Eksploracja Tekstu i Wyszukiwanie Informacji w Mediach Społecznościowych

LABORATORIUM 0

URUCHAMIANIE I KOŃCZENIE SESJI, KOMENDY

- R uruchamiamy instrukcją **`R`** z linii komend,
- z programu wychodzimy komendą **`quit()`** lub **`q()`**
- komendy wpisujemy, kończąc klawiszem **`Enter`**,
- średnik **`;`** rozdziela kolejne komendy w linii,
- tekst wypisany w linii po znaku **`#`** jest niewidoczny

Przykład 0.1

```
> 2+2
[1] 4
> 3-3; cos(0)
[1] 0
[1] 1
> exp(0) # wartosc exp(0)
[1] 1
```

INSTRUKCJA PRZYPISANIA

- istnieją trzy sposoby przypisania:

```
= <- ->
```

- w większości przypadków nie ma różnicy, którego operatora używamy

Przykład 0.2

```
a = 128
a <- 128
a -> 128
```

- operator **`=`** służy do podawania parametrów funkcji,
- operator **`<-`** ma wyższy priorytet, co ilustruje poniższy przykład:

Przykład 0.3

```
a <- b <- 128
a = b = 128
a -> b -> 128
a = b <- 128
```

TYPY DANYCH

1.

TYP LICZBOWY

- liczby całkowite i rzeczywiste
- dozwolona notacja naukowa (np. `a <- 2.3e3`)
- separatorem dziesiętnym jest kropka,
- oprócz tego symbole `NaN, Inf, -Inf`

Przykład 0.4

```
> 1/0
[1] Inf
> exp(-Inf)
[1] 0
> 0 * Inf
[1] NaN
```

2. **TYP ZNAKOWY**

- napisy (łańcuchy znaków)
- rozpoczynają się i kończą znakiem `'` lub `"`

Przykład 0.5

```
> a <- "a"; a
[1] "a"
> a <- "Pakiet R"; a
[1] "Pakiet R"
```

3. **TYP LOGICZNY**

- reprezentuje logiczną prawdę (`TRUE` lub `T`) i fałsz (`FALSE` lub `F`)
- w wyrażeniu arytmetycznym jest automatycznie konwertowany na liczby (odpowiednio (`1` i `0`)

Przykład 0.6

```
> 1 == 0
[1] FALSE
> ("a" == "a") * 2
[1] 2
```

4. **TYP CZYNNIKOWY (WYLICZENIOWY, KATEGORYCZNY)**

- przydatny do przechowywania wektorów wartości, występujących na kilku poziomach,
- zajmuje mniej pamięci niż odpowiadający mu typ znakowy,
- konstruktor `factor()`

Przykład 0.7

```
> wyksztalcenie <- factor(c("podstawowe", "wyzsze", "srednie", "srednie", "wyzsze"))
> summary(wyksztalcenie)
podstawowe    srednie     wyzsze
         1          2          2
```

5. **WEKTOR**

- uporządkowany zbiór obiektów tego samego typu (wyjątek `NA` - brak wartości),
- podstawowy typ w języku R: operacje wykonywane na wektorach są możliwe najbardziej efektywne.

Metody tworzenia wektorów:

- przypisanie,
- funkcja `c()` do tworzenia z pojedynczych elementów,
- podanie zakresu za pomocą `:` lub `seq()`,
- powtórzenie za pomoca `rep()`

Przykład 0.8

```
> a <- b
> a <- c(2, 181, 3.5, 2); a
[1]   2.0 181.0   3.5   2.0
> a <- 1:10; a
 [1]  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10
> a <- seq(2, 10, 2); a
[1]  2  4  6  8 10
> a <- rep(T, 10); a
 [1] TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
> a <- rep(seq(2,10,2), 3); a
 [1]  2  4  6  8 10  2  4  6  8 10  2  4  6  8 10
```

Możliwe jest indeksowanie wektorów za pomocą nazw elementów:

Przykład 0.9

```
> w <- c(a=1, b=2, c=3)
> w[1]
a
1
> w['a']
a
1
> w["a"]
a
1
```

6. **LISTA**

- uprządkowany zbiór obiektów, ale różnych typów i dowolnej długości
- konstruktor **`list()`**

Przykład 0.10

```
> L <- list(liczby = 1:10, tekst = c("a", "b", "c"), log = rep(T, 5))
> L
$liczby
 [1]  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10

$tekst
[1] "a" "b" "c"

$log
[1] TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE

> L$liczby
 [1]  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10
> L[2]
$tekst
[1] "a" "b" "c"
```

7. **MACIERZ**

- konstruktorem macierzy (2D) jest **`matrix()`**,

Przykład 0.11

```
> A <- matrix(0, 2, 3); A
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    0    0    0
[2,]    0    0    0
> A <- matrix(1:8, 4, 2); A
     [,1] [,2]
[1,]    1    5
[2,]    2    6
[3,]    3    7
[4,]    4    8
> A <- matrix(c("a", "b", "c", "d"),2,2); A
     [,1] [,2]
[1,] "a"  "c"
[2,] "b"  "d"
```

- w przypadku wielowymiarowych macierzy (D > 2) korzystamy z konstruktora **`array()`**.

Przykład 0.12

```
> A <- array(1:27, dim = c(3,3,3)); A
, , 1

     [,1] [,2] [,3]
[1,]    1    4    7
[2,]    2    5    8
[3,]    3    6    9

, , 2

     [,1] [,2] [,3]
[1,]   10   13   16
[2,]   11   14   17
[3,]   12   15   18

, , 3

     [,1] [,2] [,3]
[1,]   19   22   25
[2,]   20   23   26
[3,]   21   24   27
```

8. **RAMKA DANYCH (DATA FRAME)**

- lista wektorów o tej samej długości,
- elementy w każdej kolumnie są tego samego typu,
- elementy w różnych kolumnach mogą być różnych typów,
- odwołanie tak jak do list lub tak jak do macierzy,

- bardzo często wykorzystywane jako podstawowy typ w różnych pakietach R (np. `ggplot2`)
- konstruktor `data.frame()`

Przykład 0.13

```
> ramka <- data.frame(liczby = 5:1, logiczne = T)
> ramka
  liczby logiczne
1      5     TRUE
2      4     TRUE
3      3     TRUE
4      2     TRUE
5      1     TRUE
> ramka$liczby
[1] 5 4 3 2 1
> ramka[1]
  liczby
1      5
2      4
3      3
4      2
5      1
> ramka[1,]
  liczby logiczne
1      5     TRUE
> ramka[,2]
[1] TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
```

INDEKSY

Korzystając z operatorów `c()` (względnie `c(-)`) oraz `:` możliwe jest wypisywanie zadanych części

- wektorów

Przykład 0.14

```
> w <- 1:10
> w[1:5]
[1] 1 2 3 4 5
> w[-1]
[1]  2  3  4  5  6  7  8  9 10
> w[c(1:4,8)]
[1] 1 2 3 4 8
> w[c(-2,-5)]
[1]  1  3  4  6  7  8  9 10
```

- macierzy

Przykład 0.15

```
> M <- matrix(1:9, 3, 3)
> M
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    1    4    7
[2,]    2    5    8
[3,]    3    6    9
> M[1,] # pierwszy wiersz
[1] 1 4 7
> M[,1] # pierwsza kolumna
[1] 1 2 3
> M[1:2,] # dwa pierwsze wiersze
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    1    4    7
[2,]    2    5    8
> M[-1,] # bez pierwszego wiersza
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    2    5    8
[2,]    3    6    9
> M[-2,-2] # bez drugiego wiersza i drugiej kolumny
     [,1] [,2]
[1,]    1    7
[2,]    3    9
```

- i ramek

Przykład 0.16

```
> ramka <- data.frame(liczby = 5:1, logiczne = T)
> ramka
  liczby logiczne
1      5     TRUE
2      4     TRUE
3      3     TRUE
4      2     TRUE
5      1     TRUE
> ramka$liczby[1:2]
[1] 5 4
```

OPERACJE NA WEKTORACH I MACIERZACH

Zdefiniujmy następujące wektory **w**, **u** i macierze **A**, **B**

Przykład 0.17

```
> w <- c(1,2); w
[1] 1 2
> v <- c(3,4); v
[1] 3 4
> A <- matrix(1:4, 2, 2); A
     [,1] [,2]
[1,]    1    3
[2,]    2    4
> B <- matrix(4:1, 2, 2); B
     [,1] [,2]
[1,]    4    2
[2,]    3    1
```

Możemy wykorzystać następujące operacje na wektorach

- dodawanie wektorów **w + v**,
- dodawanie liczby do wektora **w + 5**,
- możenie wektora przez liczbę **2 * w**,
- iloczyn skalarny wektorów **w %*% v**

```
> w+v
[1] 4 6
> 5+w
[1] 6 7
> 2*w
[1] 2 4
> w %*% v
     [,1]
[1,]   11
```

oraz na macierzach

- dodawanie macierzy **A + B**,
- dodawanie liczby do macierzy **1 + A**,
- możenie macierzy przez liczbę **2 * A**,
- transpozycja macierzy **t(A)**
- wyznacznik macierzy **det(A)**,
- iloczyn macierzy **A %*% B**,
- wartości i wektory własne macierzy **eigen(A)**,

```
> A + B
     [,1] [,2]
[1,]    5    5
[2,]    5    5
> 1 + A
     [,1] [,2]
[1,]    2    4
[2,]    3    5
> 2 * A
     [,1] [,2]
[1,]    2    6
[2,]    4    8
> t(A)
     [,1] [,2]
[1,]    1    2
[2,]    3    4
> det(A)
[1] -2
> A %*% B
     [,1] [,2]
[1,]   13    5
[2,]   20    8
> eigen(A)
$values
[1]  5.3722813 -0.3722813

$vectors
           [,1]       [,2]
[1,] -0.5657675 -0.9093767
[2,] -0.8245648  0.4159736
```

INSTRUKCJE STERUJĄCE

1. **PĘTLA FOR**

Przykład 0.18

```
> x <- 1:10
> for(y in x) print(y)
[1] 1
[1] 2
[1] 3
[1] 4
[1] 5
```

```
[1] 6
[1] 7
[1] 8
[1] 9
[1] 10
```

2. **PĘTLA `WHILE`**

Przykład 0.19

```
> x <- 1
> while(x < 5) {
+ print(x)
+ x <- x + 1
+ }
[1] 1
[1] 2
[1] 3
[1] 4
```

3. **INSTRUKCJA WARUNKOWA `IF...ELSE...`**

Przykład 0.20

```
> x <- 5
> if(x < 5) print(x) else print(x^2)
[1] 25
```

Warunek musi mieć długość równą 1, inaczej instrukcja warunkowa zostanie wykonana tylko dla pierwszego elementu

Przykład 0.21

```
> x <- 1:10
> if(x %% 3) print("Nie dzieli sie przez 3") else print("Dzieli sie przez 3")
[1] "Nie dzieli sie przez 3"
Warning message:
In if (x%%3) print("Nie dzieli sie przez 3") else print("Dzieli sie przez 3") :
  the condition has length > 1 and only the first element will be used
```

4. **INSTRUKCJA WARUNKOWA `IFELSE(WARUNEK, INSTRUKCJA1, INSTRUKCJA2)`**

Przykład 0.22

```
> x <- 1:10
> ifelse(x %% 3, "Nie dzieli sie przez 3", "Dzieli sie przez 3")
 [1] "Nie dzieli sie przez 3" "Nie dzieli sie przez 3" "Dzieli sie przez 3"
 [4] "Nie dzieli sie przez 3" "Nie dzieli sie przez 3" "Dzieli sie przez 3"
 [7] "Nie dzieli sie przez 3" "Nie dzieli sie przez 3" "Dzieli sie przez 3"
[10] "Nie dzieli sie przez 3"
```

FUNKCJE

Schemat tworzenia funkcji jest następujący

```
nazwa_funkcji <- function(x, y, ...) {
...
...
return(wartosc)
}
```

Przykładem może być funkcja realizująca "tabliczkę mnożenia" dla dowolnych dwóch wektorów

Przykład 0.23

```
> tabliczka_mnozenia <- function(zakres1, zakres2) {
+ return(zakres1 %o% zakres2)
+ }
> tabliczka_mnozenia(1:10,1:10)
      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7] [,8] [,9] [,10]
 [1,]    1    2    3    4    5    6    7    8    9    10
 [2,]    2    4    6    8   10   12   14   16   18    20
 [3,]    3    6    9   12   15   18   21   24   27    30
 [4,]    4    8   12   16   20   24   28   32   36    40
 [5,]    5   10   15   20   25   30   35   40   45    50
 [6,]    6   12   18   24   30   36   42   48   54    60
 [7,]    7   14   21   28   35   42   49   56   63    70
 [8,]    8   16   24   32   40   48   56   64   72    80
 [9,]    9   18   27   36   45   54   63   72   81    90
[10,]   10   20   30   40   50   60   70   80   90   100
```

Instrukcja `return()` nie jest obligatoryjna - za wartość funkcji przyjmowana jest wartość wyznaczona w ostatniej jej linii

Przykład 0.24

```
> dodaj <- function(x, y) {
+ x*y
+ cos(x)
+ x+y
+ }
> dodaj(2,5)
[1] 7
```

Wszystkie wartości przekazane do funkcji są widoczne i zmieniane lokalnie. W przypadku potrzeby zmiany wartości zmiennej tak, aby była widoczna globalnie należy użyć operatora przypisania **<<-**

Przykład 0.25

```
> f <- function(x, y) {
+ x <- x * 2
+ y <<- y * 2
+ }
> x <- 2
> y <- 2
> f(2,2)
> x
[1] 2
> y
[1] 4
```

SKRYPTY

Skrypty w języku R uruchamiane są komendą **`source("nazwa_pilku")`**. Oczywiście, w przypadku używania własnych funkcji, należy je zdefiniować przed główną częścią skryptu, czyli po prostu na górze. W odróżnieniu od linii komend, wypisanie na ekran trzeba ubrać w odpowiednią funkcję **`print()`** lub **`cat()`**.

Plik test.R

```
# Funkcja
f <- function(x, y) {
  x <- 2*x
  y <<- 2*y
}

# Główna część skryptu

x <- 2
y <- 2

print(x)
print(y)
x

f(2,2)

cat("x =",x,"\n")
cat("y =",y,"\n")
```

Przykład 0.26

```
> source("test.R")
[1] 2
[1] 2
x = 2
y = 4
```

FUNKCJE OBSŁUGI WEKTORÓW

Następujące funckcje są bardzo przydatne podczas obsługi danych w formacie wektorowym:

- średnia elementów wektora **`mean()`**
- odchylenie standardowe elementów wektora **`sd()`**
- odwrócenie kolejności elementów wektora **`rev()`**
- suma wszystkich elementów wektora **`sum()`**
- suma skumlowana wektora **`cumsum()`**
- iloczyn elementów wektora **`prod()`**
- skumulowany iloczyn elementów wektora **`cumprod()`**
- wartość minimalnego elementu wektora **`min()`**
- indeks minimalnego elementu wektora **`which.min()`**
- wartość maksymalnego elementu wektora **`max()`**
- indeks maksymalnego elementu wektora **`which.max()`**

Przykład 0.27

```
> x <- c(1:5,0,5:1)
> mean(x)
[1] 2.727273
> sd(x)
[1] 1.678744
> rev(x)
 [1] 1 2 3 4 5 0 5 4 3 2 1
> sum(x)
[1] 30
```

```
> cumsum(x)
 [1]  1  3  6 10 15 15 20 24 27 29 30
> prod(x)
[1] 0
> cumprod(x)
 [1]   1   2   6  24 120   0   0   0   0   0   0
> min(x)
[1] 0
> max(x)
[1] 5
> which.min(x)
[1] 6
> which.max(x)
[1] 5
```

Należy przy tym zwrócić uwagę, czy w wektorze nie występują elementy **NA** (brak wartości) - wtedy funkcje nie zwrócą oczekiwanego wyniku, chyba że zostanie zastosowana opcja **na.rm=TRUE**.

Przykład 0.28

```
> y <- c(1, NA, 2, 5, 7)
> sum(y)
[1] NA
> mean(y)
[1] NA
> sum(y, na.rm=T)
[1] 15
> mean(y, na.rm=T)
[1] 3.75
```

Również często wykorzystywanymi funkcjami są

- **which()**, która podaje indeksy elementów spełniających określony warunek

Przykład 0.29

```
> y <- c(1, NA, 2, 5, 7)
> which(y > 2)
[1] 4 5
> which(y == 2)
[1] 3
```

przy czym wywołanie komendy **which(y == NA)** wyświetli komunikat błędu. Aby poradzić sobie z symbolem **NA** oraz **NaN**, **+/-Inf** należy skorzystać z funkcji **is.na()**, **is.nan()**, **is.finite()** oraz **is.infinite()**. Do uzyskania indeksów znów używamy funkcji **which()**.

Przykład 0.30

```
> z <- c(0/0, NA, 1/0, -1/0, 10, 15)
> z
[1]  NaN   NA  Inf -Inf   10   15
> z <- c(0/0, NA, NA, 1/0, -1/0, 10, 15)
> z
[1]  NaN   NA   NA  Inf -Inf   10   15
> is.na(z)
[1]  TRUE  TRUE  TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE
> is.nan(z)
[1]  TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
> is.finite(z)
[1] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE  TRUE  TRUE
> is.infinite(z)
[1] FALSE FALSE FALSE  TRUE  TRUE FALSE FALSE
> which(is.infinite(z))
[1] 4 5
```

Należy też pamiętać, że niektóre wyniki można otrzymać bez uciekania się do funkcji **which()**, stosując po prostu warunki. Na przykład, jeżeli chcemy wypisać wszystkie elementy wektora **x** większe niż **3**, możemy postąpić dwojako

Przykład 0.31

```
> x
 [1] 1 2 3 4 5 0 5 4 3 2 1
> x[which(x > 3)]
[1] 4 5 5 4
> x[x > 3]
[1] 4 5 5 4
```

- **sort()**, porządkująca elementy rosnąco (przy zastosowaniu opcji **decreasing=TRUE**) - malejąco

Przykład 0.32

```
> x <- c(1:5,0,5:1)
> x
 [1] 1 2 3 4 5 0 5 4 3 2 1
> sort(x)
 [1] 0 1 1 2 2 3 3 4 4 5 5
> sort(x, decreasing=T)
 [1] 5 5 4 4 3 3 2 2 1 1 0
```

Dodanie opcji **index=TRUE** powoduje stworzenie listy, której pierwszej elementem (**x**) jest posortowany wektor, drugim zaś (**ix**) indeksy oryginalnych danych w posortowanym wektorze

Przykład 0.33

```
> x.sort <- sort(x, index=T)
> x.sort
$x
 [1] 0 1 1 2 2 3 3 4 4 5 5

$ix
 [1]  6  1 11  2 10  3  9  4  8  5  7

> x.sort$x
 [1] 0 1 1 2 2 3 3 4 4 5 5
> x.sort$ix
 [1]  6  1 11  2 10  3  9  4  8  5  7
```

FUNKCJE OBSŁUGI MACIERZY

Część powyższych funkcji można zastosować także do macierzy, przy czym w przypadku **which.min()** oraz **which.max()** konieczne jest użycie dodatkowo funkcji **arrayInd()** do określenia indeksów macierzy - w przeciwnym wypadku otrzymamy tylko indeks "wektorowy".

Przykład 0.34

```
> A <- matrix(1:16, 4, 4)
> A
     [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    1    5    9   13
[2,]    2    6   10   14
[3,]    3    7   11   15
[4,]    4    8   12   16
> sum(A)
[1] 136
> mean(A)
[1] 8.5
> sd(A)
[1] 4.760952
> min(A)
[1] 1
> max(A)
[1] 16
> which.min(A)
[1] 1
> which.max(A)
[1] 16
> arrayInd(which.min(A), dim(A))
     [,1] [,2]
[1,]    1    1
> arrayInd(which.max(A), dim(A))
     [,1] [,2]
[1,]    4    4
```

Aby wyznaczyć brzegowe wartości dla macierzy (np. sumę, średnią etc) wykorzystuje się funkcję **apply(macierz,liczba,funkcja)**, przy **liczba** określa, czy odnosimy się do wiersza (**1**), kolumny (**2**) itd.

Przykład 0.35

```
> A
     [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    1    5    9   13
[2,]    2    6   10   14
[3,]    3    7   11   15
[4,]    4    8   12   16
> apply(A, 1, sum)
[1] 28 32 36 40
> apply(A, 2, sum)
[1] 10 26 42 58
> apply(A, 1, mean)
[1]  7  8  9 10
> apply(A, 2, sd)
[1] 1.290994 1.290994 1.290994 1.290994
```

Zamiast wbudowanych funkcji można także wykorzystać funkcje zbudowane przez siebie

Przykład 0.36

```
> sum.x2 <- function(x) {
+ sum(x^2)
+ }
> apply(A, 1, sum.x2)
[1] 276 336 404 480
> apply(A, 2, sum.x2)
[1]  30 174 446 846
```

Natomiast w celu zastosowania dowolnej funkcji do każdego elementu macierzy, należy użyć komendy **sapply()**

Przykład 0.37

```
> sapply(A, sum.x2)
```

```
 [1]   1   4   9  16  25  36  49  64  81 100 121 144 169 196 225 256
```

Istnieje również możliwość stworzenia tzw. *funkcji anonimowej*, którą definiujemy w locie.

Przykład 0.38

```
> a <- 1:10
> sapply(a, function(x) {x^2 - 2})
 [1] -1  2  7 14 23 34 47 62 79 98
```

Funkcje **`sapply()`** można zagnieżdżać, tworząc alternatywę dla wielokrotnych pętli

Przykład 0.39

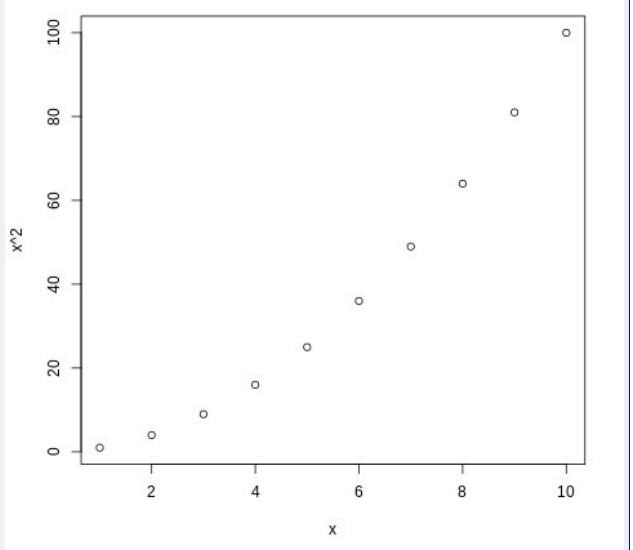
```
> a <- 1:10
> sapply(a, function(x) { sapply(rev(a), function(y) { x * y }) } )
      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7] [,8] [,9] [,10]
 [1,]   10   20   30   40   50   60   70   80   90   100
 [2,]    9   18   27   36   45   54   63   72   81    90
 [3,]    8   16   24   32   40   48   56   64   72    80
 [4,]    7   14   21   28   35   42   49   56   63    70
 [5,]    6   12   18   24   30   36   42   48   54    60
 [6,]    5   10   15   20   25   30   35   40   45    50
 [7,]    4    8   12   16   20   24   28   32   36    40
 [8,]    3    6    9   12   15   18   21   24   27    30
 [9,]    2    4    6    8   10   12   14   16   18    20
[10,]    1    2    3    4    5    6    7    8    9    10
```

TWORZENIE WYKRESÓW

Standardową funkcją wykorzystywaną do tworzenia wykresów jest **`plot(x,y)`**, gdzie **`x`** i **`y`** są odpowiednio wektorami liczb.

Przykład 0.40

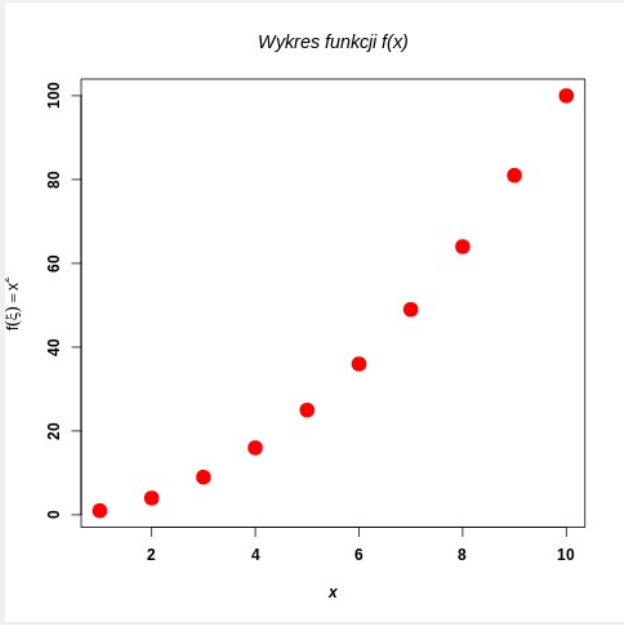
```
> x <- 1:10
> plot(x, x^2)
```



Funkcja **`plot()`** ma pokaźny zestaw różnych opcji, przy czym najczęściej wykorzystywane to **`xlab="..."`** (tytuł osi X), **`ylab="..."`** (tytuł osi Y), **`main="..."`** (tytuł wykresu), **`col="..."`** (kolor punktów), **`pch=...`** (kształt punktów), **`cex="..."`** (rozmiar punktów), **`font=...`** (typ czcionki osi: 1 - normalna, 2 - pogrubiona, 3 - kursywa, 4 - pogrubiona kursywa). W przypadku nazw osi można wykorzystywać funkcję **`expression()`**, która koduje wyrażenia matematyczne i litery greckie (np. **`^`** to indeks górny, **`[..]`** - indeks dolny, itd.).

Przykład 0.41

```
> x <- 1:10
> plot(x, x^2, xlab="x", ylab=expression(f(xi)==x^2), col="red",
pch=19, font=2, font.lab=4, main="Wykres funkcji f(x)", font.main=3, cex=2)
```



W przypadku potrzeby zapisania wykresu do pliku należy skorzystać z jednej z komend `png()`, `jpeg()` czy `tiff()`, a następnie zamknąc strumień komendą `dev.off()`.

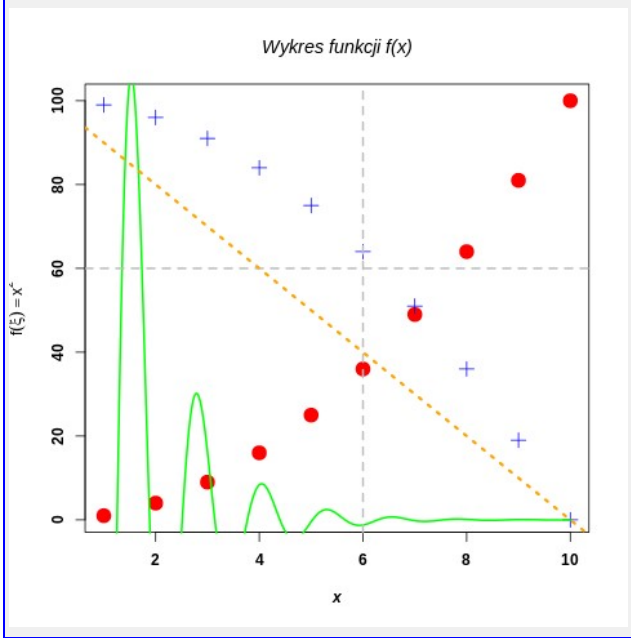
Przykład 0.42

```
> png("fig2.png")
> plot(x, x^2, xlab="x", ylab=expression(f(xi)==x^2), col="red",
pch=19, font=2, font.lab=4, main="Wykres funkcji f(x)", font.main=3, cex=2)
> dev.off()
```

Aby do istniejącego wykresu dodać kolejne serie danych należy użyć funkcji `points()` (dodawanie punktów), `lines()` (dodawanie linii) lub `abline()` (tworzenie prostych o zadanych współczynnikach kierunkowych np. $y = x + 2$ `abline(a = 2, b = 1)` czy też prostych poziomych np. $y=10$ `abline(h=10)` lub pionowych np $x=5$ `abline(v=5)`.

Przykład 0.43

```
> plot(x, x^2, xlab="x", ylab=expression(f(xi)==x^2), col="red", pch=19, font=2, font.lab=4, main="Wykres funkcji f(x)", font.main=3, cex=2)
> points(x, 100-x^2, col="blue", pch=3, cex=1.5)
> lines(y <- seq(1,10,0.01), 500*sin(5*y)*exp(-y), col="green", lwd=2)
> abline(h=60, v=6, lwd=2, col="gray", lty=2)
> abline(a=100, b=-10, lwd=3, lty=3, col="orange")
```



TWORZENIE HISTOGRAMÓW

Najprostszą metodą tworzenia histogramu jest wykorzystanie funkcji `tabulate()`, przy efektem jej działania jest zliczenie wartości całkowitych zawartych w wektorze. W przypadku liczb rzeczywistych doknywane jest zaokrąglenie w dół.

Przykład 0.44

```
> y <- c(0,0,1,2,3,1,2,3,4)
> tabulate(y)
[1] 2 2 2 1
> y <- c(0,0,1.1,1.9,2.1,2,3)
> tabulate(y)
[1] 2 2 1
```

W przypadku histogramu 2D można posłużyć się funkcją **`table()`**, która stworzy dwuwymiarową tablicę współwystępowania wartości.

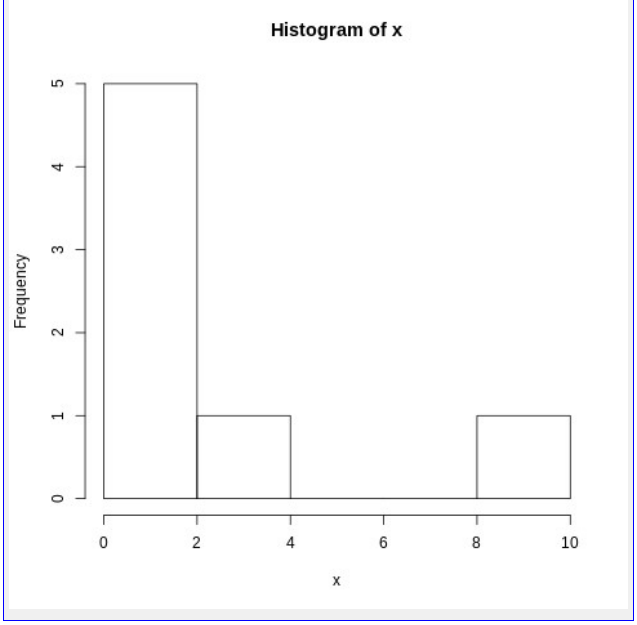
Przykład 0.45

```
> df <- data.frame(x=c(1,1,2,2,3,4,5), y=c(2,2,3,1,5,5,5))
> df
  x y
1 1 2
2 1 2
3 2 3
4 2 1
5 3 5
6 4 5
7 5 5
> table(df)
   y
x   1 2 3 5
  1 0 2 0 0
  2 1 0 1 0
  3 0 0 0 1
  4 0 0 0 1
  5 0 0 0 1
```

Jednak *klasyczną* funkcją odpwiedzialną za tworzenie histogramów jest **`hist()`**. Samo jej wywołanie daje efekt wyrysowania histogramu o zadanej liczbie przedziałów (binów).

Przykład 0.46

```
> x <- c(1,1,1,2,2,4,10)
> hist(x)
```



W pewnym sensie nawet ważniejszą rzeczą od samego wykresu jest zawartość zmiennej, do której zostanie zapisany jego wynik. Otrzymamy z niej informacje nie tylko o liczbie zliczeń (**`$counts`**), ale także o granicach binów (**`$breaks`**), ich środkach (**`$mids`**) jak również funkcji gęstości (**`$density`**).

Przykład 0.47

```
> x <- c(1,1,1,2,2,4,10)
h <- hist(x)
> h
$breaks
[1]  0  2  4  6  8 10

$counts
[1] 5 1 0 0 1

$density
[1] 0.35714286 0.07142857 0.00000000 0.00000000 0.07142857

$mids
[1] 1 3 5 7 9

$xname
[1] "x"
```

```
$equidist
[1] TRUE

attr(,"class")
[1] "histogram"
```

LOSOWANIE WARTOŚCI

- **FUNKCJA `sample()`**

Za pomocą funkcji **`sample(x)`** można w pakiecie R uzyskać permutację oryginalnego zbioru (wektora **`x`**). W przypadku podania konkretnej liczby próbek, mniejszej niż rozmiar **`x`** elementy zostaną wylosowane bez zwracania. Wreszcie podanie opcji **`replace=TRUE`** umożliwi losowanie ze zwracaniem. Dodatkowo, podanie wektora **`prob`** daje możliwość sterowania prawdopodobieństwem wylosowania konkretnych elementów wektora **`x`**. Funkcja nie ogranicza się jedynie do typów liczbowych.

Przykład 0.48

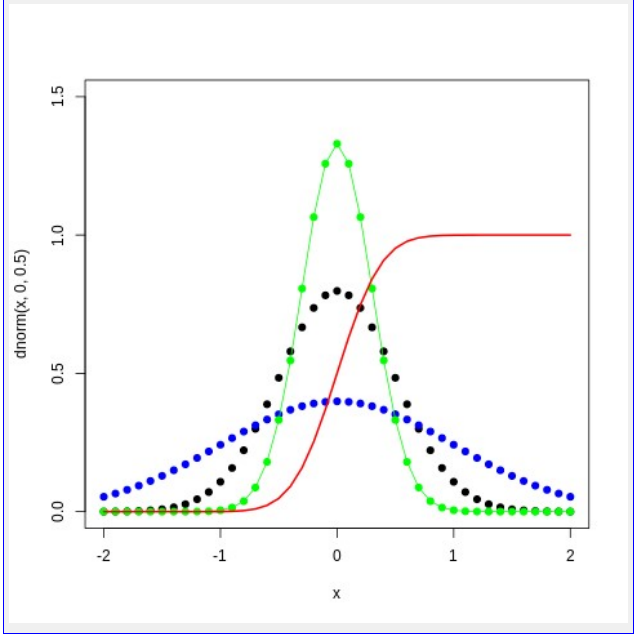
```
> sample(1:3, 2)
[1] 3 2
> sample(1:10, 2)
[1] 7 3
> sample(1:10)
 [1]  7  9  8  4  1  6  2  3 10  5
> sample(1:10, 4)
[1]  2  1 10  7
> sample(1:10, 20, replace=TRUE)
 [1] 10  8  7  6  4  7  7  9  3 10  8 10 10 10  5  7  1  8  4  5
> sample(1:3, 10, replace=TRUE, prob=c(0.1,0.8,0.1))
 [1] 2 3 2 2 2 2 2 2 2 2
> sample(letters[1:3], 10, replace=TRUE)
 [1] "c" "b" "b" "a" "a" "c" "b" "a" "b" "a"
> sample(c(0.1, 0.2, 0.3), 10, replace=TRUE)
 [1] 0.2 0.1 0.3 0.2 0.1 0.1 0.3 0.1 0.2 0.3
```

- **ROZKŁADY PRAWDOPODOBIEŃSTW**

W pakiecie R jest zaimplementowany cały zestaw standardowych rozkładów prawdopodobieństw (rozkład Gaussa, dwumianowy etc), do których odwołujemy się w ten sam sposób **`r|p|d[nazwa]()`**, gdzie **`r`** oznacza losowanie z rozkładu (np. **`runif()`** - losowanie liczby z rozkładu jednostajnego), **`p`** oznacza dystrybuantę (np. **`pnorm(2, 0, 1.5)`** - wartość dystrybuanty dla rozkładu normalnego o średniej 0 i odchyleniu 1.5 w punkcie 2), **`d`** - gęstość prawdopodobieństwa (np. **`dexp(2, 0.1)`** - gęstość prawdopodobieństwa dla rozkładu wykładniczego o parameterze 0.1 w punkcie 2), natomiast **`nazwa`** to nazwa odpowiedniej funkcji.

Przykład 0.49

```
> plot(x, dnorm(x, 0, 0.5), ylim = c(0,1.5), pch=19)
> points(x, dnorm(x, 0, 1), pch=19, col="blue")
> points(x, dnorm(x, 0, 0.3), pch=19, col="green", t="o")
> lines(x, pnorm(x, 0, 0.3), col="red", lwd=2)
```



Przykład 0.50

```
> runif(10)
 [1] 0.00493211 0.18367641 0.09259208 0.90221906 0.57730584 0.22754440
 [7] 0.53991699 0.13277527 0.82626715 0.01824022
> runif(10, 5, 10)
 [1] 6.847017 9.592424 5.454149 7.604548 8.064673 9.031370 7.543914 9.406332
 [9] 7.549621 6.967361
```

WCZYTYWANIE DANYCH Z PLIKU

Jedną z najczęściej wykorzystywanych funkcji do wczytywania danych z pliku jest **`read.table()`**, tworząca z wczytanego zbioru ramkę danych. Oznacza to, że w pliku każda linia powinna zawierać tyle samo pól, a poza tym każda kolumna musi zawierać ten sam typ danych.

Plik test1.dat

```
1 "Patient 1" 2 0.5
20 "Patient 10" 10 0.11111
30 "No name" 1 0.99
```

Przykład 0.51

```
> df <- read.table("test1.dat")
> df
  V1         V2 V3      V4
1  1  Patient 1  2 0.50000
2 20 Patient 10 10 0.11111
3 30    No name  1 0.99000
```

W przypadku, gdy chcemy nadać nazwy poszczególnym kolumnom ramki, podajemy opcję **`read.table(col.names="...")`**. Spacje w nazwach zostaną zastąpione kropkami.

Przykład 0.52

```
> df <- read.table("test1.dat", col.names=c("id", "name", "degree", "clust coeff"))
> df
  id       name degree clust.coeff
1  1  Patient 1      2     0.50000
2 20 Patient 10     10     0.11111
3 30    No name      1     0.99000
> df$degree
[1]  2 10  1
```

Inną opcją jest podanie nazw kolumn w samym pliku - jeśli w pierwszym wierszu jest o jedno pole mniej niż w kolejnym, funkcja automatycznie potraktuje pierwszą linię jako nazwy kolumn, natomiast pierwszą kolumnę jako nazwy wierszy.

Plik test2.dat

```
name degree cluster
1 "Patient 1" 2 0.5
20 "Patient 10" 10 0.11111
30 "No name" 1 0.99
```

Przykład 0.53

```
> df <- read.table("test2.dat")
> df
         name degree cluster
1   Patient 1      2 0.50000
20 Patient 10     10 0.11111
30    No name      1 0.99000
> colnames(df)
[1] "name"    "degree"  "cluster"
> rownames(df)
[1] "1"  "20" "30"
```

ZAPISYWANIE DANYCH DO PLIKU

W przypadku macierzy oraz ramek danych odpowiednim sposobem zapisu danych jest użycie funkcji **`write.table()`**. W przypadku, gdy dane mają być "czyste" (bez nazw kolumn i wierszy), używamy opcji **`write.table(col.names=F, row.names=F)`**

Przykład 0.54

```
> df <- data.frame(x=1:3, names=c("Aaaa", "Bbbb", "Ccc"))
> df
  x names
1 1  Aaaa
2 2  Bbbb
3 3   Ccc
> write.table(df, "test4.dat")
> A <- matrix(1:10, 2, 5)
> write.table(A, "test5.dat")
> write.table(A, "test5.dat", row.names=F, col.names=F)
```

Istnieje bezpośrednia metoda, polegająca na zapisaniu zmiennej do pliku poprzez instrukcję **`save()`**. W ten sposób nie trzeba się zastanawiać nad formatem zapisu.

Przykład 0.55

```
> a
[[1]]
[1] "1" "2" "3" "4" "5" "6" "7" "8"

[[2]]
[1] "a"     "cos"   "jakis"
```

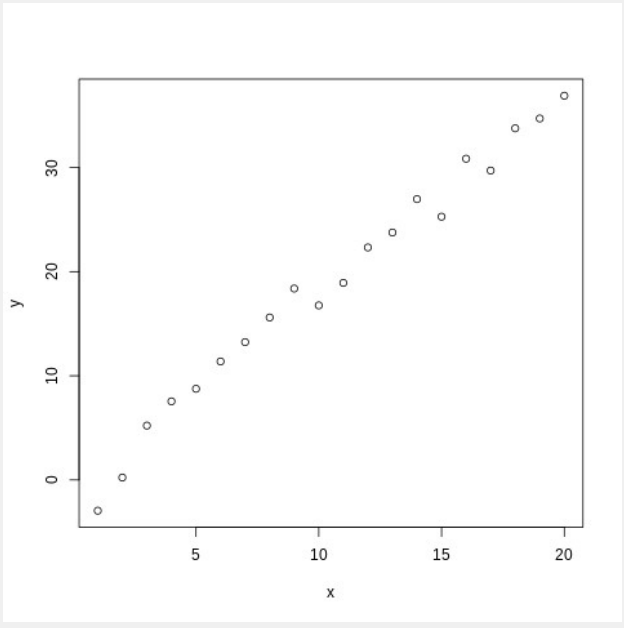
```
> save(a, file="a")
> ls()
[1] "a"    "A"    "aa"   "dane" "df"   "L"    "x"
> rm(a)
> ls()
[1] "A"    "aa"   "dane" "df"   "L"    "x"
> a
Error: object 'a' not found
> load("a")
> a
[[1]]
[1] "1" "2" "3" "4" "5" "6" "7" "8"

[[2]]
[1] "a"     "cos"   "jakis"
```

REGRESJA LINIOWA

W wielu przypadkach interesuje nas wykonanie analizy regresji opracowywanych danych. W pakiecie R służy do tego funkcja **`lm()`**, przy czym specyficzny jest sposób wprowadzania formuły - w R wykorzystuje się symbol tyldy **~** do pokazania zależności pomiędzy zmiennymi (np. **`y ~ x`** oznacza zależność pomiędzy **`x`** i **`y`**. Poniżej generujemy zaburzoną losowo zależność liniową

Przykład 0.56

```
> x <- 1:20
> y <- 2*x-2 + runif(length(x), -3, 3)
> x
 [1]  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20
> y
 [1] -2.9533514  0.2321698  5.2192884  7.5458593  8.7547771 11.3795559
 [7] 13.2345637 15.6031631 18.3817310 16.7632322 18.9254405 22.3293603
[13] 23.7654302 26.9699065 25.2812426 30.8505703 29.7152427 33.7703004
[19] 34.7156642 36.8997098
> plot(x, y)
```

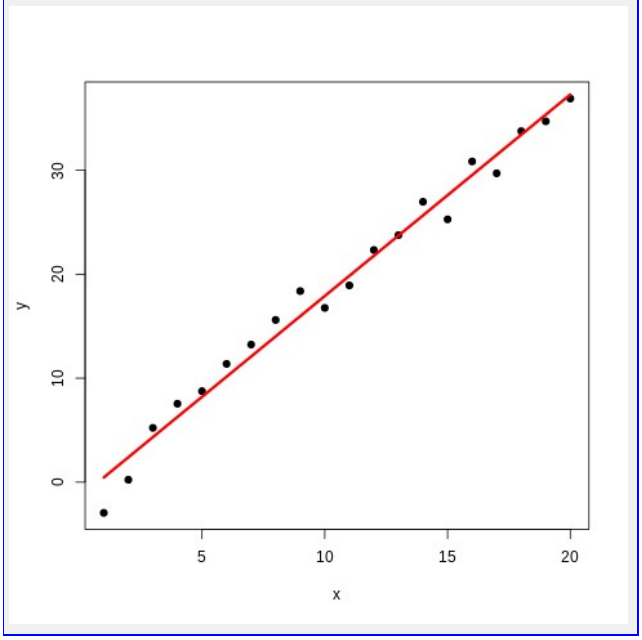


Wykonujemy regresję liniową i wynik procedury zapisujemy do zmiennej **`xy.lm`**. Po wywołaniu funkcji **`summary()`** otrzymamy wszystkie interesujące nas wartości dotyczące regresji. Bezpośrednie odwołanie do współczynników otrzymujemy poprzez pole **`coefficients`**, przy czym **`coefficients[1]`** to punkt przecięcia, a **`coefficients[2]`**, to współczynnik kierunkowy. Możemy następnie zapisać współczynniki i wyreślić prostą dopasowania.

Przykład 0.57

```
> xy.lm <- lm(y ~ x)
> summary(xy.lm)

Call:
lm(formula = y ~ x)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-3.4009 -0.9691  0.4542  1.2475  2.4212

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) -1.49155    0.73606  -2.026   0.0578 .
x            1.93912    0.06145  31.558   <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 1.585 on 18 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9822,    Adjusted R-squared:  0.9813
```

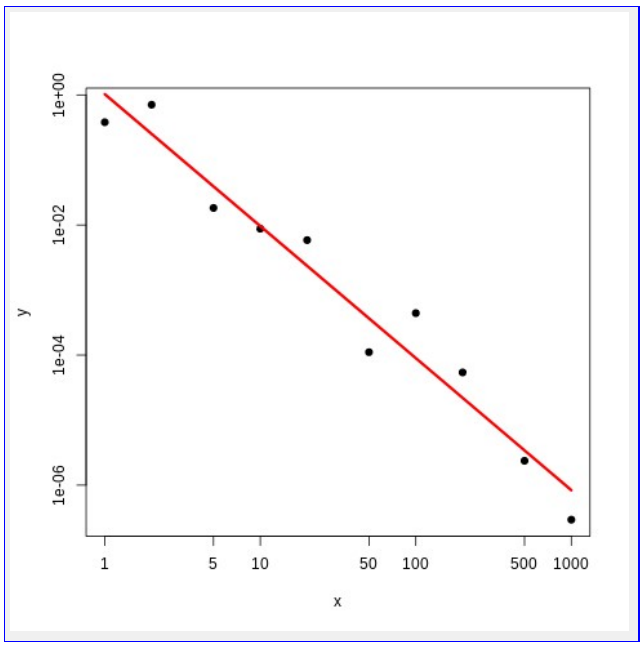
```
F-statistic: 995.9 on 1 and 18 DF,  p-value: < 2.2e-16
> xy.lm$coefficients
(Intercept)           x
  -1.491550    1.939118
> b <- xy.lm$coefficients[1]
> a <- xy.lm$coefficients[2]
> plot(x, y, pch=19)
> lines(x, a*x+b, col="red", lwd=3)
```



Podobną procedurę można przeprowadzić dla przetransformowanych zmiennych. Tutaj jest to "zrandomiznowana zależność" $y \sim x^{-2}$.

Przyklad 0.58

```
> x <- c(1,2,5,10,20,50,100,200,500,1000)
> y <- (x*(1+runif(length(x),-0.9,0.9)))^(-2)
> plot(x, y, log="xy")
> xy.lm <- lm(log(y) ~ log(x))
> summary(xy.lm)

Call:
lm(formula = log(y) ~ log(x))

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-1.1943 -0.9342 -0.2273  0.9106  1.5951

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  0.02597    0.63814   0.041    0.969
log(x)      -2.02940    0.15557 -13.045 1.13e-06 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 1.089 on 8 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9551,    Adjusted R-squared:  0.9495
F-statistic: 170.2 on 1 and 8 DF,  p-value: 1.132e-06

> b <- exp(xy.lm$coefficients[1])
> a <- xy.lm$coefficients[2]
> plot(x, y, pch=19, log="xy")
> lines(x, b*x^a, col="red", lwd=3)
```


1e+00
1e-02
1e-04
1e-06
y
1
5
10
50
100
500
1000
x