

Introduction à R - Partie 2

9 septembre 2020

Objectifs pour cette partie

- Charger des *packages* pour ajouter des fonctions à R.
- Produire des graphiques avec le package *ggplot2*.
 - Créer différents types de graphiques: nuages de points, boîtes à moustaches, histogrammes et autres.
 - Créer des graphiques composés.
 - Personnaliser l'apparence des éléments du graphique.
- Remanier des tableaux de données avec le package *dplyr*.
 - Filtrer et trier les observations.
 - Transformer les variables.
 - Calculer des statistiques par groupe d'observations.
 - Joindre deux tableaux selon leurs variables communes.

Les packages en R

- Un *package* est une collection de fonctions développée par des utilisateurs de R qui permet d'accroître les capacités de base du langage R dans un certain domaine. Le dépôt de packages CRAN en compte actuellement plus de 12 000!
- Pour **installer** un package sur votre ordinateur, utilisez la fonction `install.packages` avec le nom du package entre guillemets, ex.: `install.packages("ggplot2")`. Dans RStudio, vous pouvez consulter la liste des packages déjà installés sous l'onglet *Packages* du quadrant inférieur droit.
- Pour **charger** un package dans votre session R courante et ainsi avoir accès à ses fonctions, utilisez la fonction `library`, ex.: `library(ggplot2)`. Notez que les guillemets ne sont pas requis cette fois.

Visualisation des données avec *ggplot2*

Il existe plusieurs façons de produire des graphiques dans R. Nous utiliserons dans ce cours le package *ggplot2*, qui permet de réaliser plusieurs types de graphiques avec la même structure de code et offre une grande gamme d'options pour personnaliser l'apparence des graphiques.

```
library(ggplot2)
```

Créer un nuage de points

Le jeu de données `msleep` inclus avec *ggplot2* comporte des données sur le sommeil de 83 espèces de mammifères.

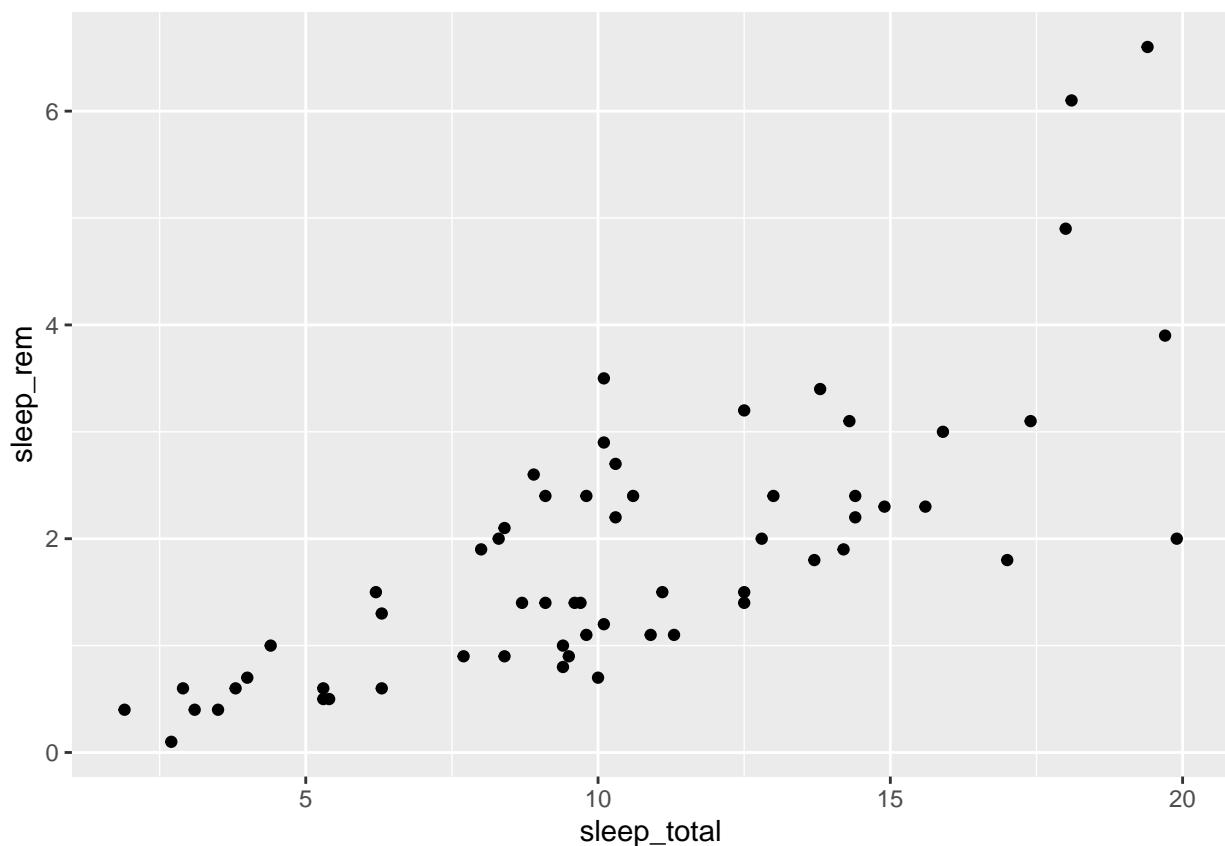
```
msleep
```

```
## # A tibble: 83 x 11
##   name   genus vore  order conservation sleep_total sleep_rem sleep_cycle awake
##   <chr> <chr> <chr> <chr> <chr>          <dbl>    <dbl>    <dbl> <dbl>
## 1 Chee~ Acin~ carni Carn~ lc          12.1      NA      NA     11.9
## 2 Owl ~ Aotus omni  Prim~ <NA>         17        1.8    NA      7
## 3 Moun~ Aplo~ herbi Rode~ nt          14.4      2.4    NA     9.6
## 4 Grea~ Blar~ omni  Sori~ lc          14.9      2.3    0.133  9.1
## 5 Cow   Bos   herbi Arti~ domesticated  4         0.7    0.667  20
## 6 Thre~ Brad~ herbi Pilo~ <NA>         14.4      2.2    0.767  9.6
## 7 Nort~ Call~ carni Carn~ vu          8.7      1.4    0.383  15.3
## 8 Vesp~ Calo~ <NA>  Rode~ <NA>         7         NA     NA     17
## 9 Dog   Canis carni Carn~ domesticated  10.1      2.9    0.333  13.9
## 10 Roe ~ Capr~ herbi Arti~ lc          3         NA     NA     21
## # ... with 73 more rows, and 2 more variables: brainwt <dbl>, bodywt <dbl>
```

Entrez le code suivant pour produire un nuage de points montrant le nombre d'heures de la phase REM (*sleep_rem*) en fonction du nombre total d'heures de sommeil.

```
ggplot(data = msleep, mapping = aes(x = sleep_total, y = sleep_rem)) +
  geom_point()
```

```
## Warning: Removed 22 rows containing missing values (geom_point).
```



Le graphique apparaît dans l'onglet *Plots* du quadrant inférieur droit dans RStudio. Vous pouvez l'exporter en format .PNG ou .PDF à l'aide du menu *Export*.

Ce premier exemple illustre la structure de base pour la production d'un graphique avec *ggplot2*:

- Un appel à la fonction `ggplot` avec deux arguments:
 - un tableau de données (`data`) et
 - une association (`mapping`) spécifiée avec la fonction `aes`. À l'intérieur de cette fonction `aes`, on associe des éléments du graphique à des variables du jeu de données (ex. `sleep_total` sur l'axe des x).
- Le symbole `+` pour indiquer que nous ajouterons d'autres composantes au graphique.
- Une fonction de type *geom* pour spécifier les éléments géométriques représentés (ici `geom_point`, pour un nuage de points).

Note: Après avoir indiqué le tableau de données comme argument `data`, il suffit dans la fonction `aes` de nommer les variables du tableau, sans guillemets et sans préciser de nouveau le nom du tableau (`sleep_rem` au lieu de `msleep$sleep_rem`). C'est une propriété particulière des fonctions du package *ggplot2*, que nous retrouverons aussi avec le package *dplyr* ci-dessous, ainsi qu'avec les fonctions de régression plus tard dans le cours.

Exercice 1

Chargez le jeu de données du Parc national de Kejimikujik que nous avons utilisé lors du premier laboratoire:

```
kejim <- read.csv("cours1_kejimkujik.csv")
head(kejim)
```

```
##   site parcelle jour mois annee num_arbre nb_tiges espece  dhp
## 1   BD        A   31    8  2004         1         1   TSCA 16.3
## 2   BD        A   31    8  2004         2         1   TSCA 24.0
## 3   BD        A   31    8  2004         6         1   TSCA 29.8
## 4   BD        A   31    8  2004         7         1   ACRU 29.0
## 5   BD        A   31    8  2004         8         1   TSCA 15.5
## 6   BD        A   31    8  2004         9         1   TSCA 32.0
```

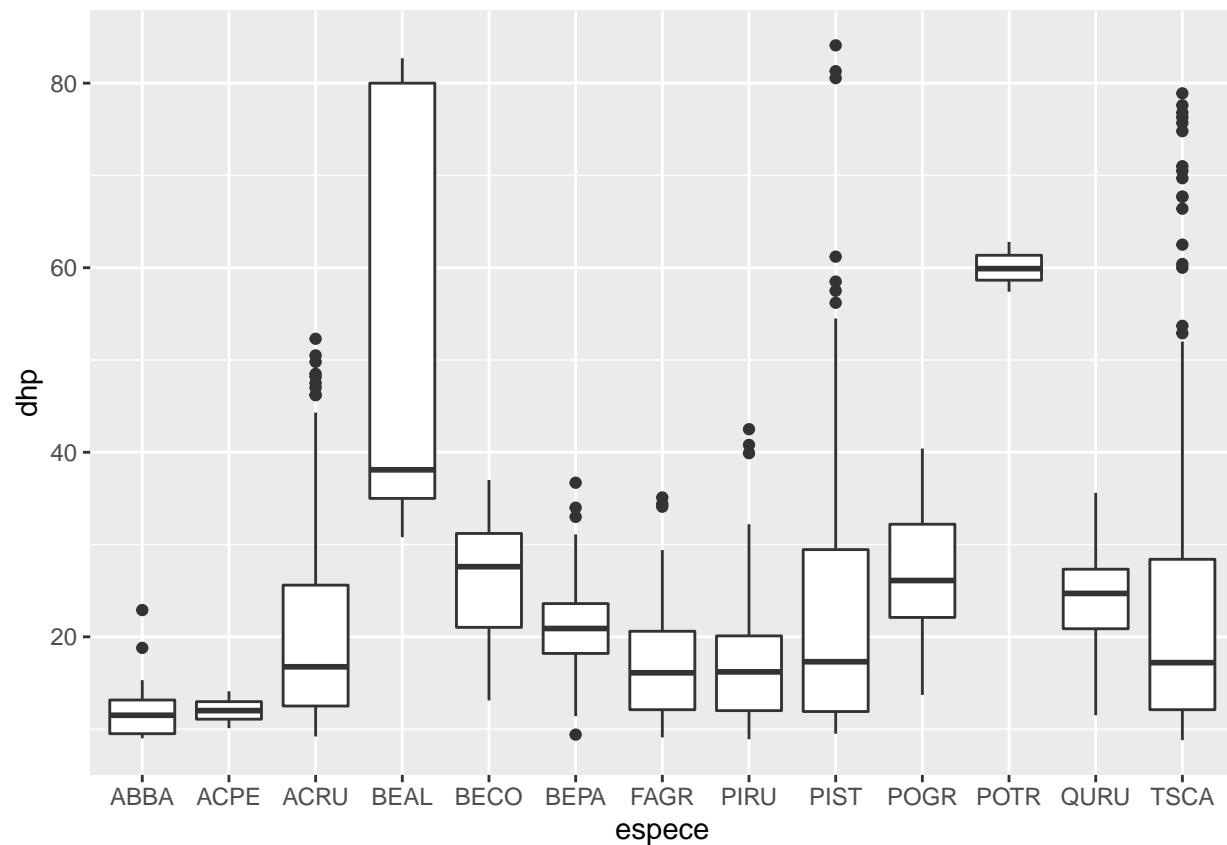
À partir de ce tableau de données produisez un nuage de points du DHP (axe des y) selon l'espèce (axe des x).

Solution

Types de graphiques: les fonctions *geom*

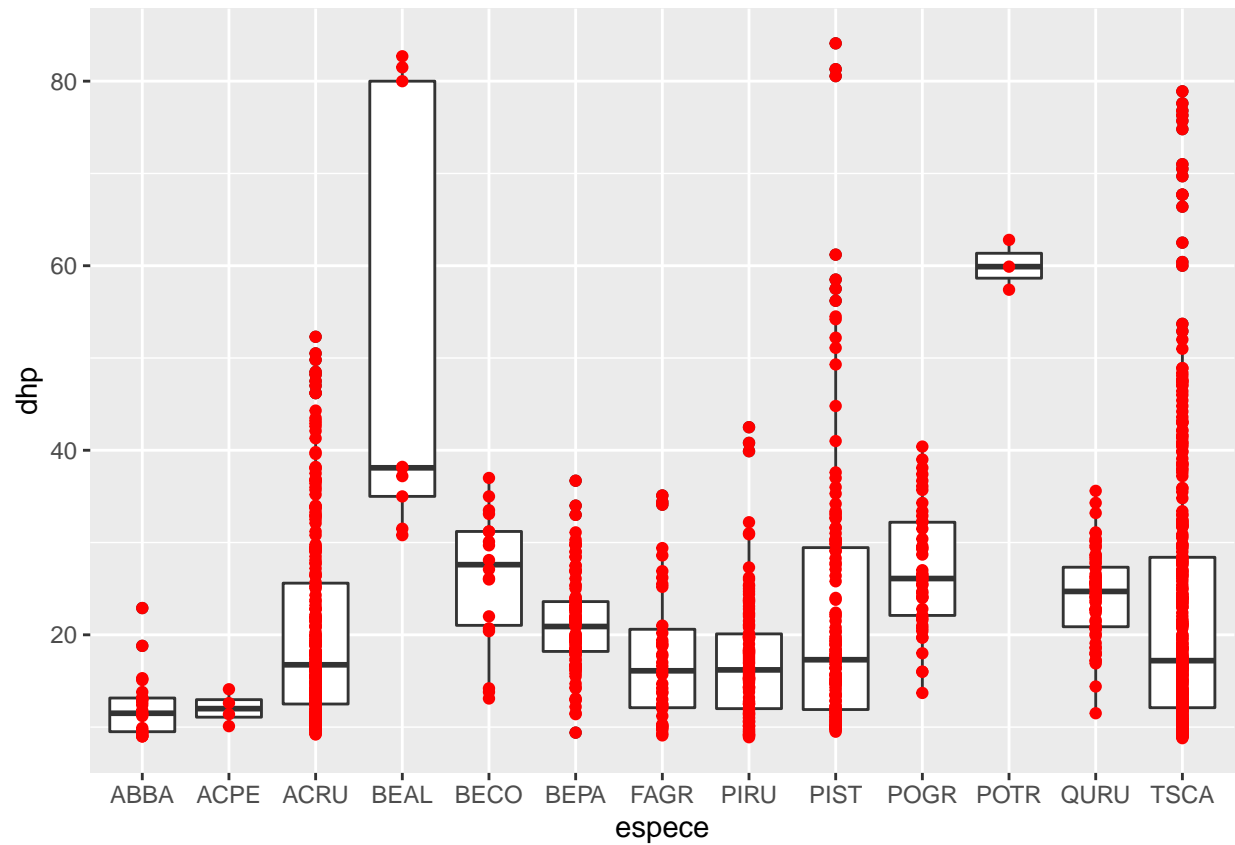
Ici, il y a trop d'arbres pour bien voir la distribution du DHP par espèce avec un nuage de points. Pour visualiser les mêmes données avec des boîtes à moustaches, il suffit de remplacer `geom_point` par `geom_boxplot` dans notre code précédent.

```
ggplot(kejim, aes(x = espece, y = dhp)) +
  geom_boxplot()
```



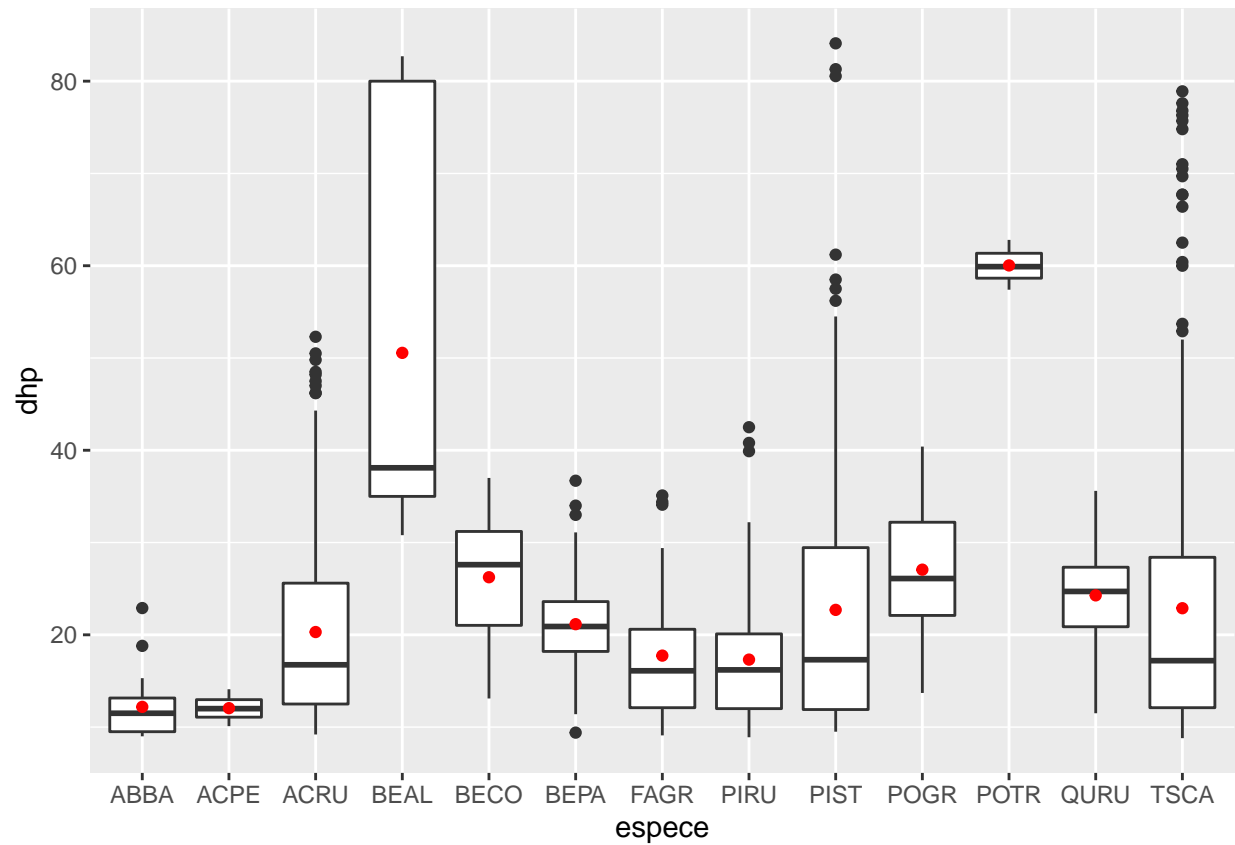
On peut utiliser plusieurs fonctions `geom_...` pour superposer des éléments sur le même graphique. Ajoutons donc les points à la boîte à moustaches, en spécifiant une couleur différente pour `geom_point`.

```
ggplot(kejim, aes(x = espece, y = dhp)) +  
  geom_boxplot() +  
  geom_point(color = "red")
```



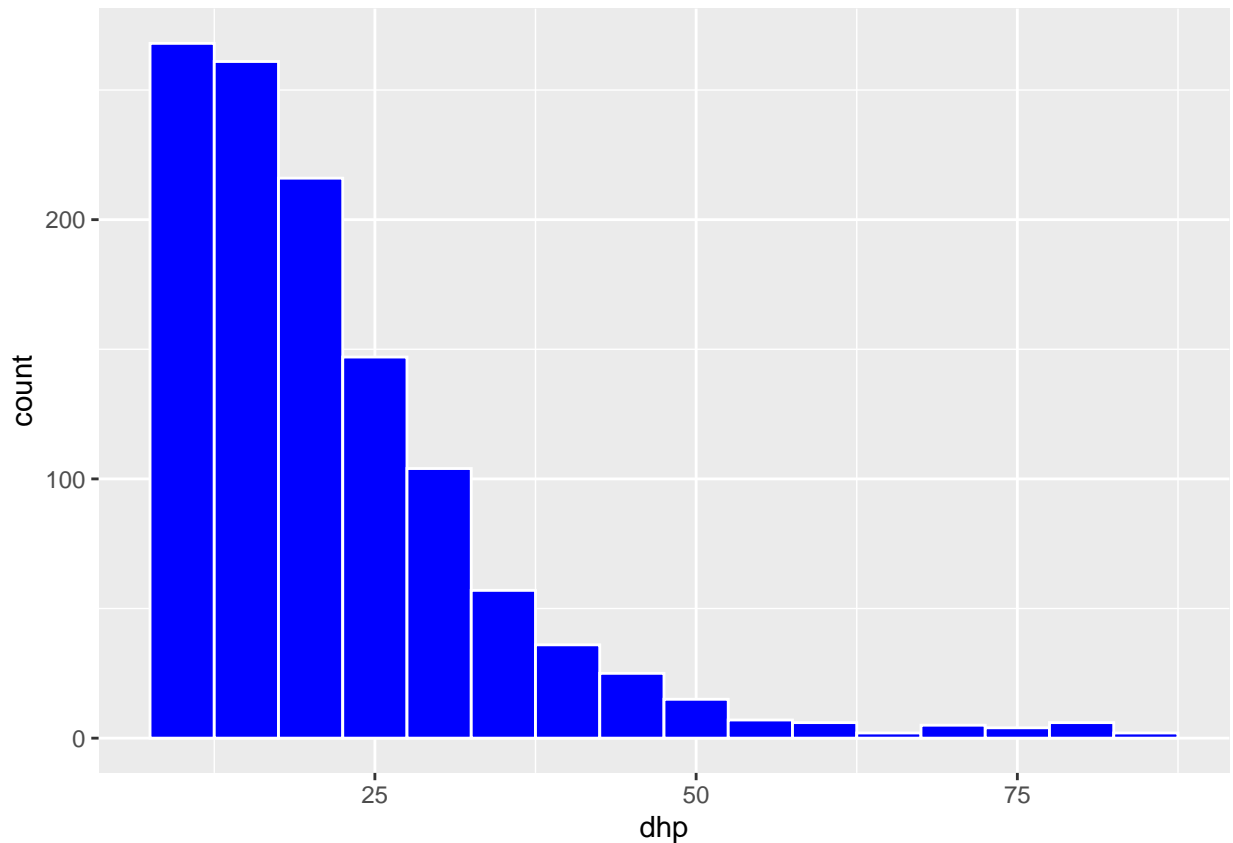
Nous pouvons aussi représenter des statistiques sommaires d'un ensemble de points, comme leur moyenne.

```
ggplot(kejim, aes(x = espece, y = dhp)) +
  geom_boxplot() +
  geom_point(color = "red", stat = "summary", fun = "mean")
```



Produisons maintenant un histogramme du DHP pour l'ensemble des arbres avec `geom_histogram`. L'historgramme représente une seule variable, donc nous n'avons pas besoin de spécifier `y` dans `aes`.

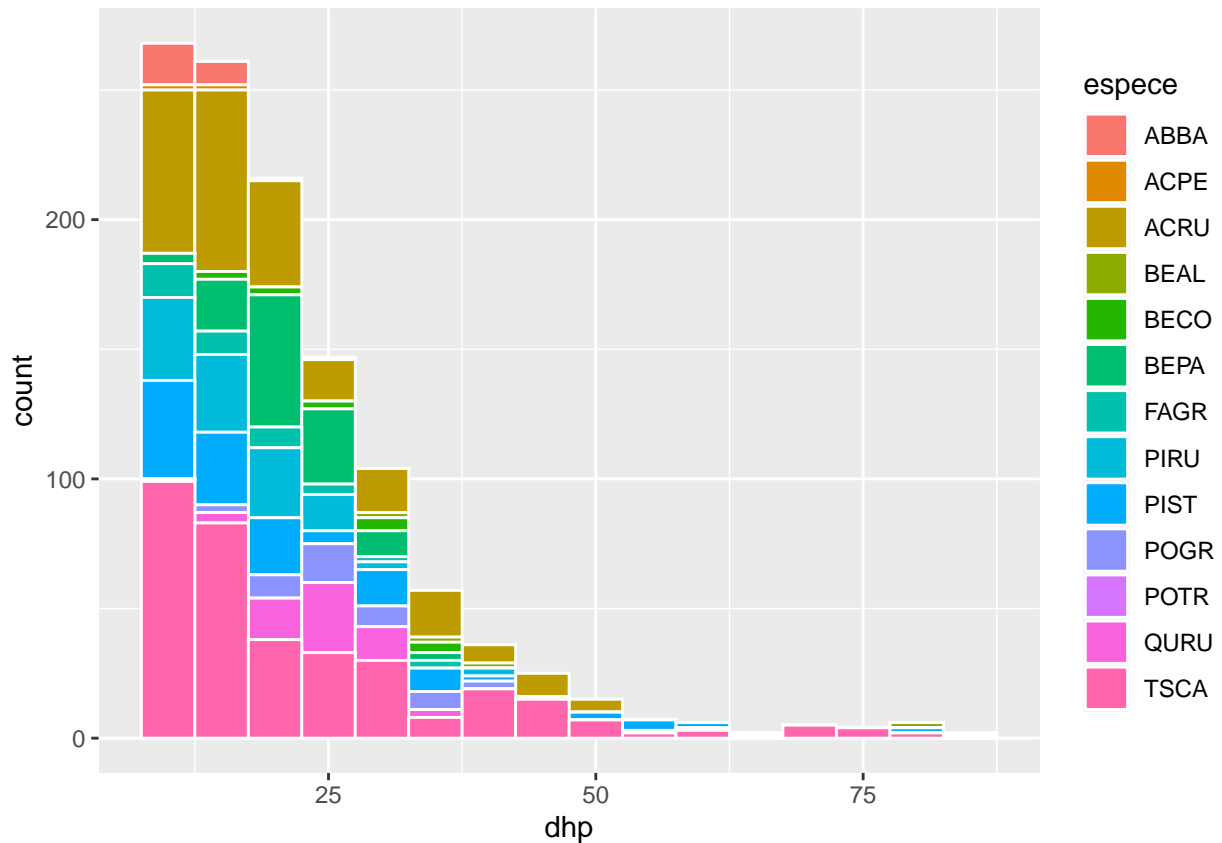
```
ggplot(kejim, aes(x = dhp)) +  
  geom_histogram(binwidth = 5, color = "white", fill = "blue")
```



Dans la fonction `geom_histogram`, nous avons spécifié plusieurs arguments afin de choisir la taille des intervalles (`binwidth`) la couleur de la bordure (`color`) et la couleur de remplissage des barres (`fill`).

Plutôt que d'utiliser une couleur de remplissage constante, nous pourrions représenter les différentes espèces par des barres de différentes couleur sur l'histogramme. Dans ce cas, il faut associer `fill` à la variable `Espec` à l'intérieur de la fonction `aes`.

```
ggplot(kejim, aes(x = dhp, fill = espee)) +  
  geom_histogram(binwidth = 5, color = "white")
```



Exercice 2

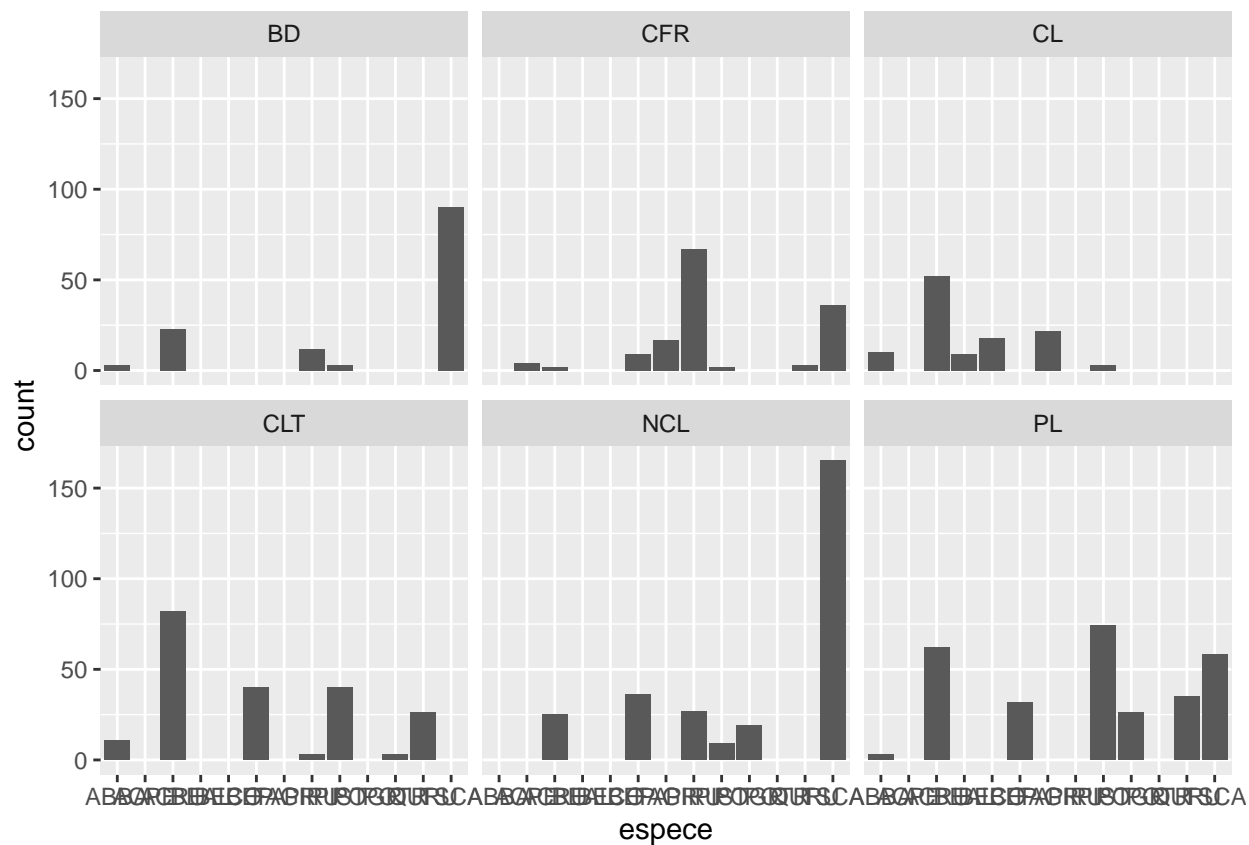
Avec `geom_bar`, créez un diagramme à barres du nombre d'individus par espèce (différentes espèces sur l'axe des x). Utilisez un code de couleur pour identifier les individus de différents sites.

Solution

Diviser un graphique en facettes

Dans l'exercice, nous avons produit un graphique du nombre d'individus par espèce. Si nous voulons visualiser séparément la distribution des espèces sur différents sites, nous pourrions diviser les données et produire plusieurs graphiques. Heureusement, *ggplot2* simplifie cette tâche avec le concept de facette.

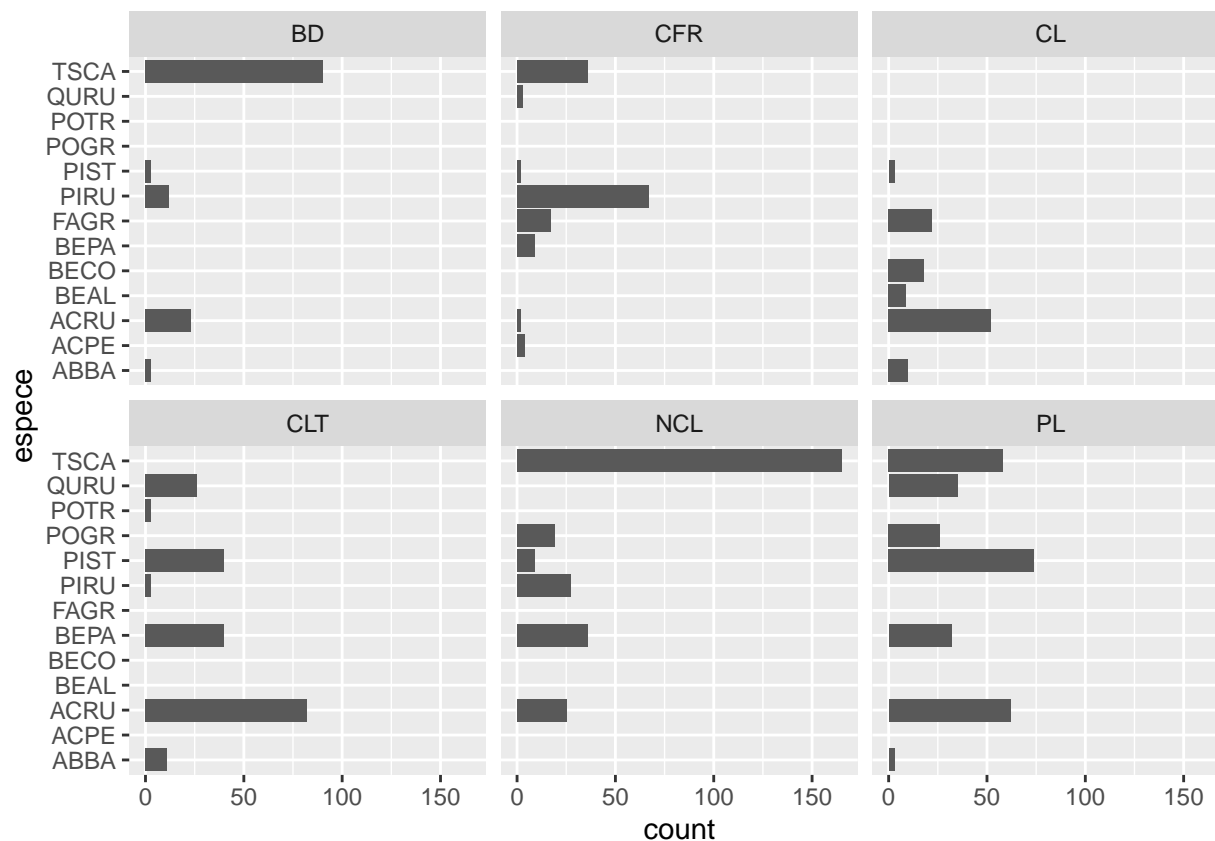
```
ggplot(kejim, aes(x = espece)) +
  geom_bar() +
  facet_wrap(~ site)
```

Notez qu'il faut placer un *tilde* (~) avant le nom de la variable dans `facet_wrap`.

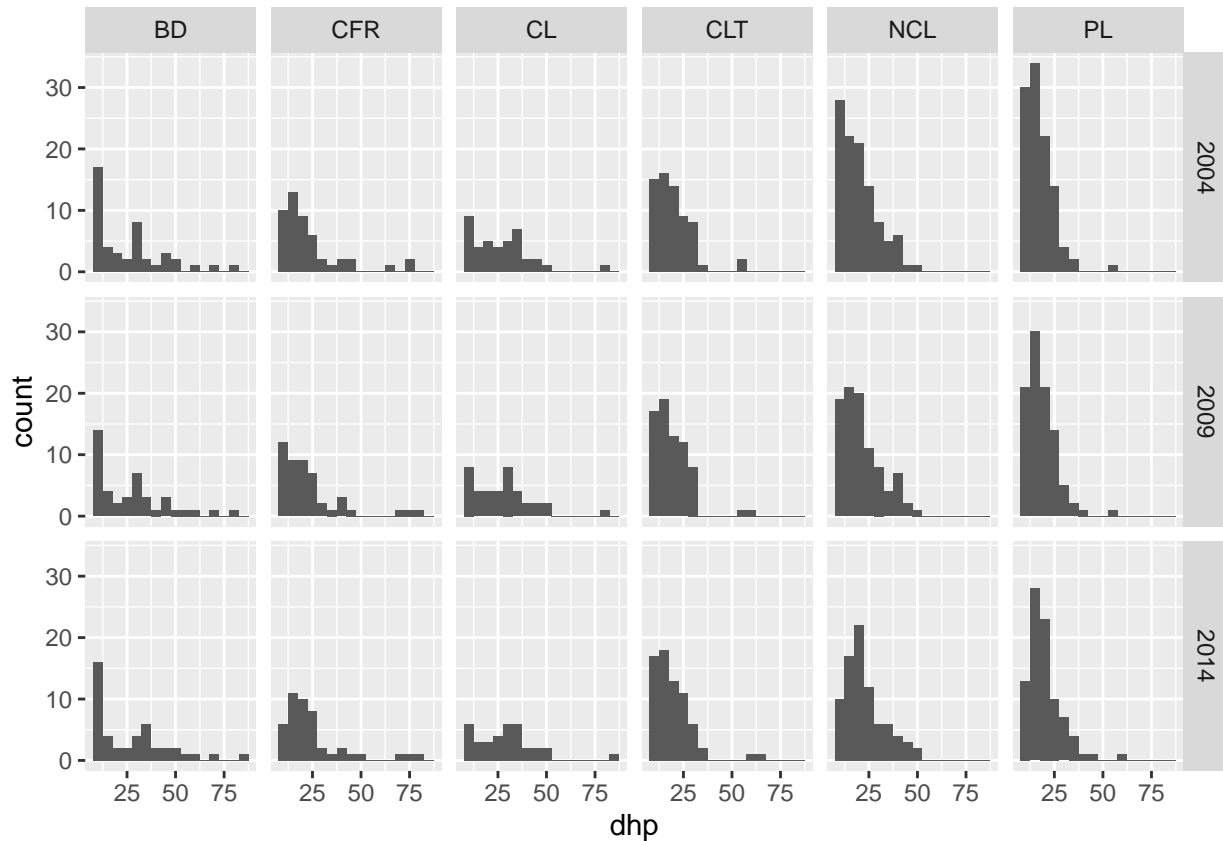
Dans le graphique précédent, les codes d'espèce ne sont pas visibles sur l'axe des x . Nous ajoutons donc la fonction `coord_flip` pour inverser les axes et produire des barres horizontales.

```
ggplot(kejim, aes(x = espece)) +  
  geom_bar() +  
  facet_wrap(~ site) +  
  coord_flip()
```



On peut aussi créer une grille de facettes (`facet_grid`) avec deux variables. Par exemple, voici des histogrammes du DHP par site et par année.

```
ggplot(kejim, aes(x = dhp)) +  
  geom_histogram(binwidth = 5) +  
  facet_grid(annee ~ site)
```



Exercice 3

À partir du jeu de données `msleep`, créez un nuage de points représentant le nombre d'heures de sommeil totales (`sleep_total`) et en phase REM (`sleep_rem`) avec une facette pour chaque type de régime alimentaire (`vore`).

Solution

Personnaliser l'apparence des graphiques

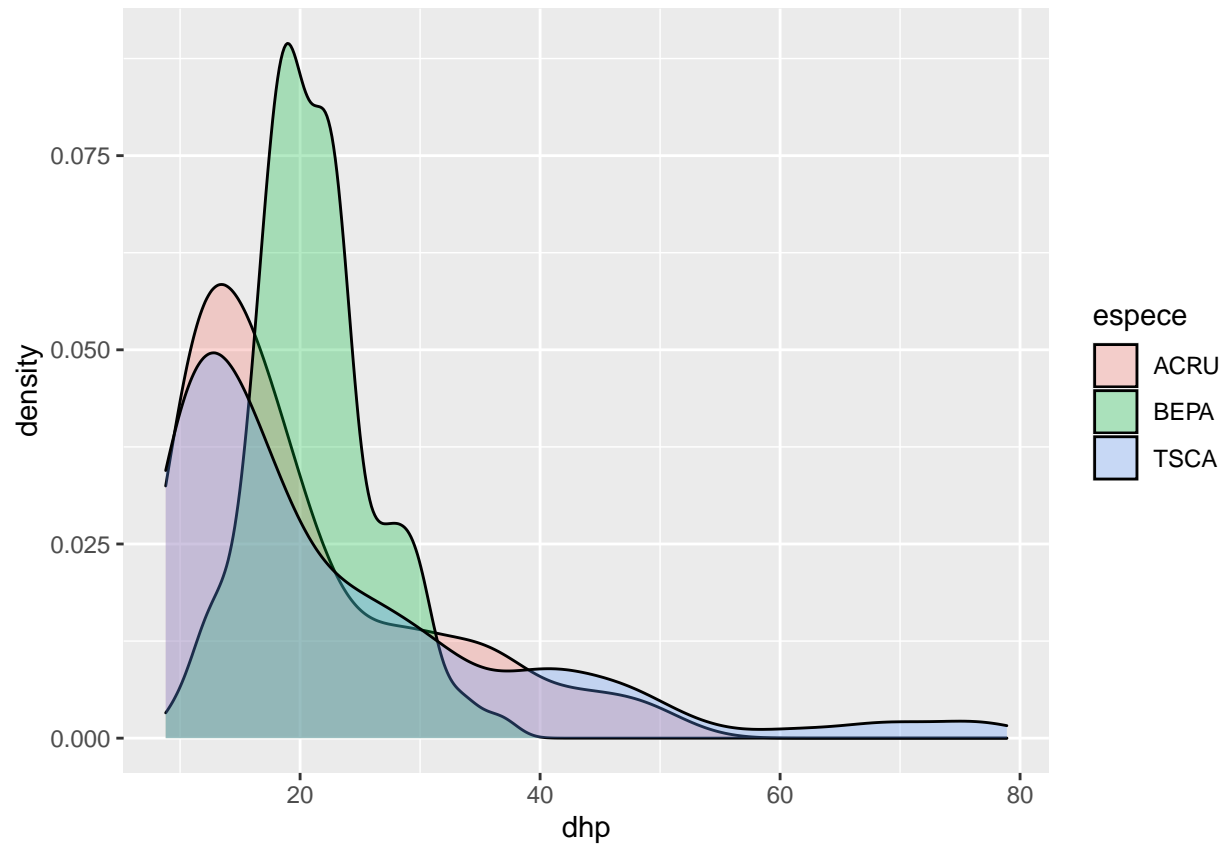
Tous les aspects visuels des graphiques de `ggplot2` peuvent être personnalisés: titre et échelle des axes, taille et police de caractères, couleurs, marges, etc. Si les valeurs par défaut de ces paramètres sont suffisants pour une exploration rapide des données, la production de figures pour des publications ou présentations requiert davantage d'ajustements.

Commençons avec un graphique de densité pour le DHP de trois espèces (TSCA, ACRU et BEPA). Nous enregistrons ce graphique dans un objet (`dens`) afin de pouvoir le modifier sans ré-écrire le code du graphique de base.

```
trois_esp <- kejim[kejim$espece %in% c("TSCA", "ACRU", "BEPA"), ]

dens <- ggplot(trois_esp, aes(x = dhp, fill = espece)) +
  geom_density(alpha = 0.3)

dens
```

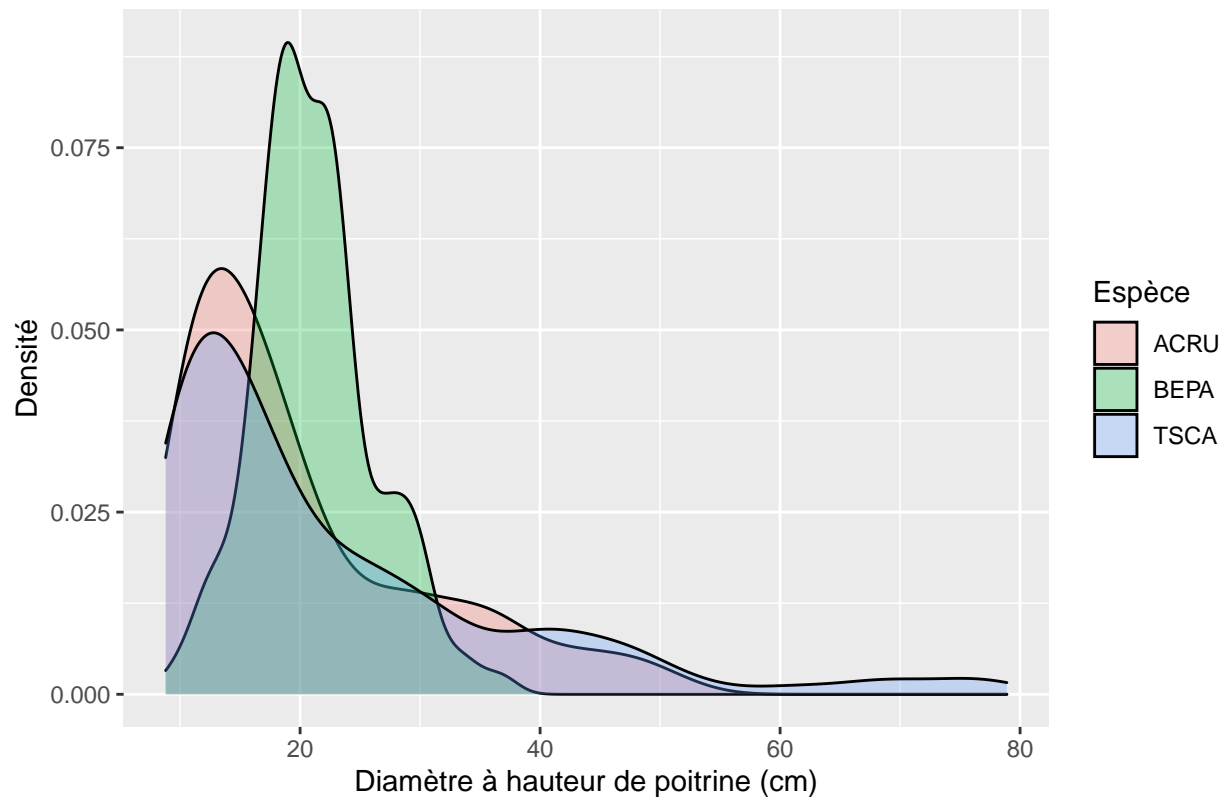


À quoi sert le paramètre `alpha` ici? Tentez de changer sa valeur.

Le titre du graphique, des axes et de la légende sont indiqués avec la fonction `labs` (pour *labels*).

```
dens <- dens +
  labs(title = "Distribution du diamètre de trois espèces au Parc national de Kejimikujik",
        x = "Diamètre à hauteur de poitrine (cm)", y = "Densité", fill = "Espèce")
dens
```

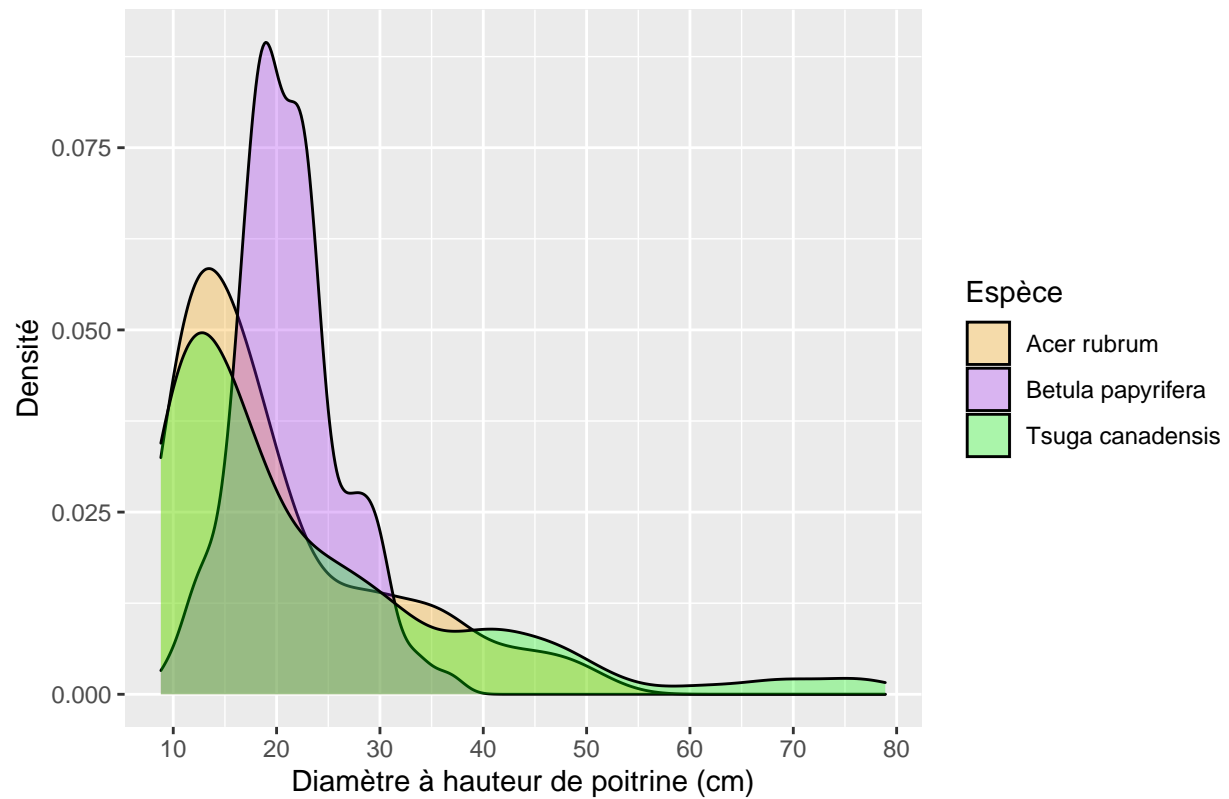
Distribution du diamètre de trois espèces au Parc national de Kejimikujik



Les fonctions débutant par `scale_...` permettent d'ajuster différents éléments des échelles représentées sur le graphique. Dans l'exemple suivant, nous modifions les valeurs indiquées sur l'axe des x avec l'argument `breaks` de `scale_x_continuous`. Avec la fonction `scale_fill_manual`, nous spécifions les couleurs pour le remplissage des courbes de densité (`values`), puis renommons les éléments de la légende (`labels`).

```
dens <- dens +  
  scale_x_continuous(breaks = seq(10, 80, 10)) +  
  scale_fill_manual(values = c("orange", "purple", "green"),  
                    labels = c("Acer rubrum", "Betula papyrifera", "Tsuga canadensis"))  
dens
```

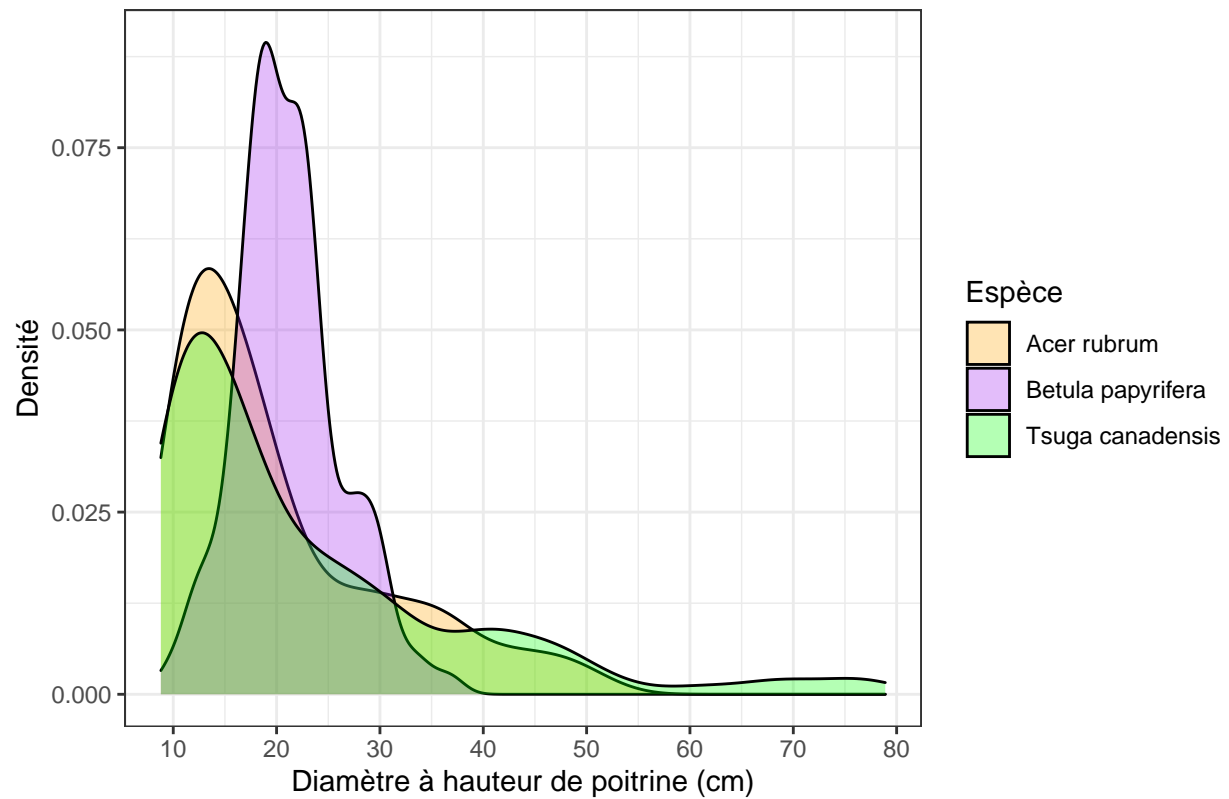
Distribution du diamètre de trois espèces au Parc national de Kejimikujik



Finalement, *ggplot2* comporte des thèmes qui modifient l'apparence générale du graphique. Ici, nous remplaçons le thème par défaut (avec le fond gris) par `theme_bw`.

```
dens +  
  theme_bw()
```

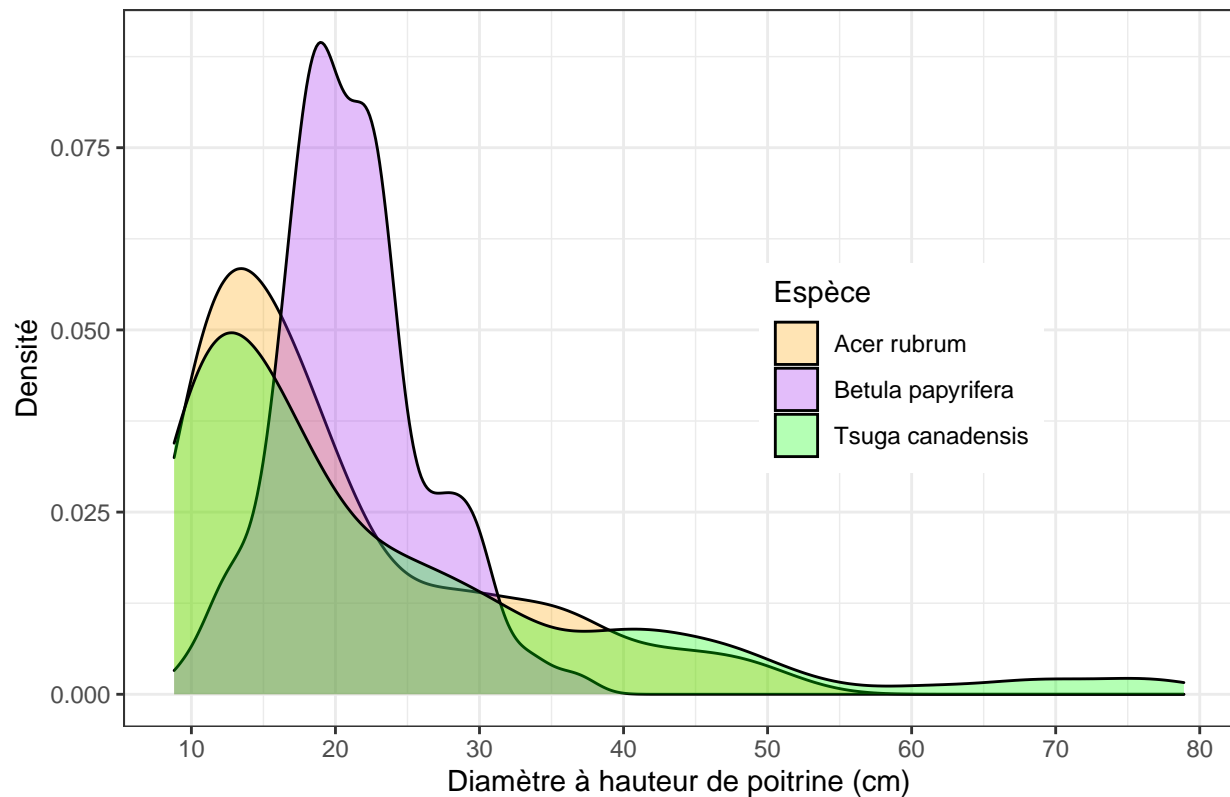
Distribution du diamètre de trois espèces au Parc national de Kejimikujik



En plus des fonctions pour changer le thème au complet, on peut modifier des paramètres de thème spécifiques avec la fonction `theme`. Par exemple, `legend.position` indique où placer la légende en x et y (0.7 et 0.5 signifient à 70% de la largeur et 50% de la hauteur).

```
dens +  
  theme_bw() +  
  theme(legend.position = c(0.7, 0.5))
```

Distribution du diamètre de trois espèces au Parc national de Kejimikujik



Le but de cette partie était de donner un aperçu des possibilités de *ggplot2*. Des références plus complètes sur ce package sont indiquées au bas de la page.

Résumé

- Le code d'un graphique est composé de plusieurs fonctions séparées par `+`.
- On débute avec la fonction `ggplot`, qui requiert deux arguments: le tableau de données, et l'association entre variables et éléments du graphique (avec la fonction `aes`).
- On ajoute ensuite une ou des couches géométriques (`geom_...`) indiquant le type de graphique (points, lignes, barres, histogramme, etc.).
- Si nécessaire, on peut ensuite modifier l'apparence du graphique avec des fonctions comme: `scale_...`, `facet_...`, `labs` et `theme`.

Remaniement des données avec *dplyr*

Organisation des données

Le package *dplyr* regroupe des fonctions qui simplifient plusieurs opérations couramment appliquées à des tableaux de données dans R. Ces fonctions sont adaptées à des tableaux de données suivant une forme normale:

- chaque rangée correspond à une observation et

- chaque colonne correspond à une variable.

Ces critères se rapprochent des principes d'organisation des données dans une base de données relationnelle (ex.: Access). De plus, les fonctions de *dplyr* correspondent assez bien aux opérations de base dans le langage de base de données SQL.

Question: Quelles sont les variables dans le tableau suivant, qui indique le nombre d'individus par site et espèce? Est-ce qu'il respecte la forme normale décrite ci-dessus?

```
##   site sapin pin bouleau
## 1    A    35 10     26
## 2    B    24 12     45
## 3    C    51 19      8
```

Réponse: Les trois dernières colonnes représentent la même variable (nombre d'individus) pour différentes valeurs de l'espèce. Donc, un tableau normalisé aurait trois colonnes: site, espèce et nombre.

```
##   site espece nombre
## 1    A  sapin     35
## 2    B  sapin     24
## 3    C  sapin     51
## 4    A   pin     10
## 5    B   pin     12
## 6    C   pin     19
## 7    A bouleau    26
## 8    B bouleau    45
## 9    C bouleau     8
```

En adoptant cette forme pour la plupart de vos données, il sera également plus facile de les visualiser (comme nous verrons plus loin) et des les modéliser dans R.

Le package *tidyr* contient des fonctions pour convertir automatiquement un tableau de données entre les deux formats ci-dessus. Nous n'avons pas le temps de couvrir ce package aujourd'hui, mais vous pourrez trouver plus d'informations dans les références en bas de page.

Pour la suite du laboratoire, nous utiliserons le tableau de données `kejim` qui est déjà en forme normale.

Choisir des observations avec *filter*

Au dernier cours, nous avons vu comment choisir des rangées d'un tableau de données selon une condition donnée. Par exemple, le code suivant extrait toutes les rangées correspondant à l'espèce *ACRU* (érable rouge).

```
acru <- kejim[kejim$espece == "ACRU", ]
head(acru)
```

```
##   site parcelle jour mois annee num_arbre nb_tiges espece dhp
## 4    BD        A  31    8  2004         7         1  ACRU 29.0
## 12   BD        A  31    8  2004        15         1  ACRU 42.9
## 13   BD        A  31    8  2004        16         1  ACRU 18.0
## 23   BD        B  26    8  2004         1         1  ACRU 32.5
## 25   BD        B  26    8  2004         4         1  ACRU 29.8
## 34   BD        B  26    8  2004        14         1  ACRU 33.0
```

Voici la même opération réalisée avec la fonction `filter`.

```
library(dplyr)
```

```
acru <- filter(kejim, espece == "ACRU")
head(acru)
```

```
##   site parcelle jour mois annee num_arbre nb_tiges espece dhp
## 1  BD         A   31    8  2004         7         1  ACRU 29.0
## 2  BD         A   31    8  2004        15         1  ACRU 42.9
## 3  BD         A   31    8  2004        16         1  ACRU 18.0
## 4  BD         B   26    8  2004         1         1  ACRU 32.5
## 5  BD         B   26    8  2004         4         1  ACRU 29.8
## 6  BD         B   26    8  2004        14         1  ACRU 33.0
```

Toutes les fonctions de *dplyr* ont la même structure:

- le nom de la fonction indique l'opération à réaliser;
- le premier argument est le tableau de données de départ;
- les autres arguments précisent l'opération (ici, les conditions du filtre);
- la fonction renvoie une version transformée du tableau de données.

Les avantages d'utiliser *dplyr* deviendront donc plus évidents après avoir vu plusieurs des fonctions.

Comme pour *ggplot2*, après avoir indiqué le tableau de données comme premier argument, les arguments suivants peuvent mentionner simplement le nom des variables du tableau, sans guillemets.

On peut appliquer plusieurs filtres à la fois, en séparant les conditions par des virgules. Par exemple, `acru30` contient les érables rouges avec un DHP supérieur à 30 cm.

```
acru30 <- filter(kejim, espece == "ACRU", dhp > 30)
head(acru30)
```

```
##   site parcelle jour mois annee num_arbre nb_tiges espece dhp
## 1  BD         B   26    8  2004         1         1  ACRU 32.5
## 2  BD         B   26    8  2004        14         1  ACRU 33.0
## 3  BD         B   26    8  2004        25         1  ACRU 33.8
## 4  CL         A   18    8  2004         7         1  ACRU 39.8
## 5  CL         A   18    8  2004        14         1  ACRU 46.2
```

Exercice 4

Produisez un tableau des observations de l'année 2014, excluant les individus de l'espèce *TSCA* (pruche du Canada).

Solution

Trier les observations avec *arrange*

La fonction `arrange` trie les rangées d'un tableau de données selon la valeur d'une ou plusieurs variables.

```
acru_tri_dhp <- arrange(acru, dhp)
head(acru_tri_dhp)
```

```
##   site parcelle jour mois annee num_arbre nb_tiges espece dhp
## 1  CLT         A   13    8  2004        37         1  ACRU 9.20
## 2  CLT         A   13    8  2004        26         1  ACRU 9.25
```

```
## 3 CLT      A    13    8  2004      31      1  ACRU 9.40
## 4 CLT      A    20   10  2014      37      1  ACRU 9.50
## 5 CLT      A    14   10  2009      46      1  ACRU 9.70
## 6 CLT      A    14   10  2009      37      1  ACRU 9.80
```

Pour trier en ordre décroissant, il faut utiliser la fonction `desc()`. Le code suivant trie les données par ordre croissant d'année, puis par ordre décroissant de DHP.

```
acru_tri_an_dhp <- arrange(acru, annee, desc(dhp))
head(acru_tri_an_dhp)
```

```
##   site parcelle jour mois annee num_arbre nb_tiges espece  dhp
## 1  CL      B    18    8  2004         7        1  ACRU 48.5
## 2  CL      B    18    8  2004        14        1  ACRU 47.5
## 3  CL      A    18    8  2004        14        1  ACRU 46.2
## 4  BD      A    31    8  2004        15        1  ACRU 42.9
## 5  CL      B    18    8  2004        13        1  ACRU 42.1
## 6  CL      A    18    8  2004         7        1  ACRU 39.8
```

Extraire des variables avec *select*

La fonction `select` extrait d'un tableau de données les variables indiquées, séparées par des virgules.

```
acru_select <- select(acru_tri_dhp, site, annee, dhp)
head(acru_select)
```

```
##   site annee  dhp
## 1  CLT  2004 9.20
## 2  CLT  2004 9.25
## 3  CLT  2004 9.40
## 4  CLT  2014 9.50
## 5  CLT  2009 9.70
## 6  CLT  2009 9.80
```

Séquencer des opérations avec *%>%*

Il arrive souvent qu'on veuille appliquer une série d'opérations à un tableau de données, sans conserver les résultats intermédiaires. Pour ce faire, *dplyr* procure un raccourci grâce à l'opérateur *%>%*, nommé *pipe* (tuyau) en anglais.

L'opérateur *%>%* a pour effet de passer le résultat d'une fonction comme premier argument de la fonction suivante. Par exemple, trois des opérations que nous avons effectuées plus tôt (choisir les arbres d'espèce ACRU, trier par DHP et extraire le site, l'année et le DHP) peuvent être combinées dans la séquence suivante.

```
acru <- kejin %>%
  filter(espece == "ACRU") %>%
  arrange(dhp) %>%
  select(site, annee, dhp)

head(acru)
```

```
##   site annee  dhp
## 1  CLT  2004 9.20
## 2  CLT  2004 9.25
## 3  CLT  2004 9.40
## 4  CLT  2014 9.50
```

```
## 5 CLT 2009 9.70
## 6 CLT 2009 9.80
```

Le premier `%>%` passe le tableau initial `kejim` à la fonction `filter`, puis la chaîne continue jusqu'au dernier résultat, qui est assigné à la variable `acru`.

Exercice 5

En utilisant `%>%`, produisez un tableau des observations de sapin baumier (ABBA) de plus de 15 cm de DHP, triées en ordre chronologique.

Solution

Créer des variables dérivées avec *mutate*

La fonction `mutate` permet de créer des variables dérivées de colonnes existantes du tableau de données. Par exemple, nous pouvons calculer le DHP en millimètres.

```
kejim_dhp_mm <- mutate(kejim, dhp_mm = dhp * 10)
head(kejim_dhp_mm)
```

```
##   site parcelle jour mois annee num_arbre nb_tiges espece  dhp dhp_mm
## 1  BD         A   31    8  2004         1         1  TSCA  16.3   163
## 2  BD         A   31    8  2004         2         1  TSCA  24.0   240
## 3  BD         A   31    8  2004         6         1  TSCA  29.8   298
## 4  BD         A   31    8  2004         7         1  ACRU  29.0   290
## 5  BD         A   31    8  2004         8         1  TSCA  15.5   155
## 6  BD         A   31    8  2004         9         1  TSCA  32.0   320
```

Calculer des statistiques par groupe: *group_by* et *summarize*

Ces deux fonctions sont souvent utilisées ensemble: `group_by` divise un tableau de données en groupes selon la valeur d'une ou plusieurs variables et `summarize` calcule une ou plusieurs quantités sommaires pour chaque groupe. L'exemple suivant calcule la moyenne et l'écart-type du DHP par espèce.

```
group_by(kejim, espece) %>%
  summarize(moyDHP = mean(dhp), etDHP = sd(dhp))
```

```
## `summarise()` ungrouping output (override with `.groups` argument)
```

```
## # A tibble: 13 x 3
##   espece moyDHP etDHP
##   <chr>   <dbl> <dbl>
## 1 ABBA    12.2  3.26
## 2 ACPE    12.0  1.71
## 3 ACRU    20.3 10.3
## 4 BEAL    50.6 23.3
## 5 BECO    26.2  7.39
## 6 BEPA    21.2  4.98
## 7 FAGR    17.7  7.51
## 8 PIRU    17.3  6.76
## 9 PIST    22.7 15.3
## 10 POGR    27.1  6.59
## 11 POTR    60.0  2.70
```

```
## 12 QURU      24.3  4.80
## 13 TSCA      22.9 15.0
```

Notes:

- Parmi les colonnes du tableau original, seules celles définissant les groupes sont retenues par `summarize`.
- La fonction `summarize` est semblable à `mutate`: toutes deux créent de nouvelles colonnes. Toutefois, `mutate` définit une nouvelle valeur pour chaque rangée du tableau original, tandis que `summarize` définit une valeur par groupe.

En plus de `mean`, `summarize` accepte n'importe quelle fonction qui calcule une valeur à partir d'un groupe de valeurs, ex.: `sum`, `min`, `max`, `sd`, et plusieurs autres.

Pour compter le nombre d'observations par groupe, nous avons seulement besoin de la fonction `count`. L'exemple suivant montre comment compter le nombre d'arbres mesurés par site et par année.

```
compte_site_annee <- count(kejim, site, annee)
head(compte_site_annee)
```

```
##   site annee  n
## 1   BD  2004 45
## 2   BD  2009 42
## 3   BD  2014 44
## 4  CFR  2004 48
## 5  CFR  2009 47
## 6  CFR  2014 45
```

Exercice 6

Classez les espèces du jeu de données `kejim` en ordre décroissant de leur diamètre maximal.

Solution

Joindre deux tableaux de données

Le fichier `codes_especes.csv` contient un tableau de correspondance entre les codes d'espèces du tableau `kejim` et les noms communs français et anglais de ces espèces.

```
codes_esp <- read.csv("codes_especes.csv", encoding = "UTF-8")
head(codes_esp)
```

```
##   espece      nom_espece species_name
## 1  ABBA      Sapin baumier   Balsam Fir
## 2  ACPE Érable de Pennsylvanie Striped Maple
## 3  ACRU      Érable rouge    Red Maple
## 4  ACSA      Érable à sucre   Sugar Maple
## 5  ACSP      Érable à épis Mountain Maple
## 6  AMLA      Amélanchier     Indian Pear
```

Note: L'argument `encoding = "UTF-8"` est nécessaire pour que les accents français soient lus correctement.

Pour ajouter ces noms d'espèces au tableau `kejim`, il faut joindre les deux tableaux avec la fonction `inner_join`.

```
kejim_esp <- inner_join(kejim, codes_esp)
```

```
## Joining, by = "espece"
```

```
head(kejim_esp)
```

```
##   site parcelle jour mois annee num_arbre nb_tiges espece dhp      nom_espece
## 1  BD         A   31    8  2004         1         1  TSCA 16.3 Pruche du Canada
## 2  BD         A   31    8  2004         2         1  TSCA 24.0 Pruche du Canada
## 3  BD         A   31    8  2004         6         1  TSCA 29.8 Pruche du Canada
## 4  BD         A   31    8  2004         7         1  ACRU 29.0   Érable rouge
## 5  BD         A   31    8  2004         8         1  TSCA 15.5 Pruche du Canada
## 6  BD         A   31    8  2004         9         1  TSCA 32.0 Pruche du Canada
##           species_name
## 1 Eastern Hemlock
## 2 Eastern Hemlock
## 3 Eastern Hemlock
## 4           Red Maple
## 5 Eastern Hemlock
## 6 Eastern Hemlock
```

La jointure (*join*) est un concept provenant des bases de données relationnelles. Comme on peut voir ici, la fonction `inner_join` a rattaché à chaque rangée du premier tableau (`kejim`) les données d'une rangée du deuxième tableau (`codes_esp`) qui correspondait à la même valeur d'`espece`. Par défaut, *dplyr* suppose que la correspondance doit être faite sur les colonnes de même nom, mais il est possible de spécifier autrement.

Notez que le tableau `kejim_esp` compte 1070 rangées, 91 de moins que le tableau `kejim`. Cela est dû au fait que certains codes d'espèce de `kejim` sont absents du tableau `codes_esp`. Pour garder les rangées du premier tableau sans correspondance dans le deuxième (et ajouter des valeurs manquantes aux colonnes de nom d'espèce), il faut utiliser un type de jointure différente, `left_join`. Nous n'avons pas le temps de discuter des différents types de jointure, mais vous pouvez consulter l'aide-mémoire *dplyr* dans les références en bas de page pour plus d'information.

Résumé des fonctions de *dplyr*

Fonction	Description
<code>filter</code>	extraire les rangées qui remplissent certaines conditions
<code>arrange</code>	trier les rangées d'après la valeur de certaines variables
<code>select</code>	extraire des colonnes spécifiques
<code>mutate</code>	créer des variables dérivées des colonnes existantes
<code>group_by</code>	diviser les observations en groupes d'après la valeur de certaines variables
<code>summarize</code>	calculer des statistiques sommaires sur plusieurs observations (possiblement par groupe)
<code>inner_join</code>	joindre deux tableaux de données à partir de variables communes

Références

- *R for Data Science* (<http://r4ds.had.co.nz>), particulièrement les chapitres 3 (*Data Visualisation*) et 5 (*Data transformation*).
- Aide-mémoire pour *dplyr*: <https://github.com/rstudio/cheatsheets/raw/master/data-transformation.pdf>.
- Aide-mémoire pour *ggplot2*: <https://github.com/rstudio/cheatsheets/raw/master/data-visualization-2.1.pdf>.

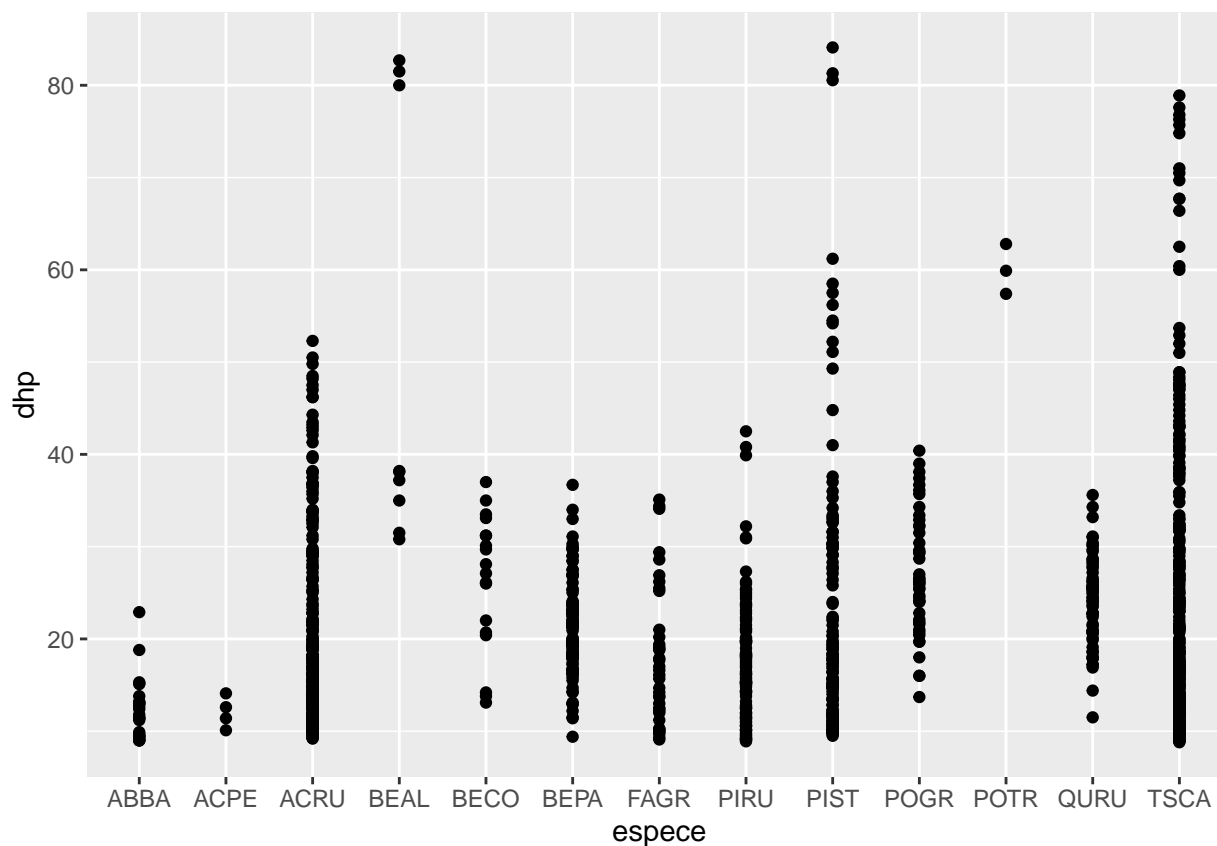
- Site de référence pour toutes les fonctions de *ggplot2*: <https://ggplot2.tidyverse.org/reference/index.html>.

Solutions des exercices

Exercice 1

À partir du tableau de données `kejim`, produisez un nuage de points du DHP (axe des *y*) selon l'espèce (axe des *x*).

```
ggplot(data = kejim, mapping = aes(x = espece, y = dhp)) +  
  geom_point()
```

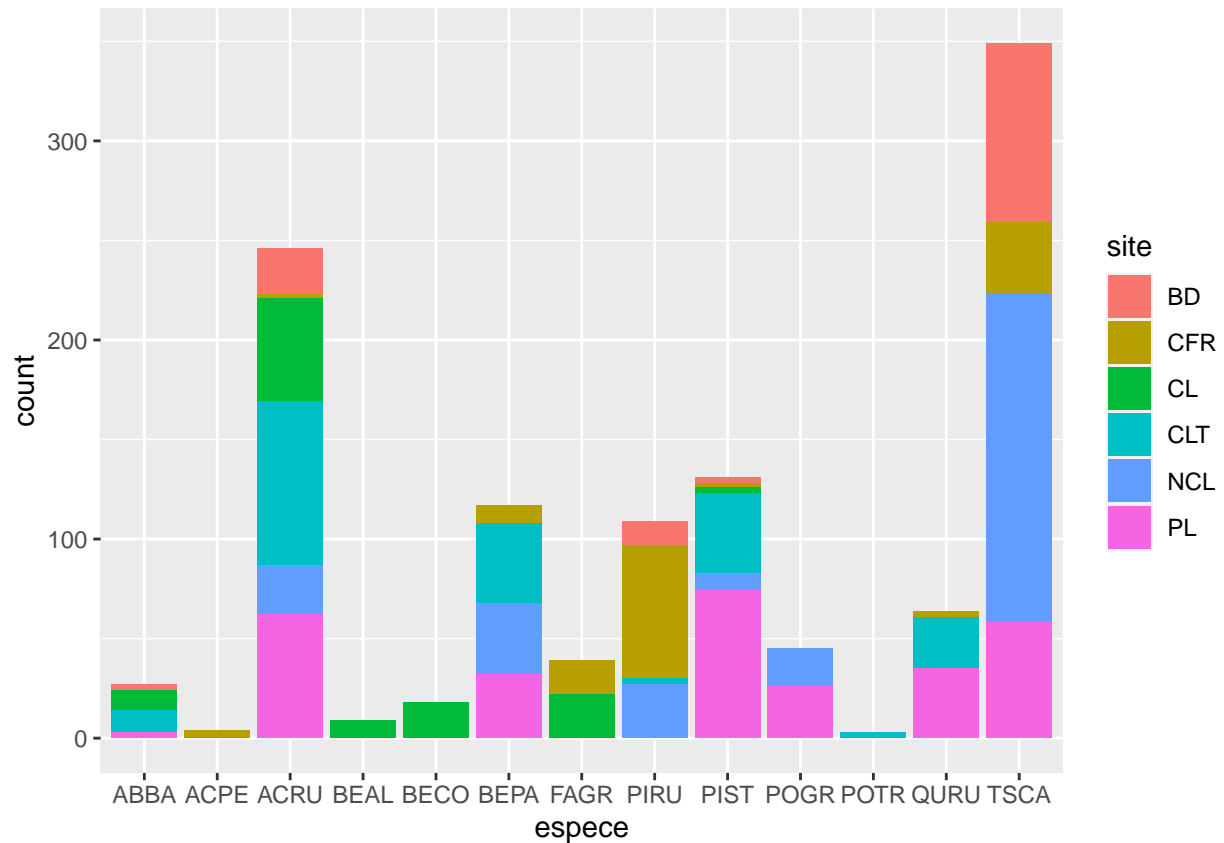


Retour

Exercice 2

Avec `geom_bar`, créez un diagramme à barres du nombre d'individus par espèce (différentes espèces sur l'axe des *x*). Utilisez un code de couleur pour identifier les individus de différents sites.

```
ggplot(kejim, aes(x = espece, fill = site)) +  
  geom_bar()
```



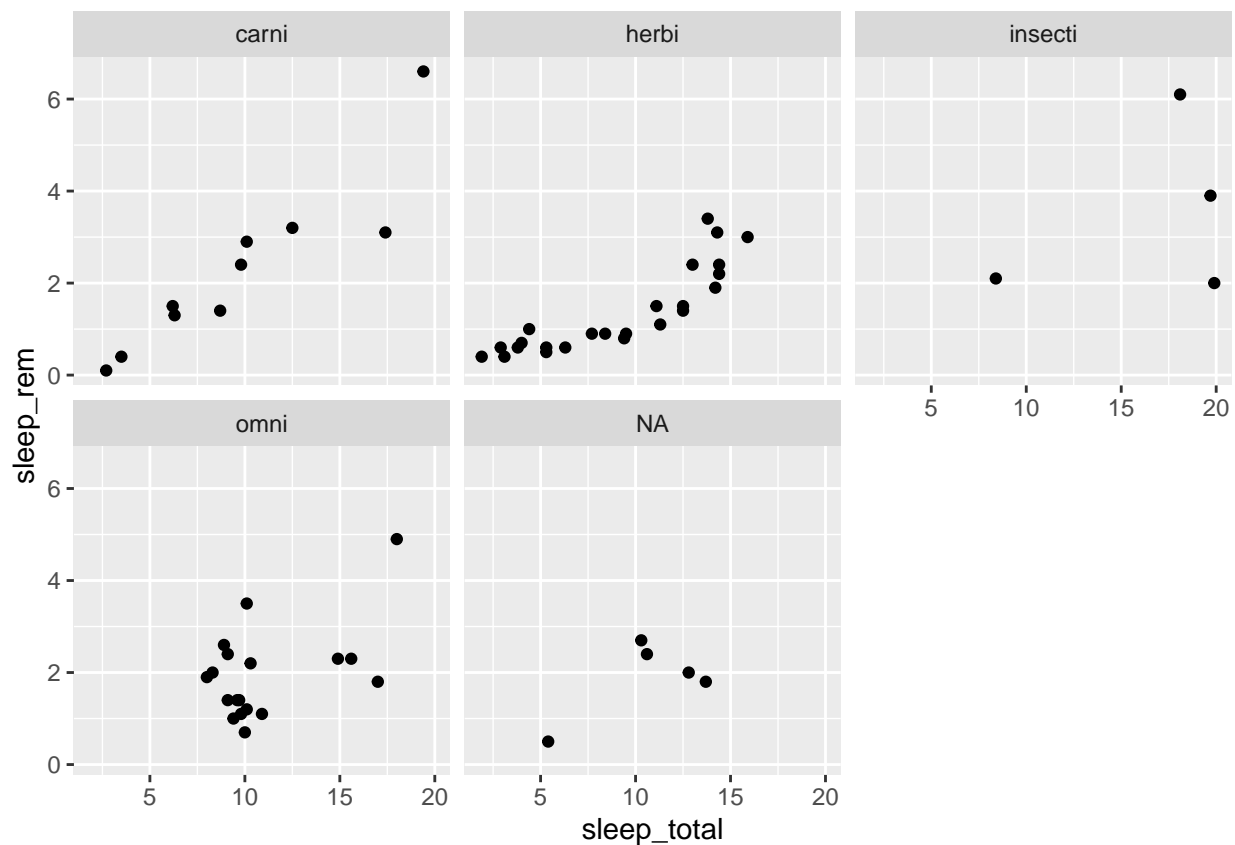
Retour

Exercice 3

À partir du jeu de données `msleep`, créez un nuage de points représentant le nombre d'heures de sommeil totales (`sleep_total`) et en phase REM (`sleep_rem`) avec une facette pour chaque type de régime alimentaire (`vore`).

```
ggplot(msleep, aes(x = sleep_total, y = sleep_rem)) +
  geom_point() +
  facet_wrap(~ vore)
```

```
## Warning: Removed 22 rows containing missing values (geom_point).
```

Retour

Exercice 4

Produisez un tableau des observations de l'année 2014, excluant les individus de l'espèce *TSCA* (pruche du Canada).

```
kejim2014 <- filter(kejim, annee == 2014, espece != "TSCA")
head(kejim2014)
```

```
##   site parcelle jour mois annee num_arbre nb_tiges espece dhp
## 1  BD         A   11    8  2014         4         1  ACRU 38.2
## 2  BD         A   11    8  2014         7         1  ACRU 32.9
## 3  BD         A   11    8  2014        15         1  ACRU 44.3
## 4  BD         A   11    8  2014        16         1  ACRU 18.2
## 5  BD         B   11    8  2014         1         1  ACRU 33.9
## 6  BD         B   11    8  2014         3         1  PIRU  9.8
```

Retour

Exercice 5

En utilisant `%>%`, produisez un tableau des observations de sapin baumier (ABBA) de plus de 15 cm de DHP, triées en ordre chronologique.

```
kejim %>%
  filter(espece == "ABBA", dhp > 15) %>%
  arrange(annee, mois, jour)
```

```
##   site parcelle jour mois annee num_arbre nb_tiges espece  dhp
## 1 CLT         A   13    8  2004        35         1  ABBA 18.8
## 2 CL         A   18    8  2004         8         1  ABBA 15.1
## 3 CLT         A   14   10  2009        35         1  ABBA 22.9
## 4 CL         A   21   10  2009         8         1  ABBA 15.3
## 5 CLT         B   20   10  2014        10         1  ABBA 15.2
```

Retour

Exercice 6

Classez les espèces du jeu de données `kejim` en ordre décroissant de leur diamètre maximal.

```
group_by(kejim, espece) %>%
  summarize(maxDHP = max(dhp)) %>%
  arrange(desc(maxDHP))
```

```
## `summarise()` ungrouping output (override with `.groups` argument)
## # A tibble: 13 x 2
##   espece maxDHP
##   <chr>   <dbl>
## 1 PIST    84.1
## 2 BEAL    82.7
## 3 TSCE    78.9
## 4 POTR    62.8
## 5 ACUR    52.3
## 6 PIRU    42.5
## 7 POGR    40.4
## 8 BECO     37
## 9 BEPA    36.7
## 10 QURU    35.6
## 11 FAGR    35.1
## 12 ABBA    22.9
## 13 ACPE    14.1
```

Retour