# Wprowadznie do xml'a w R

 $Zygmunt\ Zawadzki\ z.zawadzki\ @erkakrakow.pl$ 

W razie niejasności (coś nie zostało wytłumaczone wyastarczająco jasno, lub brak jest wystarczającej liczby odniesień do materiałów zewnętrznych, albo pominąłem istotny wątek, ewentualnie masz pomysł na jakiś ciekawy przykład) proszę pisać na podany wyżej adres e-mail, albo wykorzystać GitHuba - https://github.com/eRkaKrakow/Tutoriale/issues. Postaram się w miarę możliwości wprowadzić potrzebne uzupełnienia (jeżeli ktoś ma ochotę może również coś dopisać, to współautorzy są mile widziani - sława czeka!). Przepraszam za literówki:)

# Wprowadzenie

XML to rodzaj języka znaczników, bardzo podobny do html (w zasadzie jeżeli ktoś widział na oczy html, to z xmlem poczuje się jak w domu).

Jedną z głównych zalet xml'a jest to, że jest dosyć łatwy do czytania zarówno dla człowieka, jak i dla maszyny. Poniżej znajduje się prosty przykład xml'a opisujący model regresji liniowej.

```
<?xml version="1.0" encoding="UTF-8"?>
<model>
  <!-- Opis xml modelu regresji liniowej -->
    <coefficients>
        <coeff name="Intercept" value="20.53" sd="11.01" intercept="true"/>
              <coeff name="price" value="30.1" sd="2.06" signif="true"/>
              </coefficients>
        <sd value="5.43"/>
              <rsqr>0.45</rsqr>
</model>
```

W zasadzie opierając się na samej informacji, że jest to regresja liniowa (oczywiście trzeba znać troszkę statystyki, żeby wiedzieć, że co to jest ta regresja:)), a nie znając budowy pliku xml, można łatwo domyślić się, że mamy do czynienia z modelem postaci:

$$y = 20.53 + 30.1 \cdot price,$$
 (1)

a  $R^2$  tego modelu wynosi 0.45.

#### Podstawowe określenia w xml'u.

Po krótkiej prezentacji xml'a, czas na nieco definicji i nazewnictwa (imiona użyte w przykładach są przypadkowe!).

Podstawowymi pojęciami w plikach xml są - rodzic i dziecko. Rodzic to element obejmujący dziecko(!) - tak jak w poniższym przykładzie:

Przy czym rodzic może mieć wiele dzieci, natomiast dziecko, tylko jednego rodzica (tym świat xmla różni się od świata rzeczywistego...).

Natomiast rodzic wszystkich rodziców to korzeć (ang. root) - i jako taki może być tylko jeden w dokumencie. Poniżej korzeniem jest < dziadek >

Próba pracy z xmlem zawierającym wiele korzeni oznacza, że ktoś mógł źle sformatować ów plik, a skutkować to będzie komplikacjami przy użyciu narzędzi do pracy z xmlami. Poniżej niepoprawnie sformatowany plik xml:

Dodatkowo każdy element może mieć właśne atrybuty - w powyższych przykładach takim atrybutem był name. Jednocześnie elementy o tej samej nazwie wcale nie musza mieć tych samych atrybutów

Z powyższego powodu xml jest bardzo dobrym formatem do trzymania danych o nieregularnej strukturze, które na przykład trudno ująć w tabeli. Równocześnie xml może być przydatny do przygotowywania wszelkiej maści konfigów, czy zapisywania modeli statystycznych (patrz https://en.wikipedia.org/wiki/Predictive\_Model Markup Language). Oczywiście sa też inne jezyki znaczników yaml, czy JSON.

Poszczególne elementy, oprócz atrybutów i dzieci, mogą mieć wartości tekstowe:

```
<!-- Jaś jest w tym przypadku wartością -->
<dziecko>Jaś</dziecko>
```

I na koniec rzecz która powinna być na początku:

```
<!-- Tak. To jest komentarz w xmlu -->
```

I to w zasadzie tyle najważniejszej terminologii xml'a! Pora na przejście do R.

### Wczytujemy xml'a do R

Do obróbki xml'a najlepiej wykorzystywać pakiet xml2 napisany przez Hadley'a Wickhama. Samo nazwisko autora oznacza że pakiet jest bardzo prosty i przemyślany, a do tego prosty w obsłudze (jeżeli ktoś korzysta z R i nie jest zaznajomiony z dorobkiem Wickhama, powinien szybko nadrobić zaległości!).

I najważniejsze aktualna wersja xml2 znajdująca się na CRAN (0.1.2.9000) ma problem z kodowaniem polskich znaków - tzn. pojawiają się krzaczki - na szczęście w wersji deweloperskiej problem został już usunięty (ufff) - z tego też powodu - póki poprawki nie pojawią się na CRANie należy zainstalować wersję z githuba:

```
# Oczywiscie trzeba miec zainstalowane Rtools (na windowsie)
# https://cran.r-project.org/bin/windows/Rtools/
# Uzytkownicy linuxa dadzą radę:)
library(devtools)
install_github("hadley/xml2")
```

Poniżej przykładowy kawałek kodu:

Bardzo częstym problemem przy wczytywaniu xmli jest fakt, że nie zawsze są one dobrze sformatowane - na przykład - próba wczytania poniższego xml'a zakończy się błędem:

## Error in eval(expr, envir, enclos): Extra content at the end of the document [5]

Komunikat o błędzie nie jest zbyt jasny, ale parę sekund googlowania pozwoli znaleźć odpowiedź, co jest właściwym powodem błędu - w powyższym dokumencie nie ma korzenia - czyli znacznika obejmującego cały dokument. Poniżej poprawiona wersja (należało dodać < models > na początku i < /models > na końcu dokumentu):

# Podstawowe operacje

By efektywnie korzystać z plików xml należy nauczyć się języka XPaht. Szerszy jego opis z przykładami można znaleźć między innymi na stronie <a href="http://www.w3schools.com/xsl/xpath\_syntax.asp">http://www.w3schools.com/xsl/xpath\_syntax.asp</a>. W tym miejscu przedstawione zostanie jedynie podstawowe wyszukiwanie węzłów - jednak składnia XPath jest na tyle prosta, iż poznanie się na tyle by móc z niej efektywnie korzystać jest kwestią kilku minut.

```
# Jak zawsze dane
library(xml2)
xmlText = '<?xml version="1.0" encoding="UTF-8"?>
<model>
    <!-- Opis xml modelu regresji liniowej -->
    <coefficients>
```

```
<coeff name="Intercept" value="20.53" sd="11.01" intercept="true"/>
    <coeff name="price" value="30.1" sd="2.06" signif="true"/>
  </coefficients>
  <sd value="5.43"/>
  <rsqr>0.45</rsqr>
</model>'
xmlAll = read_xml(xmlText)
# //nazwa - szukaj w calym drzwie
xml_find_all(xmlAll, "//coeff")
## {xml_nodeset (2)}
## [1] <coeff name="Intercept" value="20.53" sd="11.01" intercept="true"/>
## [2] <coeff name="price" value="30.1" sd="2.06" signif="true"/>
# /sciezka//nazwa - szukaj w drzewie ponizej sciezki
xml_find_all(xmlAll, "/model/coefficients//coeff")
## {xml_nodeset (2)}
## [1] <coeff name="Intercept" value="20.53" sd="11.01" intercept="true"/>
## [2] <coeff name="price" value="30.1" sd="2.06" signif="true"/>
# rsqr nie znajduje sie w coefficients wiec nie
# zostanie znalezione
xml_find_all(xmlAll, "/model/coefficients//rsqr")
## {xml_nodeset (0)}
Po pobraniu zestawu węzłów można w zasadzie wykonać dwie główne operacje - pobrać wartość znajdującą
się między tagami (przypadek < tag > wartość < /tag >), lub pobrać wartość atrybutu (przypadek
< tagattr = "wartość" / >).
# wartosc
rsqr = xml_find_all(xmlAll, "//rsqr")
xml_text(rsqr)
## [1] "0.45"
# atrybut
coeff = xml_find_all(xmlAll, "//coeff")
xml_attr(coeff, "value")
## [1] "20.53" "30.1"
# wszystkie atrybuty:
xml_attrs(coeff)
## [[1]]
          name
                     value
                                    sd
                                          intercept
## "Intercept"
                                             "true"
                   "20.53"
                               "11.01"
##
## [[2]]
     name
           value
                        sd signif
## "price" "30.1" "2.06" "true"
```

# Przykłady praktycznego użycia

W przydkładach wykorzystywany jest plik tadeusz.xml, będący rezultatem działania programu TaKIPI 1.8. Plik powinien być w repozytorium w którym znajduje się niniejszy tutorial.

## Chmura tagów z Pana Tadeusza:

W przykładzie używam tylko losowych 2000 słów inaczej chmura dłuugo się liczy.

```
library(wordcloud)
library(xml2)
library(magrittr)
xmlAll = read_xml("tadeusz.xml")

# znalezienie wszystkich slow i pobranie ich z xml'a
allWords = xml_find_all(xmlAll, "//orth") %>% xml_text()

# wybranie slow o dlugosci > 3 litery
allWords = allWords[nchar(allWords) > 3]
wordcloud(sample(allWords,2000))
```

mnie sopliców nalezyprosil dawniej reka dalejgdzie mia zrobim galki nawet naprzód wiem siebie wszak gleboko zrecznie krzyknal góry ryków chciał tegopierwszy albo sedziego moze długa sylo gerwazy potem było gerwazy procesa domu wszyscy procesa domu siebie wszak gory ryków chciał tegopierwszy potem było gerwazy procesa domu siebie wszak gory ryków chciał tegopierwszy potem dwóch

### Pobranie wszystkich czasowników:

Pobranie wszystkich czasowników załatwić przy pomocy jednego zapytania xpath (tutaj też objawia się jego potęga):

```
library(xm12)
library(magrittr)
xmlAll = read_xml("tadeusz.xml")
praets = xml_find_all(xmlAll, "/root//tok[contains(lex/ctag, 'praet')]/orth")
xml_text(praets) %>% head

## [1] "stracil" "powrócila" "podniosl" "mogl" "Stal" "Świecily"
```

Najważniejszą częścią jest tok[contains(lex/ctag,'praet')], w którym contains(lex/ctag,'praet') jest warunkiem logicznym - sprawdzającym czy w węźle lex/ctag znajduje się wartość 'praet'. Jeżeli jest - wtedy z węzla tok zwracany jest węzeł orth zawierający bazowe słowo.