TP1 SY02 : Prise en main de R

```
## 3 Structures de données usuelles
On utilise les vecteurs pour des variables quantitatives.
2. Initialiser le vecteur colonne notes.
notes \leftarrow c(18, 1.5, 9.5, 15.5, 15, 15.5, 0.5, 14.5, 10)
  3. Ajoute la valeur 4.
notes <- c(notes, 4)
  4. La variable notes 10 devient donc le vecteur notes avec toutes les valeurs
     divisées par 2.
> notes10 <- notes / 2</pre>
[1] 9.00 0.75 4.75 7.75 7.50 7.75 0.25 7.25 5.00 2.00
On renvoie toutes les notes supérieurs à 10.
> notes10 > 6
TRUE FALSE FALSE TRUE TRUE TRUE FALSE TRUE FALSE FALSE
Il y a donc 5 étudiants qui ont eu plus de 6/10.
  5. Moyenne de 3 valeurs (Il faut les mettres dans un c(...,...) car moyenne
     prend un seul argument qui est un vecteur)
(v[1] + v[5] + v[3]) / 3
mean(c(v[1], v[5], v[3]))
  6. Filtrage on cherche combien de notes sont supérieurs à 10.
choix <- notes > 10
length(notes[choix])
min(notes[(notes - floor(notes)) == 0])
notes - floor(notes) renvoie la partie décimal du nombre. Si elle est == à 0, le
nombre est non fractionnaire. Il reste juste a appliquer un filtrage comme avec
choix.
  8. Met dans notes2 le vecteur notes avec toutes les valeurs diminuées par 2
notes2 <- notes - 2
# Renvoie le nombre de valeurs inférieurs à 0
length (notes2 [notes2 < 0])</pre>
```

```
# Met à 0 toutes les notes inférieurs à 0
notes2[notes2 < 0] <- 0
On utilise des facteurs pour les variables qualitatives.
> collection <- c("R", "V", "B", "V")</pre>
> collection
[1] "R" "V" "B" "V"
> f <- factor( c("R", "V", "B", "V"))</pre>
[1] R V B V
Levels: B R V # Correspond aux modalitées (valeurs prises dans l'echantillon)
(f <- ordered(collection))</pre>
[1] R V B V
Levels: B < R < V
f > "B"
[1] TRUE TRUE FALSE TRUE
f <- factor(collection, ordered = TRUE)</pre>
f < "R"
[1] FALSE FALSE TRUE FALSE
(f <- factor(collection, ordered = TRUE, levels = c("R", "V", "B")))</pre>
[1] R V B V
Levels: R < V < B
f < "R"
[1] FALSE FALSE FALSE
ADN <- factor(c("A","C","A","A","G","A","T","G","C","C","A","T","T","T","G","T","C"))
ADN
# [1] A C A A G A T G C C A T T G T C
# Levels: A C G T
nlevels(ADN)
# [1] 4
levels(ADN)
# [1] "A" "C" "G" "T"
 11.
# Nombre de A dans le brin d'ADN
length(ADN[ADN == "A"])
# [1] 5
length(ADN[ADN == "T"])
# [1] 4
length(ADN[ADN == "C"])
# [1] 4
length(ADN[ADN == "G"])
# [1] 3
```

```
12.
length(X) # Nb de colonnes de X
ncol(X) # Nb de colonnes de X
nrow(X) # Nb de lignes de X
names(X) # Nom des colonnes de X
# [1] "correcteur.median" "median"
                                               "correcteur.final" "final"
                                                                                         "moye
TODO: Quel est la différence entre length et ncol
 13. Il y a 3 variables qualitatives et 3 quantitatives sur chaque ligne.
X[1,1] # Extrait le 1er élément
X[,3] # Extrait la 3e colonne
X[1:10,] # Extrait les 10 premières lignes
X[c(1,3),c(1,4)] # Extraire les lignes 1 et 3 et les colonnes 1 et 4
X[,c(2,6)] # Extrait la 2e et la dernière colonne du tableau X
 15.
mean(X[X$correcteur.median == "EG",2]) # Moyenne des étudiants du médian ayant été corrigé
# [1] 12.63208
nrow(X[X$median < X$final,]) / nrow(X) # Proportion d'étudiants qui ont eu une meilleure no
 17.
mean(X$final) # Moyenne
sd(X$final) # écart-type
var(X$final) # Variance
median(X$final) # Médiane
max(X$final)
min(X$final)
 18.
> head(X)
```

	correcteur.median	median	correcteur.final	final	moyenne	resultat
1	BR	11.0	ALC	17.5	14.9	C
2	EN	14.0	BR	16.0	15.2	\mathbf{C}
3	ALC	10.5	ALC	13.0	12.0	D
4	BR	17.0	BR	13.0	14.6	$^{\mathrm{C}}$
5	EG	14.5	EN	14.0	14.2	$^{\mathrm{C}}$
6	EG	12.0	EN	19.5	16.5	В

summary(X\$final)

resultat	moyenne	l final	correcteur.fina	correcteur.medianmedian		
Length:297	Min.:	Min.:	Length:297	Min.:	Length:297	
	0.20	0.00	-	0.50		
Class	1st	1st	Class	1st	Class	
:character	Qu.:12.30	Qu.:12.50	:character	Qu.:10.50	:character	
Mode	Median	Median	Mode	Median	Mode	
:character	:14.90	:16.00	:character	:13.50	:character	
	Mean	Mean		Mean		
	:14.04	:14.76		:12.96		
	3rd	3rd		3rd		
	Qu.:17.00	Qu.:18.00		Qu.:16.50		
	Max.	Max.		Max.		
	:20.00	:20.00		:20.00		

19. Quartiles

IQR(X\$median) # Etendue inter-quartile (Q3-Q1)
quantile(X\$median)

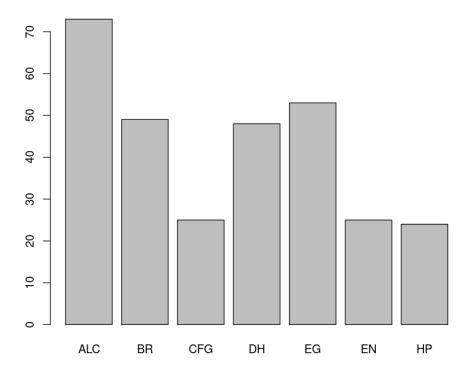
0%	25%	50%	75%	100%
0.5	10.5	13.5	16.5	20.0

$20.\ {\rm Moyenne}$ tronquée d'ordre 10

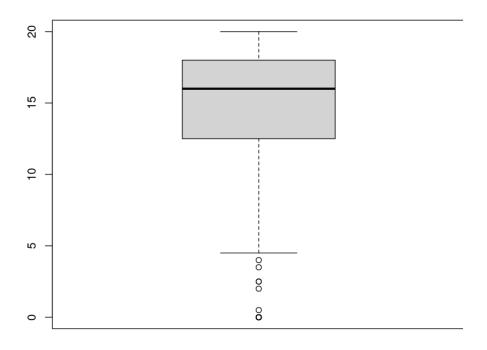
mean(sort(X\$median)[11:287]) # Moyenne tronquée d'ordre 10 (moyenne en enlevant les 10 prem

21. Diagramme en bande

barplot(table(X\$correcteur.median)) # Diagramme en bande
Nb de copies corrigé par correcteur.
On remrque que ALC a corrigé le plus de copies



22. Boite à moustache des notes de final boxplot(X\$final)



23. TODO:?

24. Diagramme en tige et feuille de la moyenne

stem(X\$moyenne)

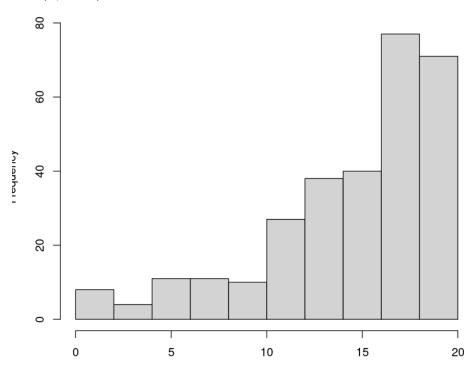
- 0 | 224
- 1 | 247
- 2 | 3
- 3 | 22
- 4 | 79
- 5 | 0124469
- 6 | 01134579
- 7 | 02457
- 8 | 22355888
- 9 | 2224
- 10 | 1255
- 11 | 000111223345899
- 12 | 0000001112233335555566667777788999
- 13 | 00022234455666667777
- 14 | 00000111223333344455666666778889999
- 15 | 000001222333444455566666666677889999
- 16 | 00011122333333455556667777788999
- 17 | 000011122333444444456667888999

```
18 | 00000011122223444566788899999
```

- 19 | 00011223333444678
- 20 | 00

25. Histogramme des notes du final

hist(X\$final)

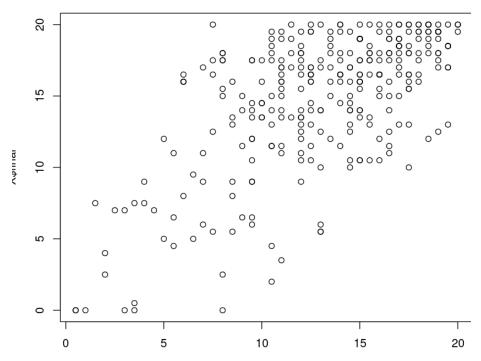


26. Coupe l'histogramme à 15

```
hist(X$final, breaks = c(0,15,20))
```

- 27. TODO
- 28. TODO
- 29.

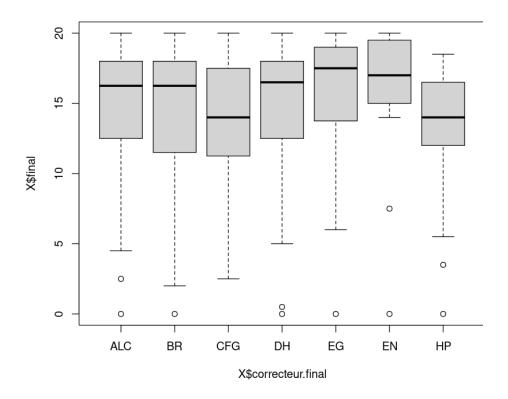
plot(X\$median , X\$final)



On remarque que les valeurs sont dans la diagonale. Les notes du médian et du final sont donc un peu près égales pour tout les étudiants : Un étudiant qui réussi le final réussi aussi le médian et inversement.

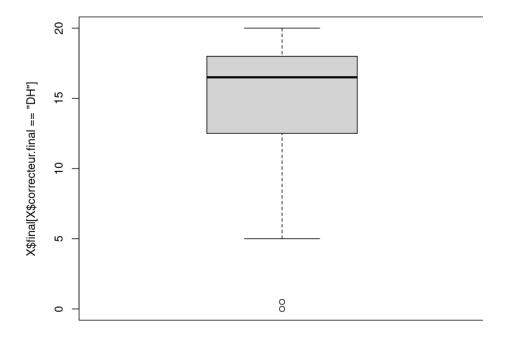
30. Boite à moustache en fonction des correcteurs

boxplot(X\$final ~ X\$correcteur.final) # Boite à moustache en fonction des correcteurs



31. Boite à moustache du correcteur DH

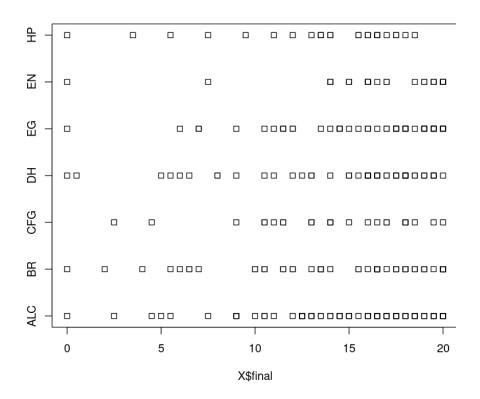
 $\verb|boxplot(X$final[X$correcteur.final == "DH"] ~ X$correcteur.final[X$correcteur.final == "DH"] ~ X$correcteur.final[X$correcteur.final[X$correcteur.final[X]correcteur.fin$



X\$correcteur.final[X\$correcteur.final == "DH"]

32. Graph avec les carrés

stripchart(X\$final ~ X\$correcteur.final, data = X)



33. method = "jitter" permet de décaler les carrés pour mieux voir le nombre de points présents

stripchart(X\$final ~ X\$correcteur.final, data = X, method = "jitter")

