

Типы данных в R

Язык R работает со следующими типами данных:

- * `numeric` – переменные, содержащие целочисленные значения (`integer`), действительные числа (`double`) и комплексные числа (`complex`);

```
double_value <- 290.7
```

```
double_value <- 290
```

Типы данных в R

- * `logical` – переменные, содержащие логические значения: `FALSE` (сокращенно `F`) и `TRUE` (`T`);

```
is_monday <- F
```

```
bool_t <- TRUE
```

- * `character` – текстовые переменные (отдельные значения таких переменных задаются в двойных либо одинарных

Векторы

Векторы – это одномерные объект, которые могут хранить числовые, текстовые или логические значения (комбинации не допускаются)

```
protein_id = c("INS", "GH1", "IL6", "TNF",  
expression_level = c(45.8, 12.3, 8.9, 6.7,  
is_secreted = c(TRUE, TRUE, TRUE, TRUE, FALSE)
```

Операции над векторами

```
expression_sample1 <- c(15.2, 8.7, 23.4, 15
```

```
expression_sample2 <- c(18.5, 9.2, 25.1, 14
```

```
# Сложение - общая экспрессия
```

```
total_expr <- expr_sample1 + expr_sample2
```

```
# Вычитание - разница экспрессии
```

```
diff_expr <- expr_sample1 - expr_sample2
```

```
# Объединение
```

```
all_expression <- c(expression_sample1, expr
```

Факторы

Фактор - специальный тип данных для представления порядковых и номинальных переменных с фиксированным набором возможных значений

```
expr_lvl <- factor(c("low", "high", "medium",  
levels = c("low", "medium", "high"),  
ordered = TRUE  
)
```

где levels - это уникальные категории или

Операции над факторами

```
# Изменить порядок уровней
```

```
response <- factor(c("yes", "no", "yes", "m
```

```
response <- factor(response, levels = c("no
```

```
# Поменять порядок
```

```
response_rev <- factor(response, levels = r
```

```
# Объединение факторов
```

```
factor1 <- factor(c("A", "B", "A"))
```

```
factor2 <- factor(c("B", "C", "A"))
```

```
combined <- c(factor1, factor2)
```

Матрицы

Матрица – это двумерный массив данных, в котором все элементы имеют один и тот же тип (числовой, текстовый или логический).

Матрицы создаются при помощи функции `matrix`. Общий синтаксис этой функции:

```
my_matrix <- matrix(  
  вектор,  
  nrow=число строк,  
  ncol=число столбцов,  
  byrow=логическое значение,  
  dimnames=list(текстовый вектор с названиями
```

Массивы

Массивы — это объекты данных, которые могут хранить данные в более чем двух измерениях.

Массивы создаются при помощи функции `array`:

```
my_array <- array(vector, dimensions, dimnames)
```

где `vector` — это вектор с данными, `dimensions` — числовой вектор, определяющий размеры измерений, а `dimnames` — необязательный список названий измерений.

Таблицы данных

Таблицы данных – это основной класс объектов R, используемых для хранения данных. Таблица данных создается при помощи функции `data.frame()`:

```
my_data <- data.frame(col1, col2, col3, ...)
```

где – `col1`, `col2`, `col3`, ... это векторы любого типа (текстового, числового или логического), которые станут столбцами таблицы.

Пример таблицы данных

```
genome_data <- data.frame(  
  gene_id = c("BRCA1", "TP53", "EGFR", "HBB"),  
  chromosome = c("17", "17", "7", "11"),  
  start_position = c(43044295, 7668402, 55019,  
  end_position = c(43170245, 7687550, 5521162,  
  strand = c("+", "-", "+", "-"),  
  expression = c(15.2, 8.7, 23.4, 150.2)  
)
```

Операции с таблицами данных

`rbind()` - объединяет два набора данных по вертикали (по строкам):

```
# Первый набор данных - экспрессия генов
gene_expression <- data.frame(
  gene_id = c("TP53", "BRCA1", "EGFR"),
  sample_A = c(15.2, 8.7, 25.4),
  sample_B = c(18.9, 7.3, 28.1)
)
```

```
# Второй набор данных - дополнительная экспрессия
dop_expression <- data.frame(
  gene_id = c("AKT1", "PTEN"),
  sample_A = c(22.3, 9.8),
  sample_B = c(24.1, 8.9)
)
```

```
# Объединяем два набора данных по экспрессии генов
all_expression <- rbind(gene_expression, dop_expression)
```

```
gene_id sample_A sample_B
1    TP53      15.2      18.9
2   BRCA1       8.7       7.3
3    EGFR      25.4      28.1
```

Операции с таблицами данных

`cbind()` - объединяет две матрицы или таблицы по горизонтали (по столбцам):

```
# Первый набор данных - экспрессия генов
gene_expression <- data.frame(
  gene_id = c("TP53", "BRCA1", "EGFR"),
  sample_A = c(15.2, 8.7, 25.4),
  sample_B = c(18.9, 7.3, 28.1)
)

# Добавляем данные по третьему образцу
sample_C_data <- data.frame(
  sample_C = c(16.8, 9.2, 26.7)
)

# Объединяем с исходными данными
expression_with_C <- cbind(gene_expression, sample_C_data)
```

	gene_id	sample_A	sample_B	sample_C
1	TP53	15.2	18.9	16.8
2	BRCA1	8.7	7.3	9.2
3	EGFR	25.4	28.1	26.7

Операции с таблицами данных

`merge()` - объединяет таблицы по ключу:

```
# Таблица с экспрессией генов
expression_data <- data.frame(
  gene_id = c("TP53", "BRCA1", "EGFR", "MYC", "AKT1"),
  expression = c(15.2, 8.7, 25.4, 12.1, 18.9),
  sample = "sample_A"
)

# Таблица с мутациями
mutation_data <- data.frame(
  gene_id = c("TP53", "BRCA1", "EGFR", "PTEN"),
  mutation_count = c(3, 1, 2, 1),
  mutation_type = c("missense", "frameshift", "nonsense", "missense")
)

# Общие гены
inner_join <- merge(expression_data, mutation_data, by = "gene_id")
  gene_id expression   sample mutation_count mutation_type
1  BRCA1         8.7 sample_A             1    frameshift
2  EGFR        25.4 sample_A             2      nonsense
3  TP53        15.2 sample_A             3    missense
```

Список – это упорядоченная коллекция объектов. Список может объединять разные объекты вне зависимости от их типов. К примеру, список может одновременно содержать векторы, матрицы, таблицы данных и другие списки.

```
my_list <- list(объект1, объект2, ...)
```

```
gene_info <- list(  
  gene_name = "TP53",  
  chromosome = 17,
```

Чтение табличных данных

Функция `read.table()` позволяет импортировать данные из текстовых файлов с разделителями. Некоторые параметры этой функции:

`file` - путь к файлу

`header` - логическое значение, указывает наличие строки с названиями колонок в начале файла

`nrows` - максимальное количество строк для чтения (-1 означает все строки)

`sep` - символ-разделитель колонок в файле

`dec` - символ, используемый как десятичный разделитель в числах

`skip` - количество строк в начале файла для пропуска перед чтением данных

`na.strings` - вектор строк, которые интерпретируются как пропущенные значения (NA)

`colClasses` - вектор, определяющий классы данных для каждой колонки

`stringsAsFactors` - логическое значение, указывает должны ли строковые колонки преобразовываться в факторы

Пример использования функции read.table()

```
data <- read.table("data.txt",  
header = TRUE,           # есть заголовок  
sep = "\t",              # разделитель - табул  
stringsAsFactors = FALSE) # не преобразовыв
```

```
# Параметры по умолчанию (для CSV)  
data <- read.table("data.csv",  
header = TRUE,  
sep = ",",  
dec = ".")
```


Подмножества

Квадратные скобки `[]` — сохраняют класс исходного объекта при извлечении подмножества и поддерживают выбор произвольного количества элементов.

Двойные квадратные скобки `[[` — предназначены для извлечения единичного элемента из списка или таблицы данных, при этом возвращаемый объект может иметь другой класс.

Оператор `$` — обеспечивает доступ к элементам списка или таблицы данных по имени, аналогично работе оператора `[[`.

Подмножества

Подмножества данных можно выбирать на основе любой структуры данных. Например, на основе векторов:

```
gene_expression <- c(15.2, 8.7, 23.4, 150.2, 5.3)
names(gene_expression) <- c("BRCA1", "TP53", "EGFR", "HBB", "CFTR")
```

Выборка по индексам

```
gene_expression[3]           # EGFR: 23.4
gene_expression[c(2,4)]      # TP53: 8.7, HBB: 150.2
```

Выборка по условиям

```
gene_expression[gene_expression > 20]  # гены с экспрессией > 20
gene_expression[gene_expression < 10]  # гены с экспрессией < 10
```

Выборка по именам генов

```
gene_expression[c("BRCA1", "HBB")]      # конкретные гены
```

Подмножества

Подмножества данных также можно выбирать на основе матриц:

```
expr_matrix <- matrix(  
  c(25.4, 18.9, 32.1, 45.2, 12.8, 8.7, 150.8, 95.3, 120.5),  
  nrow = 3,  
  byrow = TRUE,  
  dimnames = list(  
    c("SYP", "GAD1", "GFAP"),  
    c("Cortex", "Cerebellum", "Hippocampus")))   
  
marker_genes <- expr_matrix[c("SYP", "GFAP"), ]  
custom_subset <- expr_matrix[c("GAD1", "GFAP"), c("Cerebellum", "Hippocampus")]  
high_gfap_regions <- expr_matrix["GFAP", expr_matrix["GFAP", ] > 100]
```

Подмножества

Подмножество на основе таблицы данных:

```
gene_data <- data.frame(  
  gene_name = c("TP53", "BRCA1", "EGFR", "MYC", "AKT1", "PTEN"),  
  expression = c(15.2, 8.7, 25.4, 12.1, 18.9, 9.5),  
  chromosome = c("chr17", "chr17", "chr7", "chr8", "chr14", "chr10"),  
  is_oncogene = c(FALSE, FALSE, TRUE, TRUE, TRUE, FALSE),  
  mutation_count = c(3, 1, 2, 0, 1, 2)  
)  
  
# 1. Подмножество по строкам и столбцам - Строки 2-4, колонки gene_name и expression  
subset1 <- gene_data[2:4, c("gene_name", "expression")]  
  
# 2. Подмножество по условию (высокая экспрессия)  
high_expression <- gene_data[gene_data$expression > 15, ]  
  
# 3. Подмножество по нескольким условиям (онкогены с мутациями)  
sample1 <- gene_data[gene_data$is_oncogene & gene_data$mutation_count > 0, ]  
  
# 4. Подмножество с оператором ИЛИ  
sample2 <- gene_data[gene_data$chromosome == "chr17" | gene_data$expression > 20, ]  
  
# 5. Подмножество по индексам строк  
selected_rows <- gene_data[c(1, 3, 5), ]
```

Функция `subset()` – позволяет выбрать подвыборку данных на основе какого-либо условия.

```
chr17_high_expr <- subset(genome_data,  
  chromosome == "17" & expression > 10)
```

```
low_expr_genes <- subset(genome_data,  
  expression < 10,  
  select = c(gene_id, chromosome, expression))
```

Обработка пропущенных значений

В R NA (Not Available) означает отсутствие значения, тогда как NaN (Not a Number) указывает на неопределенный результат числовой операции, например, $0/0$. NA может применяться к любым типам данных (числовым и символьным) и означает, что данные были, но не были измерены или записаны. NaN возникает только в числовых вычислениях и обозначает результат, который нельзя представить как число.

`is.na()` - проверка на пропущенные значения

Векторизованные операции

Векторизация — это возможность применять операции ко всему вектору сразу, без использования явных циклов. Это одна из ключевых особенностей R, которая делает код эффективным и читаемым.:

```
# Векторы  
x <- 10:14  
y <- 20:24
```

```
print(x + y)  
print(x > 12)  
print(y * 2 + x * 3)  
print(x %% 2 == 0)
```

```
# Матрицы  
mat1 <- matrix(1:9, nrow = 3)  
mat2 <- matrix(10:18, nrow = 3)
```

```
print(mat1 + mat2)      # Поэлементное сложение  
print(mat1 * 2 + mat2)  # Умножение на скаляр
```