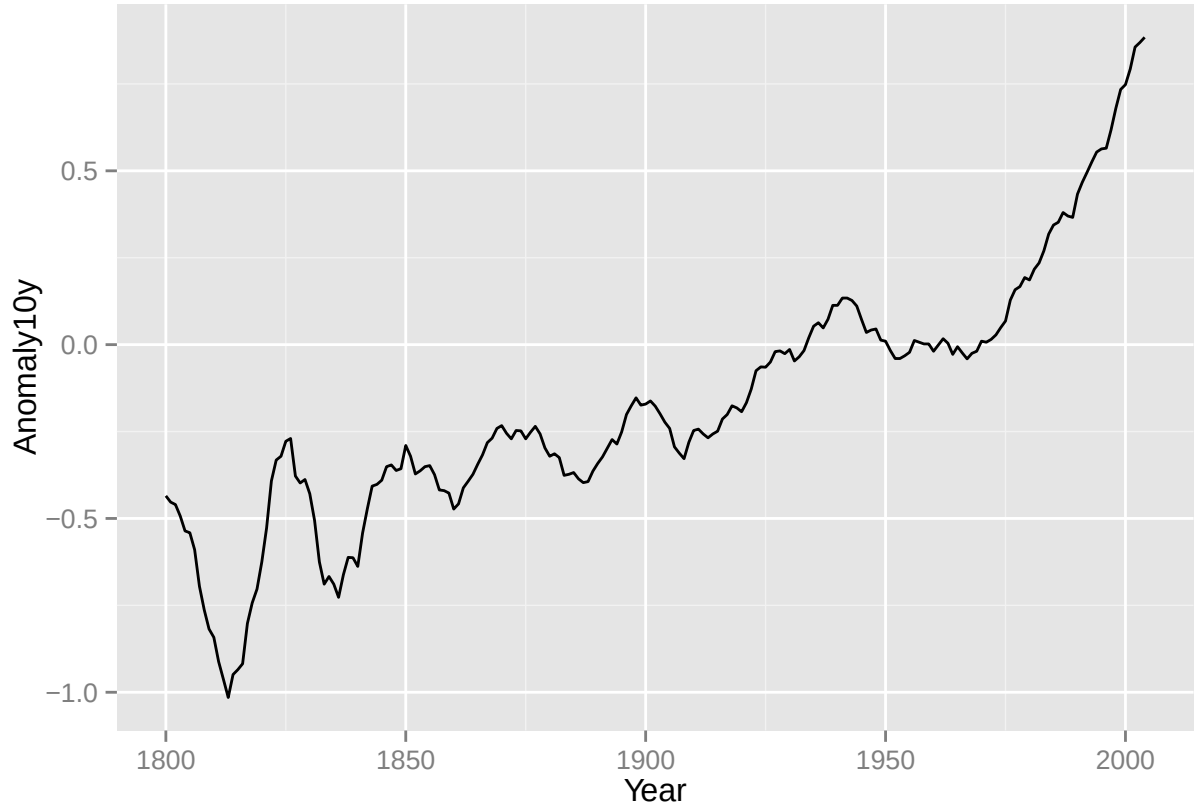
```
clim <- climate %>%
  filter(Source == "Berkeley")

head(clim)
```

```
##     Source Year Anomaly1y Anomaly5y Anomaly10y Unc10y
```

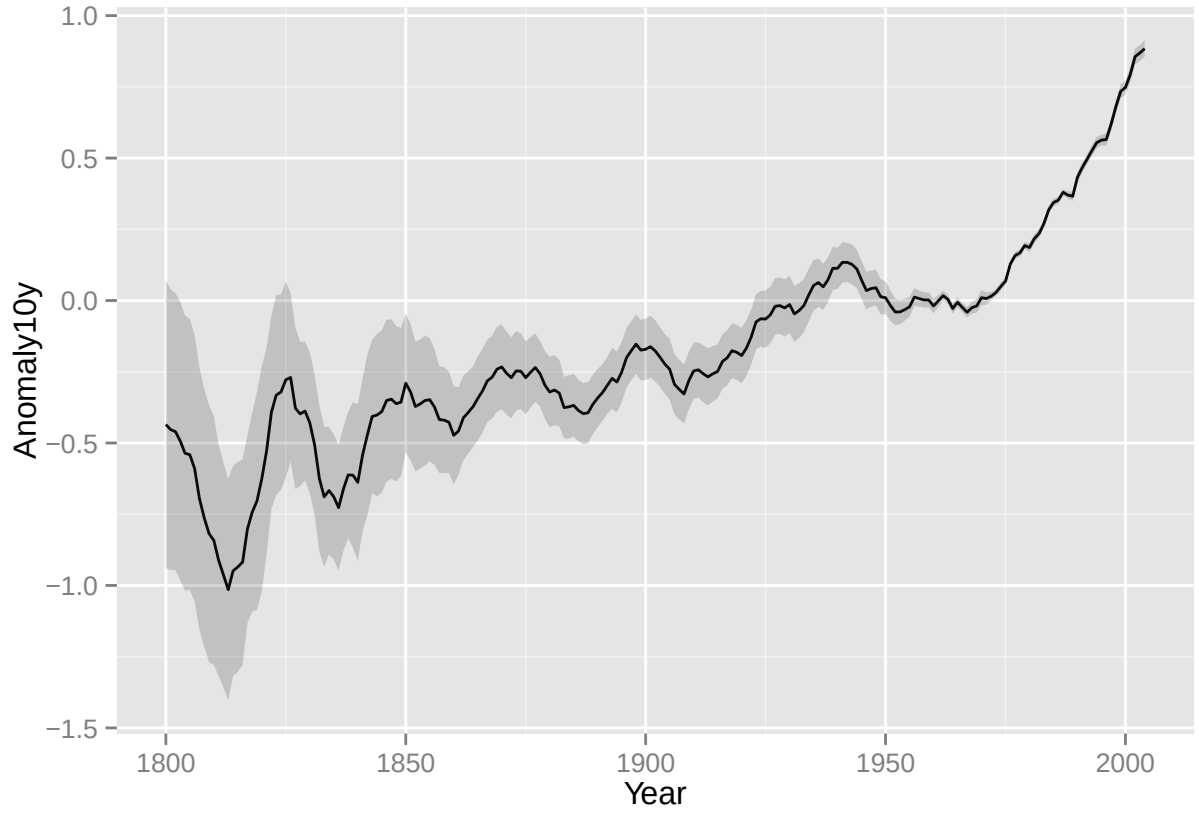
```
## 1 Berkeley 1800        NA        NA     -0.435  0.505
## 2 Berkeley 1801        NA        NA     -0.453  0.493
## 3 Berkeley 1802        NA        NA     -0.460  0.486
## 4 Berkeley 1803        NA        NA     -0.493  0.489
## 5 Berkeley 1804        NA        NA     -0.536  0.483
## 6 Berkeley 1805        NA        NA     -0.541  0.475
```

Ahora grafiquemos:

```
# Graficamos con una linea los valores de la anomalía a través de los años
plot <- ggplot(clim, aes(x = Year, y = Anomaly10y)) + geom_line()
plot
```




```
# Ahora añadimos el intervalo de confianza con geom_ribbon
# alpha indica la opacidad de la gráfica
plot <- plot + geom_ribbon(aes(ymin = Anomaly10y - Unc10y, ymax = Anomaly10y + Unc10y), alpha = 0.2)
plot
```



Gráficas de dispersión (puntos)

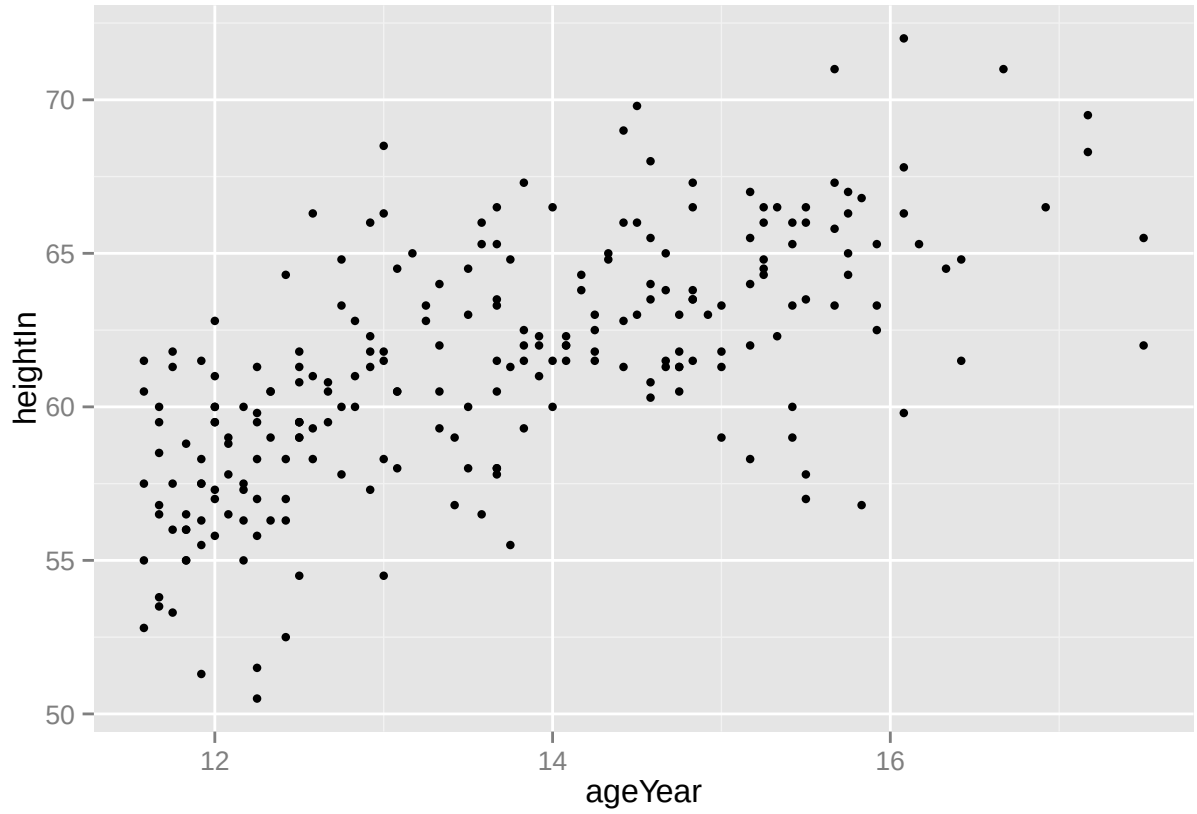
Veamos la siguiente base de datos. Nos interesa graficar como va cambiando la estatura conforme a la edad. Para ello graficaremos la dispersión de los datos e iremos añadiendo capas que nos ayuden a ver más a fondo los datos.

```
# Cambio el nombre de la base de datos para nos ecribir todo
hw <- heightweight

head(hw)
```

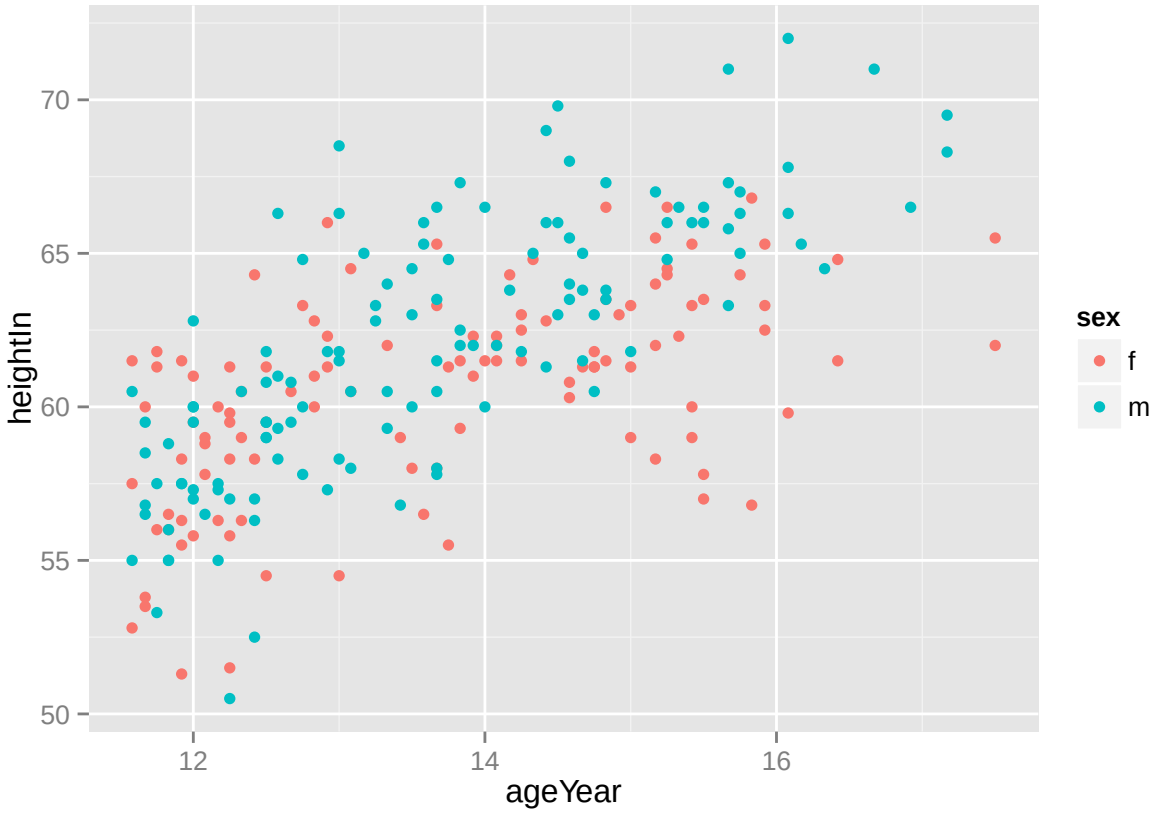
```
##   sex ageYear ageMonth heightIn weightLb
## 1   f   11.92      143     56.3     85.0
## 2   f   12.92      155     62.3    105.0
## 3   f   12.75      153     63.3    108.0
## 4   f   13.42      161     59.0     92.0
## 5   f   15.92      191     62.5    112.5
## 6   f   14.25      171     62.5    112.0
```

Entonces grafiquemos:

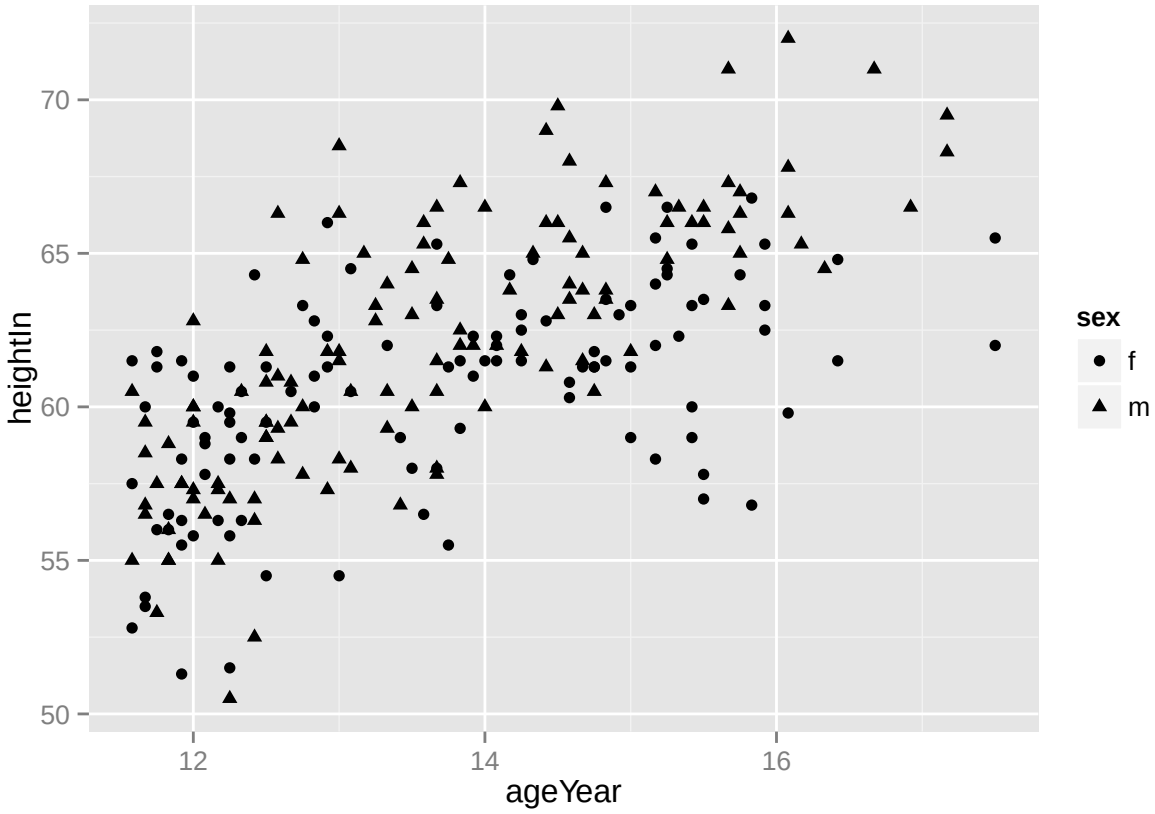
```
# Primero hagamos una gráfica de dispersión sencilla
plot <- ggplot(hw, aes(x = ageYear, y = heightIn)) + geom_point(size = 1.5)
plot
```



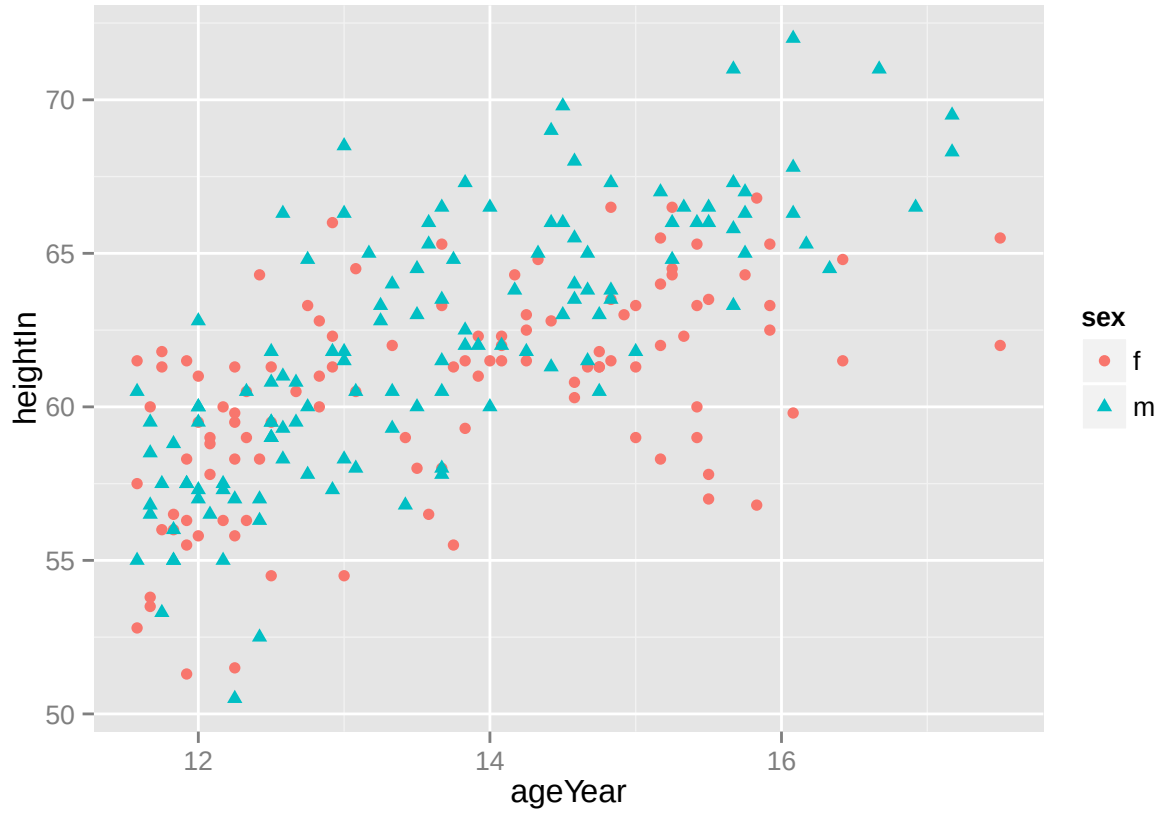

```
# Agrupemos los datos según el sexo, indicando con el color de los puntos
plot <- ggplot(hw, aes(x = ageYear, y = heightIn, col = sex)) + geom_point()
plot
```



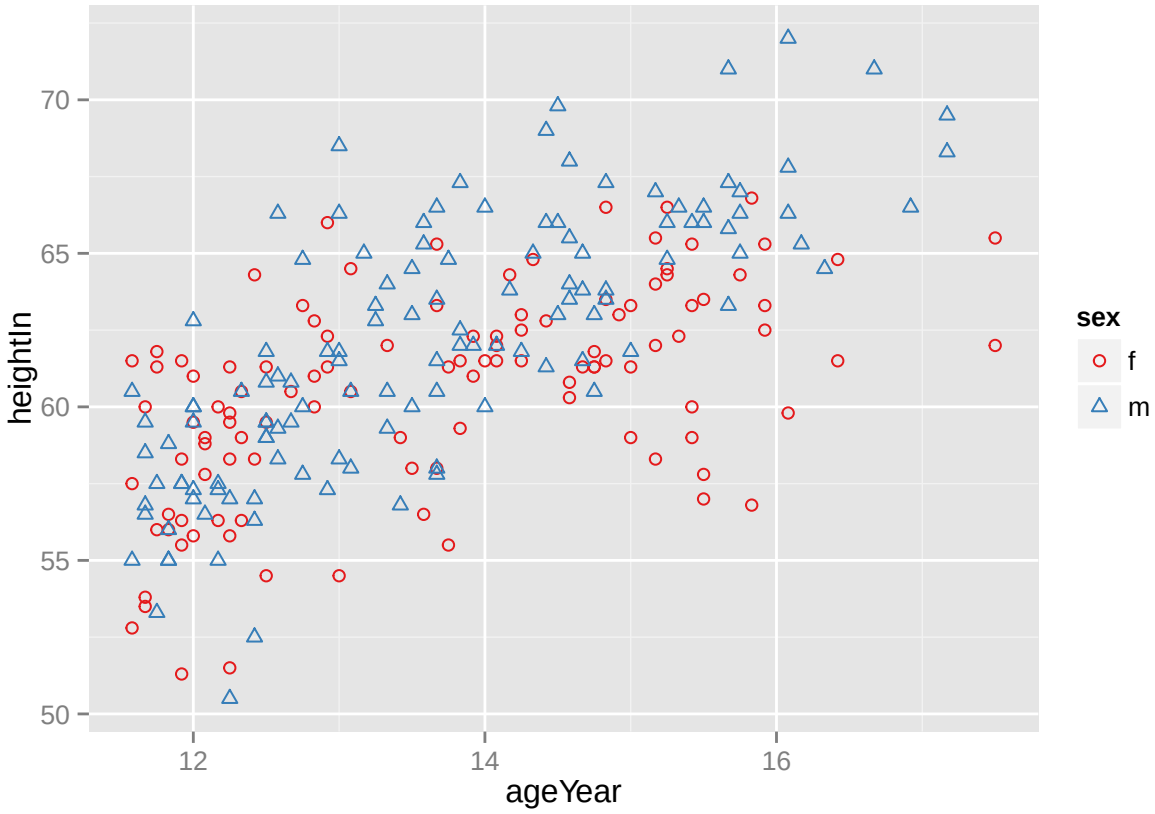

```
# Agrupemos los datos según el sexo, indicando con la forma de los puntos
plot <- ggplot(hw, aes(x = ageYear, y = heightIn, shape = sex)) + geom_point()
plot
```



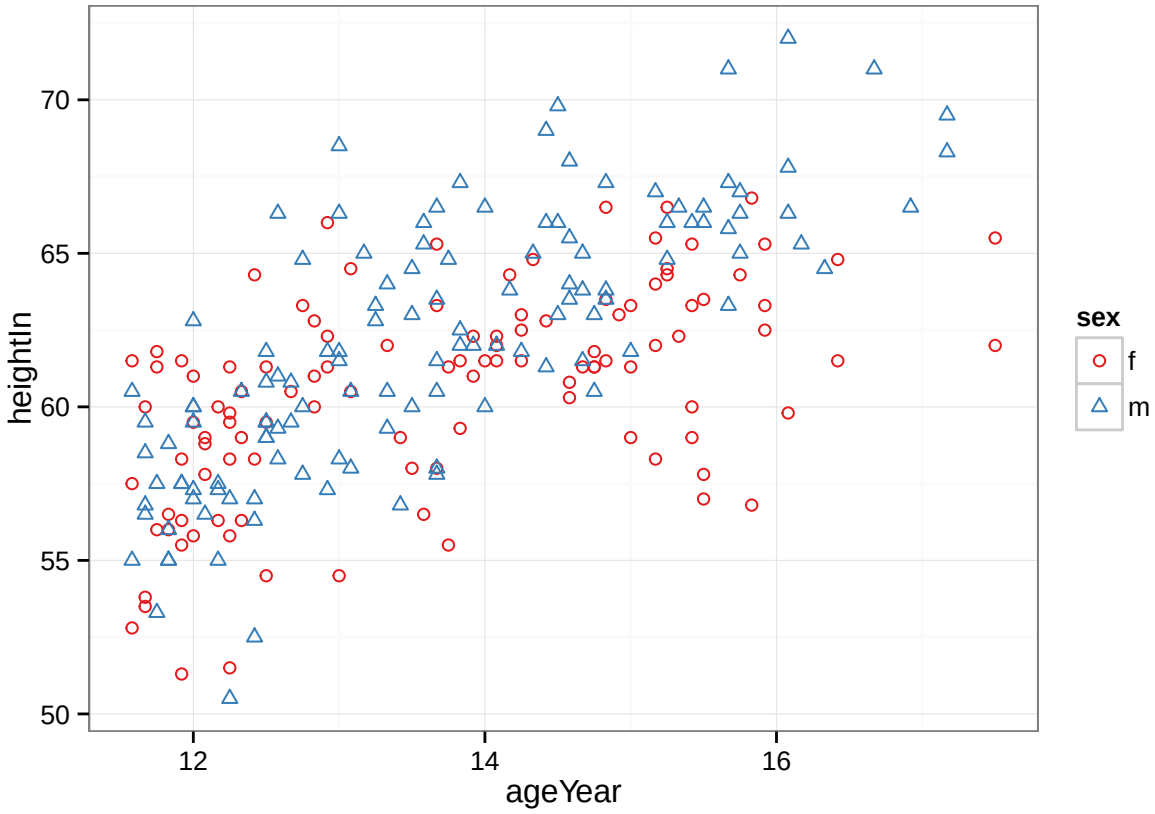

```
# Usemos ambos indicadores
# Agrupemos los datos según el sexo, indicando con el color de los puntos
plot <- ggplot(hw, aes(x = ageYear, y = heightIn, col = sex, shape = sex)) + geom_point()
plot
```



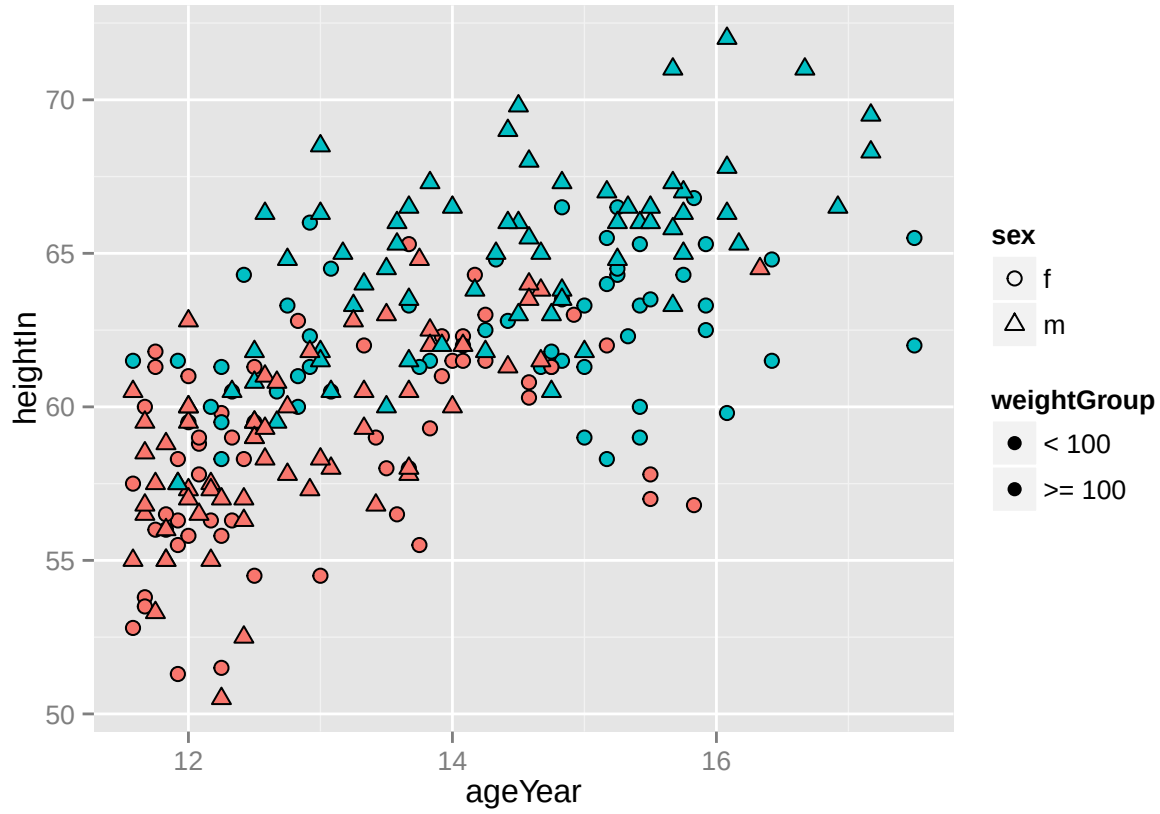

```
# Personalicemos un poco más
plot <- ggplot(hw, aes(x = ageYear, y = heightIn, col = sex, shape = sex)) + geom_point()
plot <- plot + scale_shape_manual(values = c(1,2)) +
  scale_colour_brewer(palette = "Set1")
plot
```



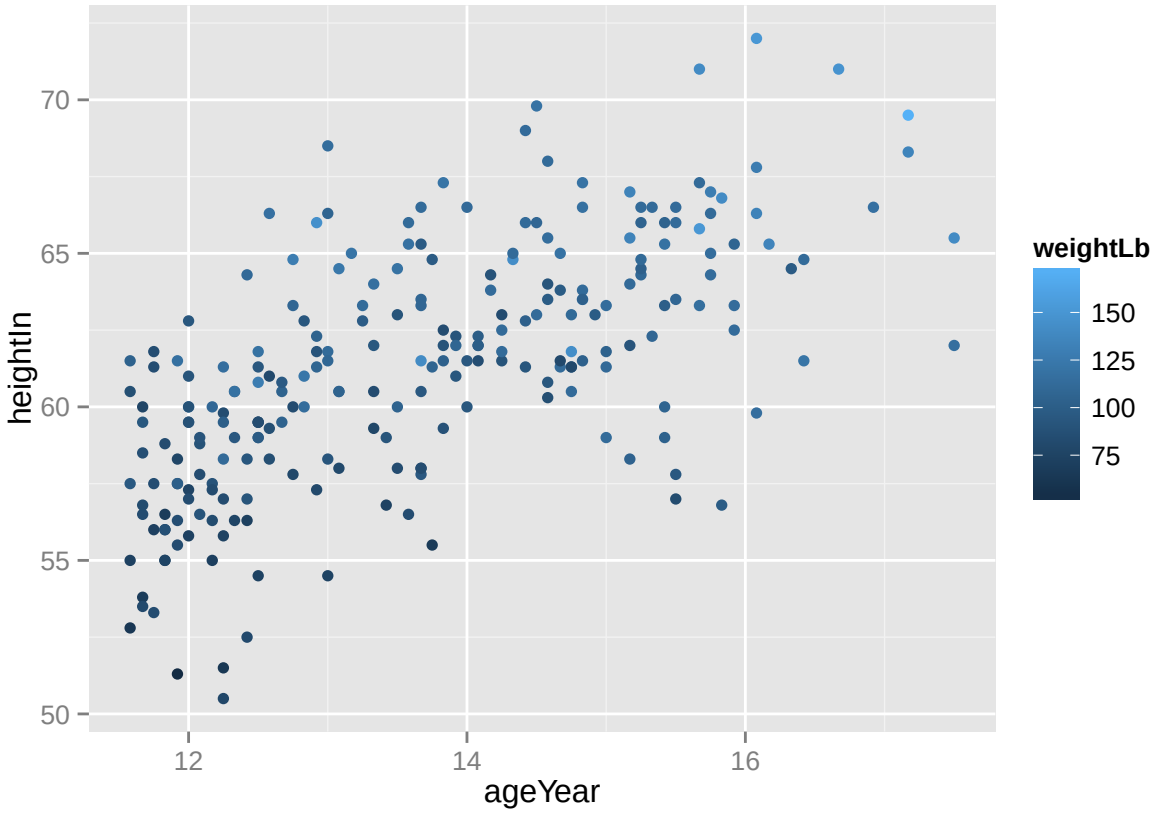

```
# Fondo blanco
plot + theme_bw()
```



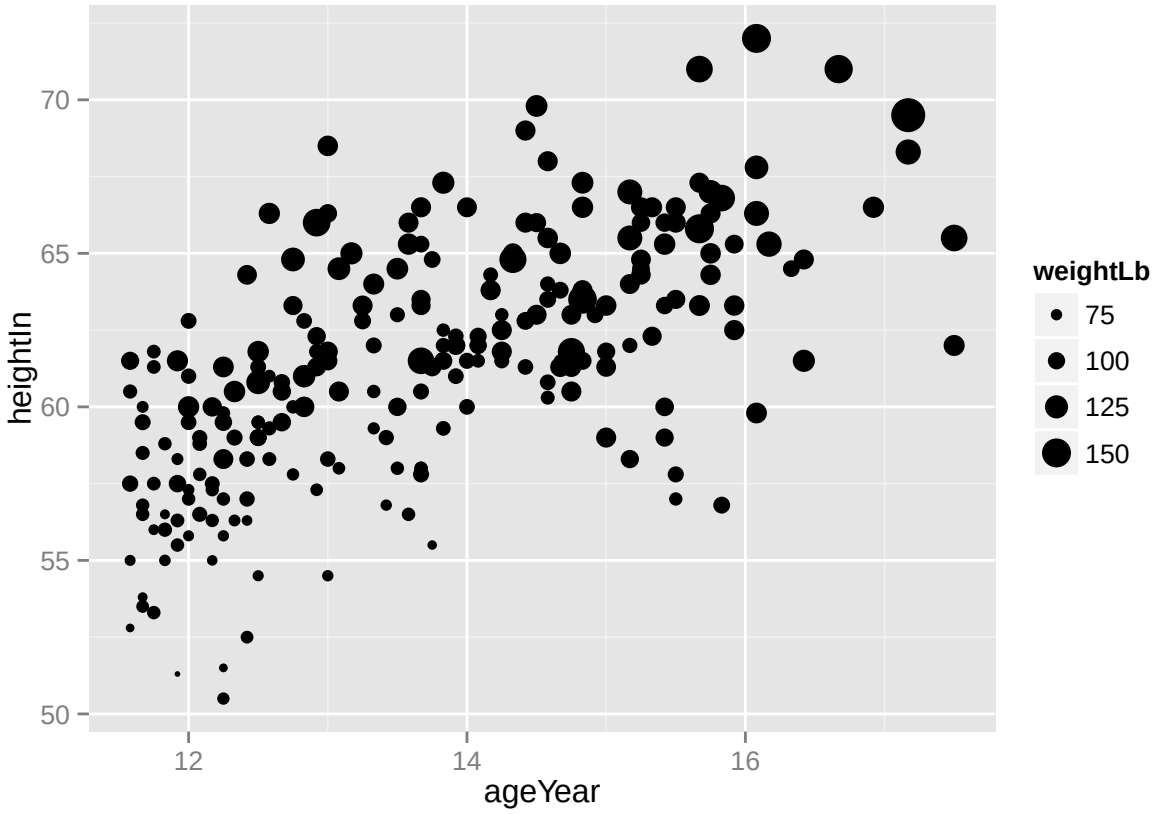

```
# Agrupemos para más de una variable.
# Crearemos una varaible categórica para dividir el peso en dos partes
hw$weightGroup <- cut(hw$weightLb, breaks = c(-Inf,100,Inf),
                      labels = c("< 100", ">= 100"))
# Graficamos
plot <- ggplot(hw, aes(x = ageYear, y = heightIn, shape = sex, fill = weightGroup)) +
  geom_point(size = 2.5) +
  scale_shape_manual(values = c(21, 24))
plot
```



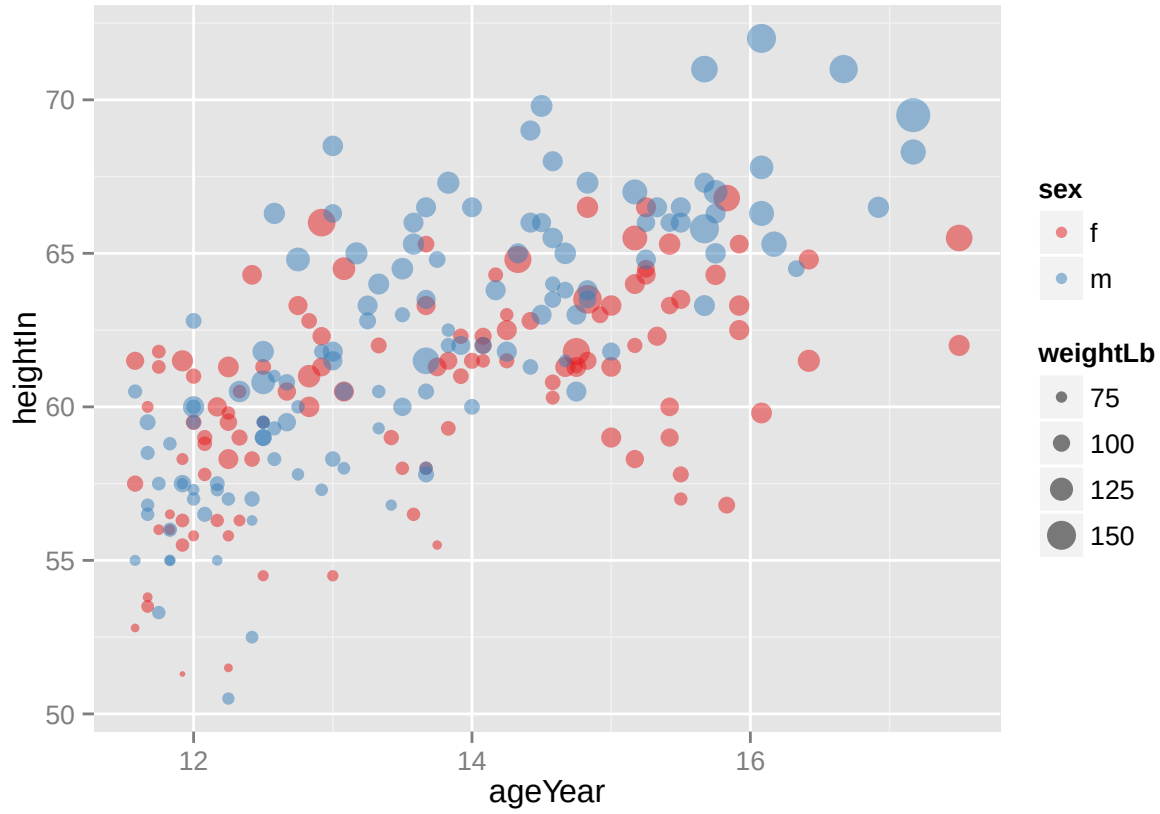

```
# También podemos usar el peso como una variable continua
# Indicamos el valor con el color
plot <- ggplot(hw, aes(x = ageYear, y = heightIn, col = weightLb)) + geom_point()
plot
```




```
# Indicamos valor con el tamaño de los puntos
plot <- ggplot(hw, aes(x = ageYear, y = heightIn, size = weightLb)) + geom_point()
plot
```




```
# Añadimos el indicador del sexo
plot <- ggplot(hw, aes(x = ageYear, y = heightIn, size = weightLb, col = sex)) + geom_point(alpha = 0.5)
plot + scale_colour_brewer(palette = "Set1")
```



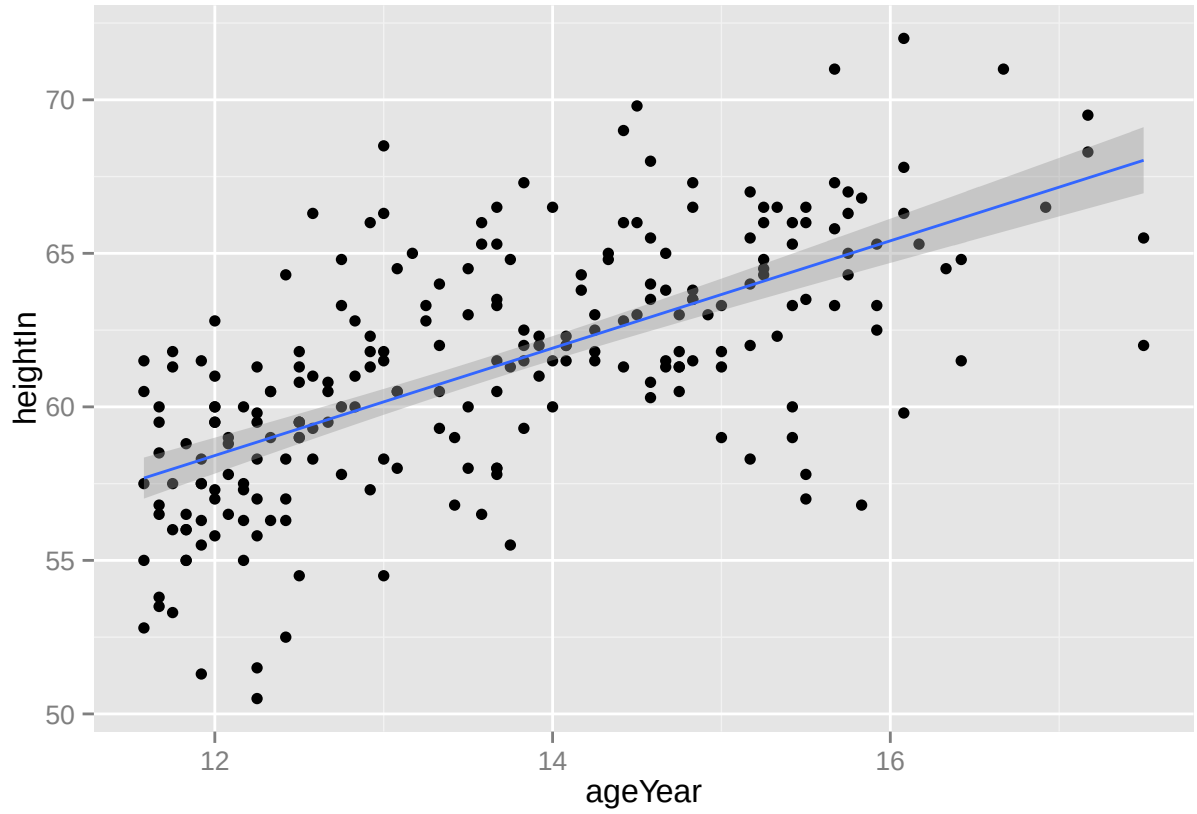
Añadiendo modelos de ajuste

Ahora que ya sabemos hacer gráficas de dispersión podemos añadir ajustes a nuestras gráficas, ya sean directamente hechos por ggplot o algunos modelos propios.

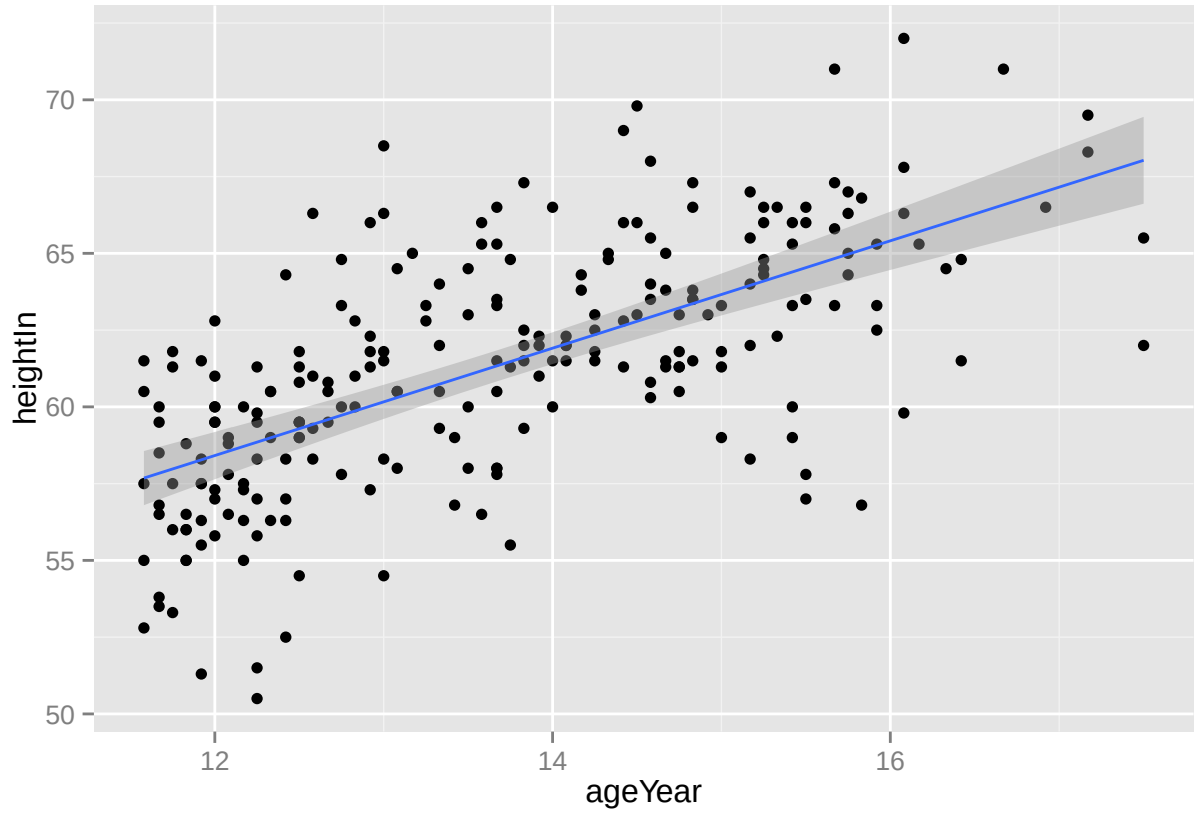
```
head(heightweight)
```

```
##   sex ageYear ageMonth heightIn weightLb
## 1   f   11.92      143     56.3     85.0
## 2   f   12.92      155     62.3    105.0
## 3   f   12.75      153     63.3    108.0
## 4   f   13.42      161     59.0     92.0
## 5   f   15.92      191     62.5    112.5
## 6   f   14.25      171     62.5    112.0
```

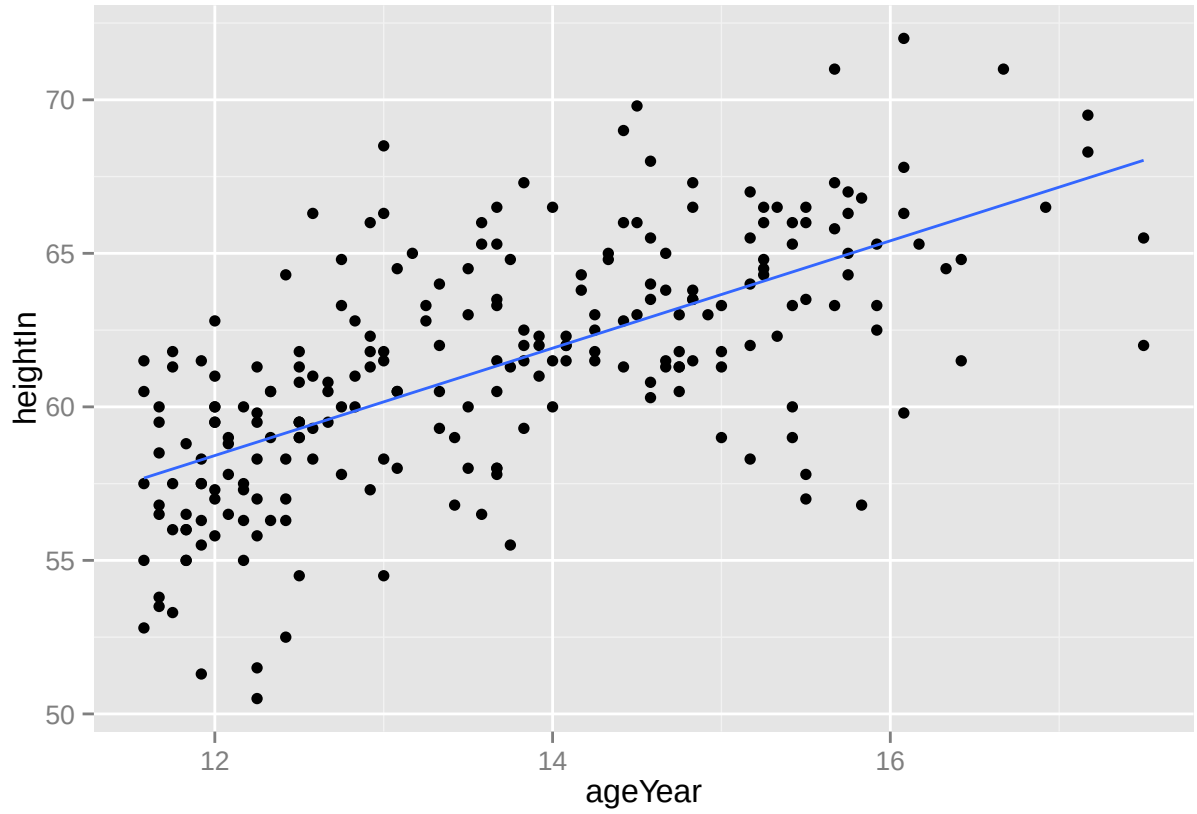
```
# Gráfica con un modelo lineal
# Usamos stat_smooth para agregar el modelo de ajuste
# Por default, la gráfica agrega un intervalo del 95% de confianza
plot <- ggplot(heightweight, aes(x=ageYear, y=heightIn))
plot <- plot + geom_point() + stat_smooth(method=lm)
plot
```



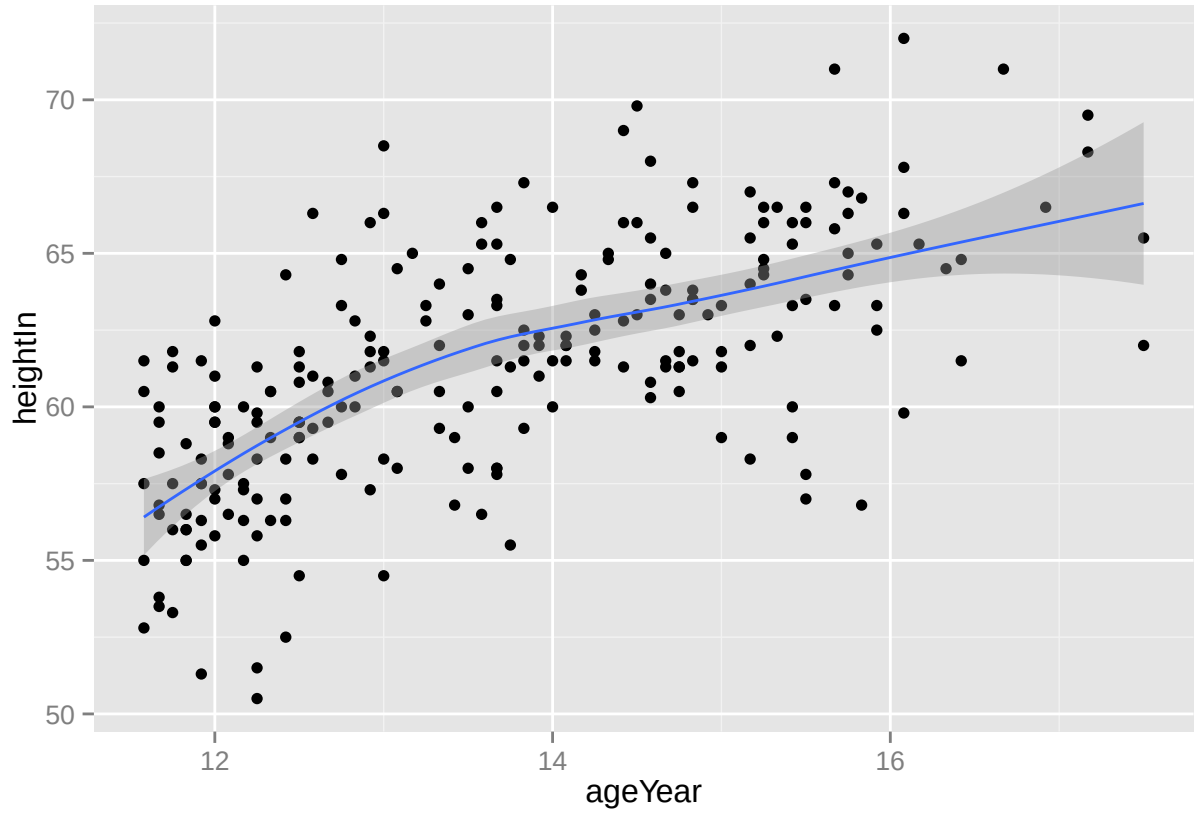

```
# Podemos cambiar el intervalo de confianza
plot <- ggplot(heightweight, aes(x=ageYear, y=heightIn))
plot <- plot + geom_point() + stat_smooth(method=lm, level=0.99)
plot
```



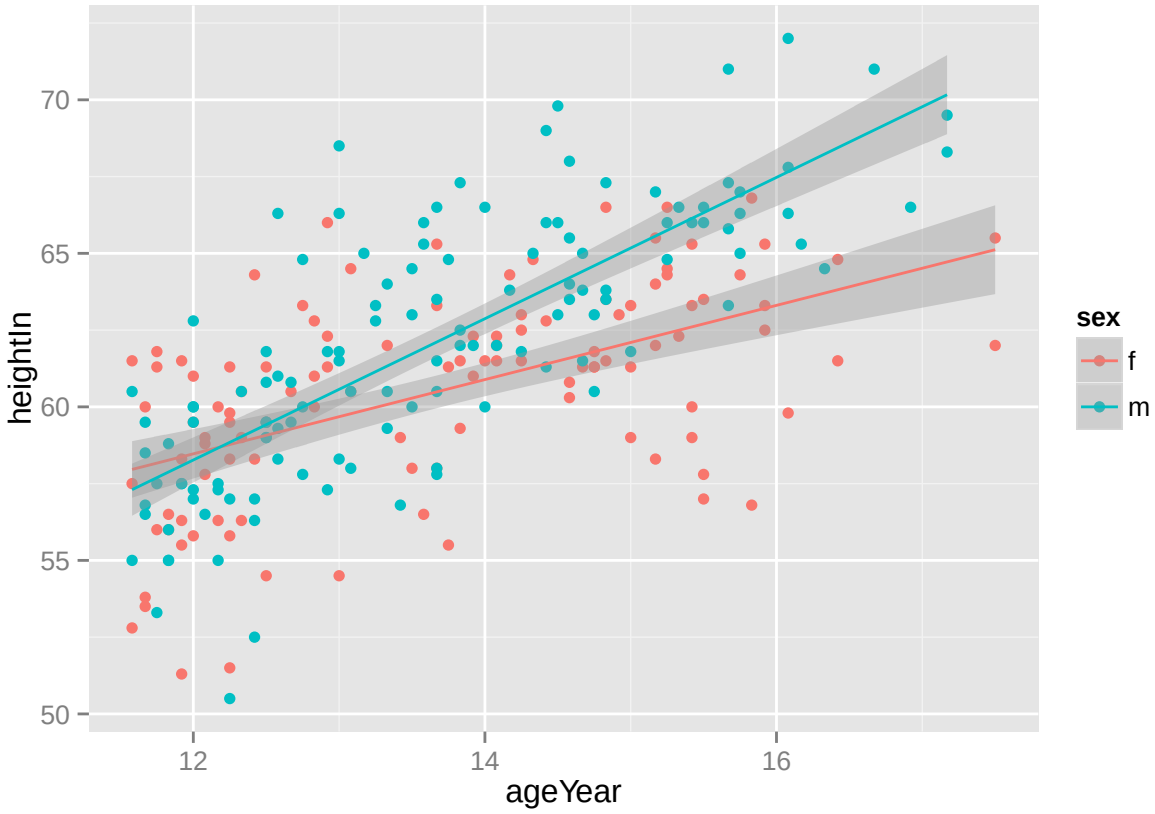

```
# O simplemente quitar el intervalo
plot <- ggplot(heightweight, aes(x=ageYear, y=heightIn))
plot <- plot + geom_point() + stat_smooth(method=lm, se=FALSE)
plot
```




```
# Podemos agregar modelos más flexibles que un modelo lineal
# Explorar distintos métodos
plot <- ggplot(heightweight, aes(x=ageYear, y=heightIn))
plot <- plot + geom_point() + stat_smooth(method=loess)
plot
```




```
# Podemos igual separar por sexo y ver la diferencia de medias
plot <- ggplot(heightweight, aes(x=ageYear, y=heightIn, col=sex))
plot <- plot + geom_point() + stat_smooth(method=lm)
plot
```



También podemos ajustar modelos de clasificación, como una regresión logística:

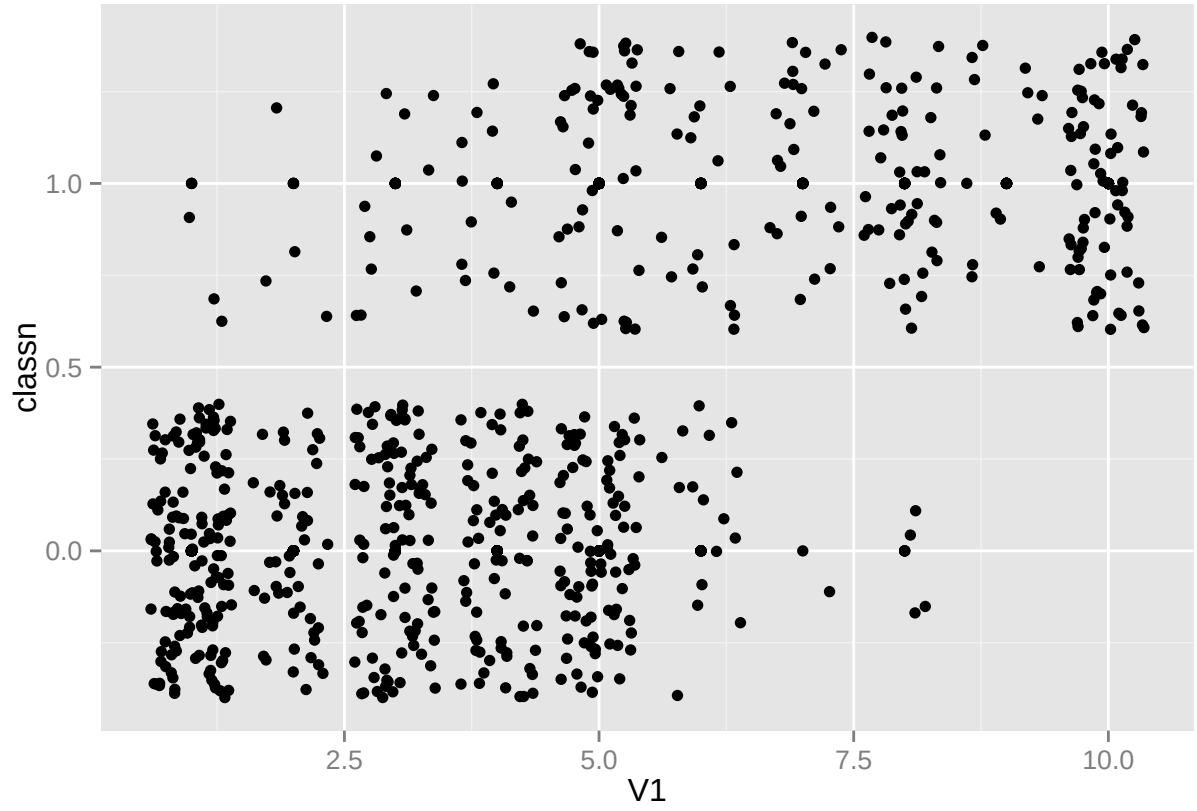
```
# Hacemos la variable de clasificación class en forma numérica
head(biopsy)
```

```
##        ID V1 V2 V3 V4 V5 V6 V7 V8 V9     class
## 1 1000025  5  1  1  1  2  1  3  1  1    benign
## 2 1002945  5  4  4  5  7 10  3  2  1    benign
## 3 1015425  3  1  1  1  2  2  3  1  1    benign
## 4 1016277  6  8  8  1  3  4  3  7  1    benign
## 5 1017023  4  1  1  3  2  1  3  1  1    benign
## 6 1017122  8 10 10  8  7 10  9  7  1 malignant
```

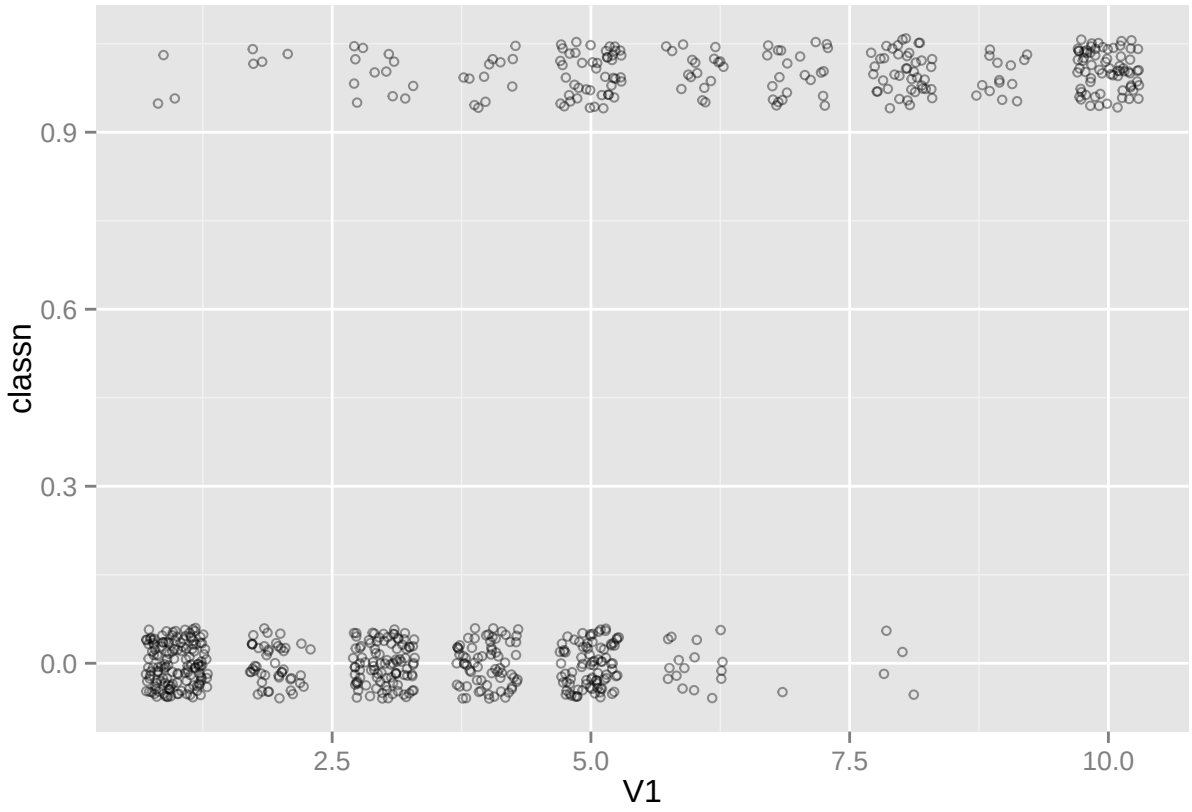
```
biopsy$classn <- 0
biopsy$classn[biopsy$class=="malignant"] <- 1
head(biopsy)
```

```
##        ID V1 V2 V3 V4 V5 V6 V7 V8 V9     class classn
## 1 1000025  5  1  1  1  2  1  3  1  1    benign      0
## 2 1002945  5  4  4  5  7 10  3  2  1    benign      0
## 3 1015425  3  1  1  1  2  2  3  1  1    benign      0
## 4 1016277  6  8  8  1  3  4  3  7  1    benign      0
## 5 1017023  4  1  1  3  2  1  3  1  1    benign      0
## 6 1017122  8 10 10  8  7 10  9  7  1 malignant      1
```

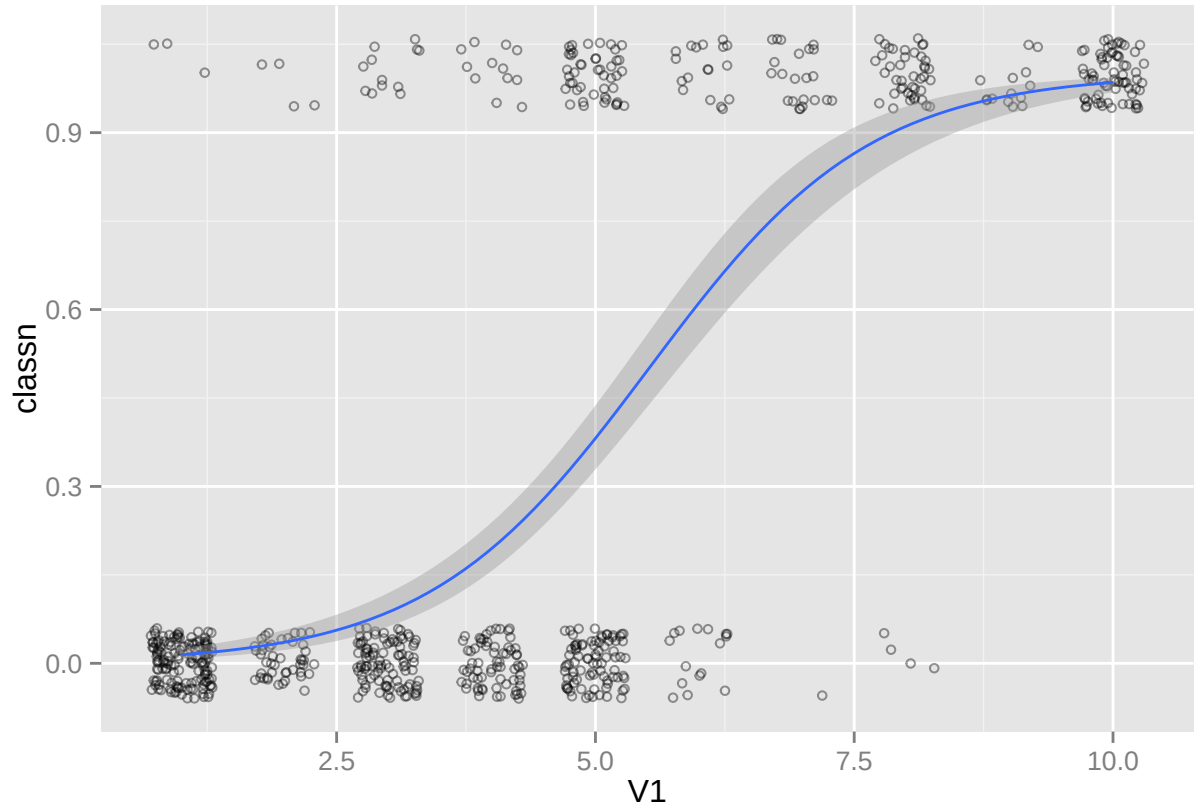
```r
# Graficamos la regresión logística
plot <- ggplot(biopsy, aes(x=V1, y=classn)) + geom_point() + geom_jitter()
plot
```




```r
# Podemos hacer el 'jitter' más pequeño y agregar transparencia a los puntos
plot <- ggplot(biopsy, aes(x=V1, y=classn)) + geom_point(position=position_jitter(width=0.3, height=0.0
plot
```




```
# Agregamos la regresión
plot <- plot + stat_smooth(method=glm, family=binomial)
plot
```



Ahora veamos más cosas que podemos hacer con gráficas de dispersión.

Anotaciones

```
# Veamos los siguientes datos
head(countries)
```

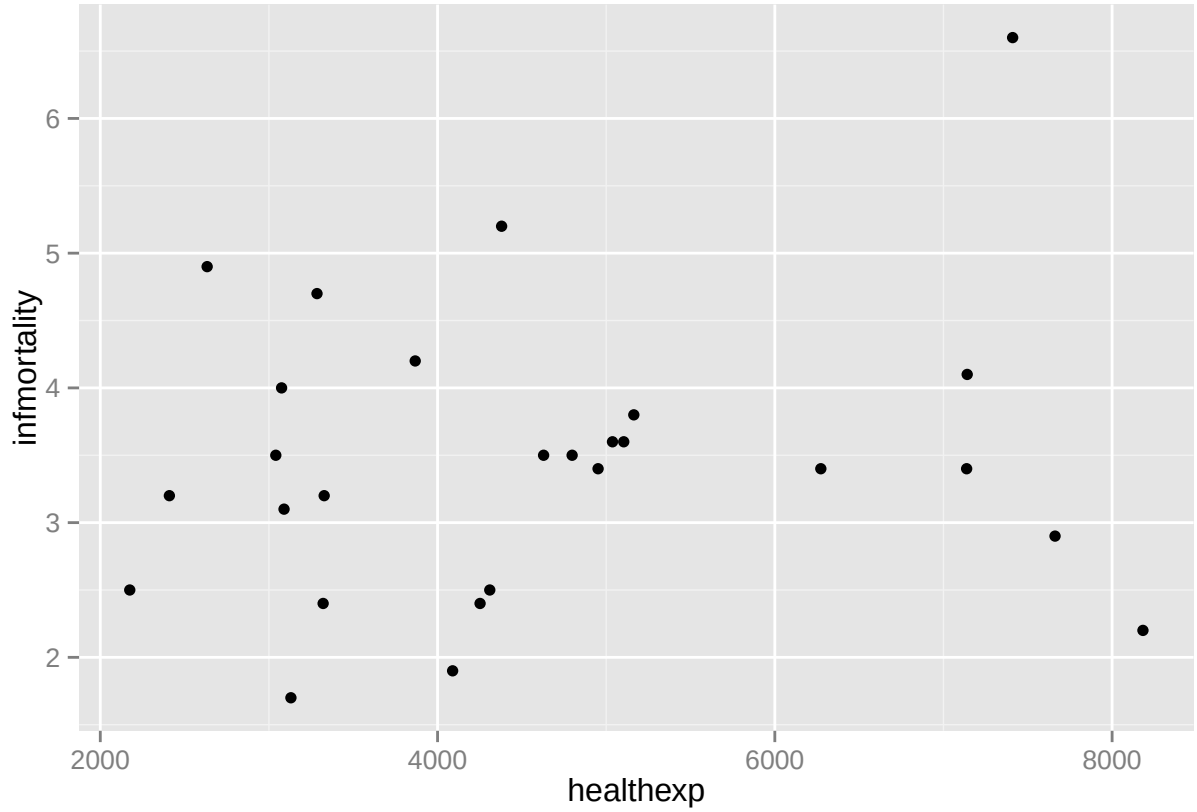
```
##          Name Code Year      GDP laborrate healthexp infmortality
## 1 Afghanistan  AFG 1960 55.60700        NA        NA           NA
## 2 Afghanistan  AFG 1961 55.66865        NA        NA           NA
## 3 Afghanistan  AFG 1962 54.35964        NA        NA           NA
## 4 Afghanistan  AFG 1963 73.19877        NA        NA           NA
## 5 Afghanistan  AFG 1964 76.37303        NA        NA           NA
## 6 Afghanistan  AFG 1965 94.09873        NA        NA           NA
```

```
# Transformemos un poco los datos
countries <- countries %>%
  filter(Year==2009, healthexp>2000)
head(countries)
```

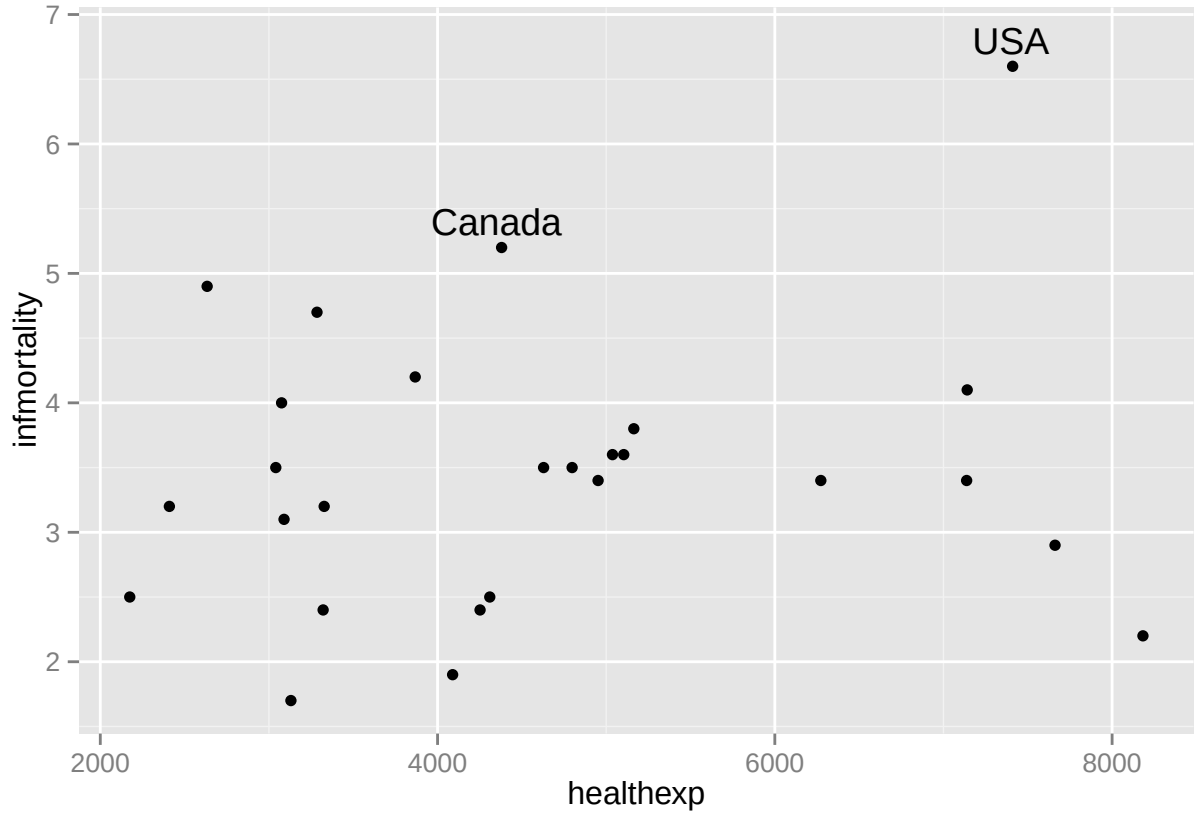
```
##        Name Code Year      GDP laborrate healthexp infmortality
## 1   Andorra  AND 2009       NA        NA  3089.636          3.1
## 2 Australia  AUS 2009 42130.82      65.2  3867.429          4.2
## 3   Austria  AUT 2009 45555.43      60.4  5037.311          3.6
```

```
## 4   Belgium  BEL 2009 43640.20      53.5  5104.019          3.6
## 5    Canada  CAN 2009 39599.04      67.8  4379.761          5.2
## 6   Denmark  DNK 2009 55933.35      65.4  6272.729          3.4
```

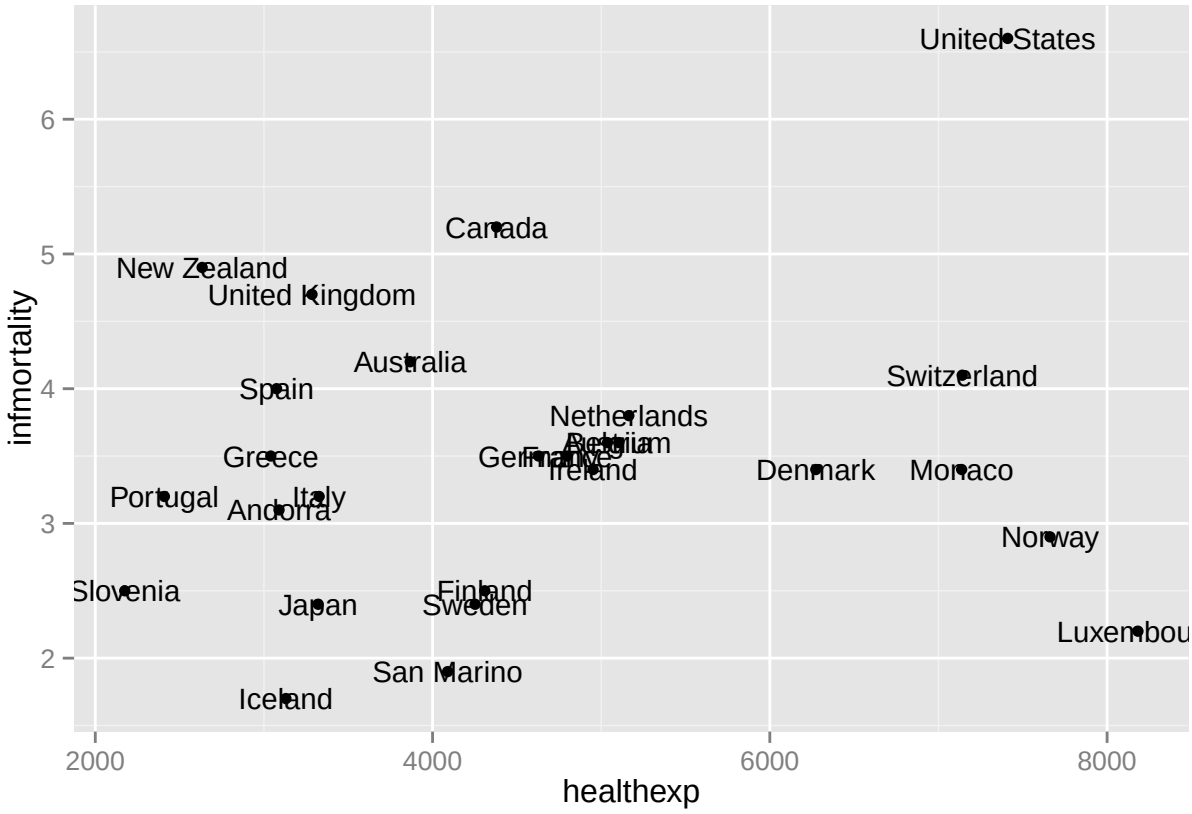
```
# Hacemos una gráfica de dispersión
plot <- ggplot(countries, aes(x=healthexp, y=infmortality)) + geom_point()
plot
```




```
# Si quisiéramos saber qué país representa algún punto podemos agregar el texto manualmente
plot + annotate("text", x=4350, y=5.4, label="Canada") +
  annotate("text", x=7400, y=6.8, label="USA")
```




```
# Podemos elegir una columna que indique las etiquestas, en este caso 'Name'
plot + geom_text(aes(label=Name), size=4)
```


United States
Canada
New Zealand
United Kingdom
Australia
Switzerland
Spain
Netherlands
Greece
Denmark
Monaco
Portugal
Andorra
Italy
Norway
Slovenia
Japan
Sweden
Luxembou
San Marino
Iceland
infmortality
6
5
4
3
2
2000
4000
6000
8000
healthexp