Se former au logiciel R : initiation et perfectionnement

François Rebaudo

2018-11-19

Contents

Chapter 1

Préambule

Ce livre est incomplet pour le moment et vous visualisez sa version préliminaire. De nombreux chapitres sont néanmoins déjà en ligne, alors n'hésitez pas à les consulter et à commencer votre formation ou votre perfectionnement au langage de programmation R.

Si vous avez des commentaires, des suggestions ou si vous identifiez des erreurs, n'hésitez pas à m'envoyer un email (`francois.rebaudo@ird.fr`[1]), ou si vous connaissez GitHub sur le site du projet (`https://github.com/frareb/myRBook_FR`). Ce livre est collaboratif, il repose sur votre participation.

Ce livre est également disponible en espagnol (`http://myrbooksp.netlify.com/`).

Dernières modifications:

19/11/2018

- Les graphiques (1&2/4)

09/11/2018

- Nouveau chapitre sur la gestion de projet avec R
- La partie "Concepts de base" est complète

08/11/2018

- algorithmique Les boucles de la famille `apply` (6/6)

30/10/2018

- algorithmique `next` et `break` (5/6)

18/10/2018

- algorithmique La boucle "while" (4/6)
- algorithmique La boucle "repeat" (4'/6)

28/09/2018

- algorithmique Tests logiques avec "switch" (2/6)
- algorithmique La boucle "for" (3/6)

17/09/2018

- algorithmique Tests logiques avec "if" (1/6)

10/09/2018

- nouveau chapitre Importer et exporter des données

[1] `mailto:francois.rebaudo@ird.fr`

30/08/2018

- Modifications de Marc G. (étude de cas ; types de données)
- nouvelle étude de cas : analyse des données de datalogger de température

24/08/2018

- Les fonctions (partie 2/3 et 3/3) : écrire une fonction et conclusion

27/07/2018

- Etude de cas : Obtenir le numéro WOS d'un article scientifique à partir de son numéro DOI
- typos et références internes

25/07/2018

- Les fonctions (partie 1/3) : les fonctions les plus courantes

17/07/2018

- Les conteneurs de données (partie 4/5) : matrix
- Les conteneurs de données (partie 5/5) : array

13/07/2018

- mise en ligne du contenu en français sur la base du livre en espagnol
- Les conteneurs de données (partie 3/5) : data.frame

Chapter 2

Remerciements

Je remercie tous les contributeurs qui ont participé à améliorer ce livre par leurs conseils, leurs suggestions de modifications et leurs corrections (par ordre alphabétique) :

```
## Contributeurs :
Camila Benavides Frias (Bolivia)
Marc Girondot (France ; UMR 8079 ESE)
Susi Loza Herrera (Bolivia)
Estefania Quenta Herrera (Bolivia)
```

Les versions gitbook, html et epub de ce livre utilisent les icônes open source de Font Awesome (`https://fontawesome.com`). La version PDF utilise les icônes issues du projet Tango disponibles depuis openclipart (`https://openclipart.org/`). Ce livre a été écrit avec le package R bookdown (`https://bookdown.org/`). Le code source est disponible sur GitHub (`https://github.com/frareb/myRBook_FR`). La version en ligne est hébergée et mise à jour grâce à Netlify (`http://myrbookfr.netlify.com/`).

Chapter 3

Licence

Licence Creative Commons Attribution - Pas d'Utilisation Commerciale - Pas de Modification 3.0 France (CC BY-NC-ND 3.0 FR ; `https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/3.0/fr/`)

C'est un résumé (et non pas un substitut) de la licence.

Vous êtes autorisé à :

- Partager — copier, distribuer et communiquer le matériel par tous moyens et sous tous formats.
- L'Offrant ne peut retirer les autorisations concédées par la licence tant que vous appliquez les termes de cette licence.

Selon les conditions suivantes :

- Attribution — Vous devez créditer l'Œuvre, intégrer un lien vers la licence et indiquer si des modifications ont été effectuées à l'Oeuvre. Vous devez indiquer ces informations par tous les moyens raisonnables, sans toutefois suggérer que l'Offrant vous soutient ou soutient la façon dont vous avez utilisé son Oeuvre.
- Pas d'Utilisation Commerciale — Vous n'êtes pas autorisé à faire un usage commercial de cette Oeuvre, tout ou partie du matériel la composant.
- Pas de modifications — Dans le cas où vous effectuez un remix, que vous transformez, ou créez à partir du matériel composant l'Oeuvre originale, vous n'êtes pas autorisé à distribuer ou mettre à disposition l'Oeuvre modifiée.
- Pas de restrictions complémentaires — Vous n'êtes pas autorisé à appliquer des conditions légales ou des mesures techniques qui restreindraient légalement autrui à utiliser l'Oeuvre dans les conditions décrites par la licence.

Notes :

Vous n'êtes pas dans l'obligation de respecter la licence pour les éléments ou matériel appartenant au domaine public ou dans le cas où l'utilisation que vous souhaitez faire est couverte par une exception. Aucune garantie n'est donnée. Il se peut que la licence ne vous donne pas toutes les permissions nécessaires pour votre utilisation. Par exemple, certains droits comme les droits moraux, le droit des données personnelles et le droit à l'image sont susceptibles de limiter votre utilisation.

Chapter 4

Introduction

4.1 Pourquoi se former à R

Parce que R s'est imposé comme un incontournable outil pour l'analyse et la gestion des données scientifiques, et qu'il devient dans ce contexte indispensable d'en maîtriser à minima les bases. Le succès de R n'est pas un hasard : R est un logiciel que tout le monde peut se procurer librement assurant ainsi la transparence et la reproductibilité des résultats scientifiques (sous réserve de respecter quelques règles que ce livre abordera). R repose aussi sur une communauté très active avec plusieurs milliers de modules complémentaires (packages) pour effectuer les analyses statistiques les plus pointues.

4.2 Ce livre

L'objectif de ce livre est de fournir aux étudiants et aux personnes souhaitant s'initier à R une base solide pour ensuite mettre en oeuvre leurs propres projets scientifiques et la valorisation de leurs résultats. Il existe de nombreux livres dédiés à R, mais aucun ne couvre les éléments de base de ce langage dans un objectif de rendre les résultats scientifiques publiables et reproductibles.

De manière générale ce livre s'adresse à toute la communauté scientifique et en particulier à celle intéressée par les sciences du vivant, et les nombreux exemples de ce livre s'appuieront sur des études en biologie.

Ce livre est né de la demande des étudiants des universités partenaires de l'IRD en Amérique du Sud que j'ai eu la chance de rencontrer et de former à R. Sa première version est donc rédigée en espagnol (il existe peu de documents de qualité sur R en espagnol). J'ai entamé sa traduction en français courant 2018 et aujourd'hui les deux versions coévoluent avec des contenus qui peuvent varier (par exemple pour les études de cas).

4.3 Lectures complémentaires en français

- R pour les débutants, Emmanuel Paradis (`https://cran.r-project.org/doc/contrib/Paradis-rdebuts_fr.pdf`)
- Introduction à la programmation avec R, Vincent Goulet (`https://cran.r-project.org/doc/contrib/Goulet_introduction_programmation_R.pdf`)

Part I

Concepts de base

Chapter 5

Premiers pas

5.1 Installation de R

Le programme permettant l'installation du logiciel R peut être téléchargé depuis le site web de R : `https://www.r-project.org/`. Sur le site de R il faut au préalable choisir un mirroir CRAN (serveur depuis lequel télécharger R ; sauf cas particulier le plus proche de sa localisation géographique), puis télécharger le fichier *base*. Les utilisateurs de Linux pourront préférer un `sudo apt-get install r-base`.

Le logiciel R peut être téléchargé depuis de nombreux serveurs du CRAN (Comprehensive R Archive Network) à travers le monde. Ces serveurs s'appellent des miroirs. Le choix du miroir est manuel.

5.2 R comme calculatrice

Une fois le programme lancé, une fenêtre apparaît dont l'aspect peut varier en fonction de votre système d'exploitation (Figure 5.1). Cette fenêtre est dénommée la *console*.

La console correspond à l'interface où va être interprété le code, c'est à dire à l'endroit où le code va être transformé en langage machine, exécuté par l'ordinateur, puis retransmis sous une forme lisible par des humains. Cela correspond à l'écran d'affichage d'une calculatrice (Figure 5.2). C'est de cette manière que R va être utilisé dans la suite de cette section.

Tout au long de ce livre, les exemples de code R apparaîtront sur fond en gris. Ils peuvent être copiés et collés directement dans la console, bien qu'il soit préférable de reproduire soit même les exemples dans la console (ou plus tard dans les scripts). Le résultat de ce qui est envoyé dans la console apparaîtra également sur fond en gris avec **##** devant le code afin de bien faire la distinction entre le code et le résultat du code.

5.2.1 Les opérateurs arithmétiques

```
5 + 5
```

```
## [1] 10
```

Si nous écrivons `5 + 5` dans la console puis `Entrée`, le résultat apparaît précédé du chiffre [1] entre crochets. Ce chiffre correspond au numéro du résultat (dans notre cas, il n'y a qu'un seul résultat ; nous reviendrons sur cet aspect plus tard). Nous pouvons également noter dans cet exemple l'utilisation d'espaces avant et après le signe +. Ces espaces ne sont pas nécessaires mais permettent au code d'être plus lisible par les humains (i.e., plus agréable à lire pour nous comme pour les personnes avec qui nous serons amenés à partager notre code). Les opérateurs aritmétiques disponibles sous R sont résumés dans la table 5.1.

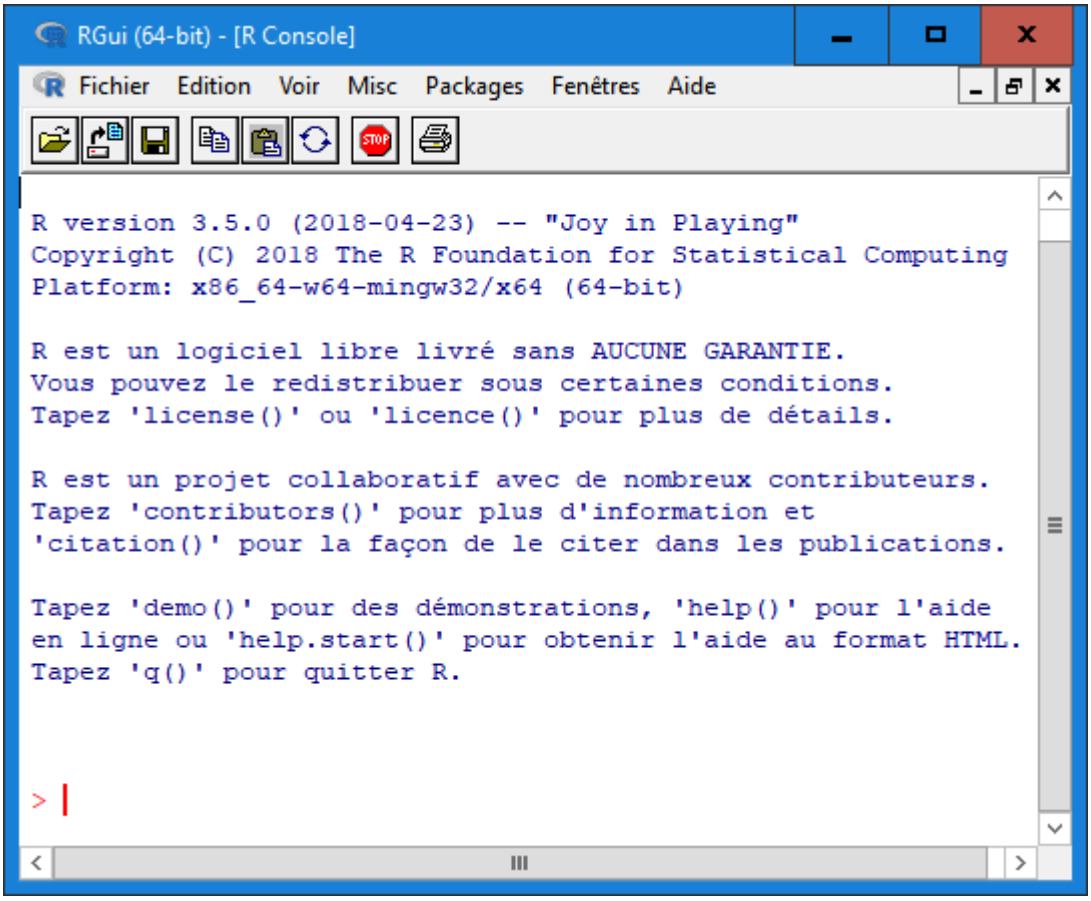


Figure 5.1: Capture d'écran de la console R sous Windows.

Table 5.1: Opérateurs arithmétiques.

Label	Opérateur	Exemple	Résultat
Addition	+	5 + 5	10
Soustraction	-	5 - 5	0
Multiplication	*	5*5	25
Division	/	5/5	1
Puissance	^	5^5	3125
Modulo	%%	5 %% 5	0
Quotien Décimal	%/%	5 %/% 5	1

Classiquement, les multiplications et les divisions sont prioritaires sur les additions et les soustractions. Au besoin nous pouvons utiliser des parenthèses.

```
5 + 5 * 2
```

```
## [1] 15
```

```
(5 + 5) * 2
```

```
## [1] 20
```

L'opérateur modulo correspond au reste de la division euclidienne. Il est souvent utilisé en informatique par exemple pour savoir

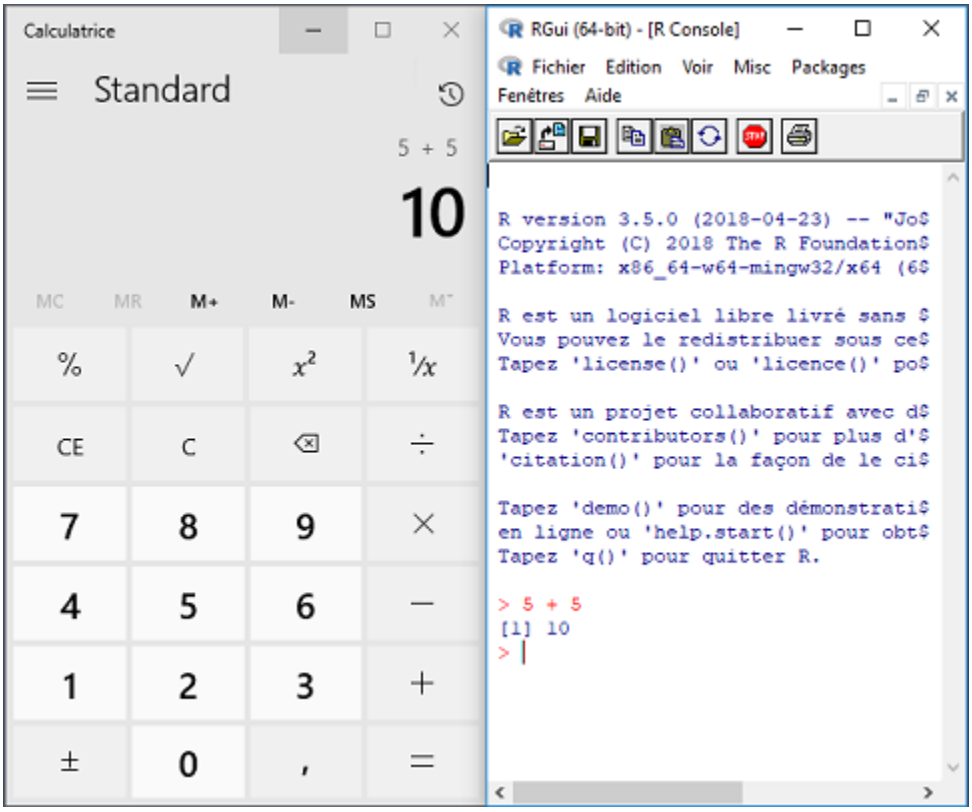


Figure 5.2: Capture d'écran de la console R sous Windows avec la calculatrice Windows.

si un nombre est pair ou impair (un nombre modulo 2 va renvoyer 1 si il est impair et 0 si il est pair).

```
451 %% 2
```

```
## [1] 1
```

```
288 %% 2
```

```
## [1] 0
```

```
(5 + 5 * 2) %% 2
```

```
## [1] 1
```

```
((5 + 5) * 2) %% 2
```

```
## [1] 0
```

R intègre également certaines constantes dont `pi`. Par ailleurs le signe infini est représenté par `Inf`

```
pi
```

```
## [1] 3.141593
```

Table 5.2: Opérateurs de comparaison.

Label	Opérateur	Exemple	Résultat
plus petit que	<	5 < 5	FALSE
plus grand que	>	5 > 5	FALSE
plus petit ou égal à	<=	5 <= 5	TRUE
plus grand ou égal à	>=	5 >= 5	TRUE
égal à	==	5 == 5	TRUE
différent de	!=	5 != 5	FALSE

```
pi * 5^2
```

```
## [1] 78.53982
```

```
1/0
```

```
## [1] Inf
```

le *style* du code est important car le code est destiné à être lisible par nous plus tard et par d'autres personnes de manière générale. Pour avoir un style lisible il est recommandé de mettre des espaces avant et après les opérateurs arithmétiques.

5.2.2 Les opérateurs de comparaison

R est cependant bien plus qu'une simple calculatrice puisque'il permet un autre type d'opérateurs : les opérateurs de comparaison. Ils servent comme leur nom l'indique à *comparer* des valeurs entre elles (Table 5.2).

Par exemple si nous voulons savoir si un chiffre est plus grand qu'un autre, nous pouvons écrire :

```
5 > 3
```

```
## [1] TRUE
```

R renvoie la valeur `TRUE` si la comparasion est vraie et `FALSE` si la comparaison est fausse.

```
5 > 3
```

```
## [1] TRUE
```

```
2 < 1.5
```

```
## [1] FALSE
```

```
2 <= 2
```

```
## [1] TRUE
```

```
3.2 >= 1.5
```

```
## [1] TRUE
```

Nous pouvons combiner les opérateurs arithmétiques avec les opérateurs de comparasion.

```
(5 + 8) > (3 * 45/2)
```

```
## [1] FALSE
```

Dans la comparasion `(5 + 8) > (3 * 45/2)` les parenthèses ne sont pas nécessaires mais elles permettent au code d'être plus facile à lire.

Un opérateur de comparaison particulier est *égal à*. Nous verrons dans la section suivante que le signe = est réservé à un autre usage : il permet d'affecter une valeur à un objet. L'opérateur de comparaison *égal à* doit donc être différent, c'est pour cela que R utilise ==.

```
42 == 53
```

```
## [1] FALSE
```

```
58 == 58
```

```
## [1] TRUE
```

Un autre opérateur particulier est *différent de*. Il est utilisé avec *un point d'intérrogation* suivi de *égal*, `!=`. Cet opérateur permet d'obtenir la réponse inverse à ==.

```
42 == 53
```

```
## [1] FALSE
```

```
42 != 53
```

```
## [1] TRUE
```

```
(3 + 2) != 5
```

```
## [1] FALSE
```

```
10/2 == 5
```

```
## [1] TRUE
```

R utilise `TRUE` et `FALSE` qui sont aussi des valeurs qui peuvent être testées avec les opérateurs de comparasion. Mais R attribue également une valeur à `TRUE` et `FALSE` :

```
TRUE == TRUE
```

```
## [1] TRUE
```

```
TRUE > FALSE
```

```
## [1] TRUE
```

```
1 == TRUE
```

```
## [1] TRUE
```

```
0 == FALSE
```

```
## [1] TRUE
```

```
TRUE + 1
```

```
## [1] 2
```

```
FALSE + 1
```

```
## [1] 1
```

```
(FALSE + 1) == TRUE
```

```
## [1] TRUE
```

La valeur de `TRUE` est de 1 et la valeur de `FALSE` est de 0. Nous verrons plus tard comment utiliser cette information dans les prochains chapitres.

R est aussi un langage relativement permissif, cela veut dire qu'il admet une certaine flexibilité dans la manière de rédiger le code. Débattre du bien fondé de cette flexibilité sort du cadre de ce livre mais nous pourrons trouver dans du code R sur Internet ou dans d'autres ouvrages le raccourcis `T` pour `TRUE` et `F` pour `FALSE`.

```
T == TRUE
```

```
## [1] TRUE
```

```
F == FALSE
```

```
## [1] TRUE
```

```
T == 1
```

```
## [1] TRUE
```

```
F == 0
```

```
## [1] TRUE
```

```
(F + 1) == TRUE
```

```
## [1] TRUE
```

Bien que cette façon de se référer à `TRUE` et `FALSE` par `T` et `F` soit assez répandue, dans ce livre nous utiliserons toujours `TRUE` et `FALSE` afin que le code soit plus facile à lire. Encore une fois l'objectif d'un code est de non seuleument être fonctionnel mais aussi d'être facile à lire et à relire.

5.2.3 Les opérateurs logiques

Il existe un dernier type d'opérateur, les opérateurs logiques. Ils sont utiles pour combiner des opérateurs de comparaison (Table 5.3).

Table 5.3: Opérateurs logiques.

Label	Operador
n'est pas	!
et	&
ou	|
ou exclusif	xor()

```
!TRUE
```

```
## [1] FALSE
```

```
!FALSE
```

```
## [1] TRUE
```

```
((3 + 2) == 5) & ((3 + 3) == 5)
```

```
## [1] FALSE
```

```
((3 + 2) == 5) & ((3 + 3) == 6)
```

```
## [1] TRUE
```

```
(3 < 5) & (5 < 5)
```

```
## [1] FALSE
```

```
(3 < 5) & (5 <= 5)
```

```
## [1] TRUE
```

L'opérateur logique `xor()` correspond à un *ou exclusif*. C'est à dire que l'un des deux **arguments** de la **fonction** `xor()` doit être vrai, mais pas les deux. Nous reviendrons plus tard sur les **fonctions** et leurs **arguments**, mais retenons que l'on identifie une fonction par ses parenthèses qui contiennent des arguments séparés par des virgules.

```
xor((3 + 2) == 5, (3 + 3) == 6)
```

```
## [1] FALSE
```

```
xor((3 + 2) == 5, (3 + 2) == 6)
```

```
## [1] TRUE
```

```
xor((3 + 3) == 5, (3 + 2) == 6)
```

```
## [1] FALSE
```

```
xor((3 + 3) == 5, (3 + 3) == 6)
```

```
## [1] TRUE
```

Il est recommandé que les virgules `,` soient suivies par un espace afin que le code soit plus agréable à lire.

5.2.4 Aide sur les opérateurs

Le fichier d'aide en anglais sur les opérateurs arithmétiques peut être obtenue avec la commande `?'+'` celui sur les opérateurs de comparaison avec la commande `?'=='` et celui sur les opérateurs logiques avec la commande `?'&'`.

5.3 La notion d'objet

Un aspect important de la programmation avec R, mais aussi de la programmation en général est la notion d'objet. Comme indiqué sur la page web de wikipedia (`https://fr.wikipedia.org/wiki/Objet_(informatique)`), en informatique, un objet est un *conteneur*, c'est à dire quelque chose qui va contenir de l'information. L'inforamtion contenue dans un objet peut être très diverse, mais pour le moment nous allons contenir dans un objet le chiffre 5. Pour ce faire (et pour pouvoir le réutiliser par la suite), il nous faut donner un nom à notre objet. Avec R le nom des objets ne doit pas comprendre de caractères spéciaux comme *^$?|+()[]}{*, ne doit pas commencer par un chiffre ni contenir d'espaces. Le nom de l'objet doit être représentatif de ce qu'il contient, tout en étant ni trop court ni trop long. Imaginons que notre chiffre 5 corresponde au nombre de répétitions d'une expérience. Nous voudrions lui donner un nom faisant référence à *nombre* et à *répétition*, que nous pourrions réduire à *nbr* et *rep*, respectivement. Il existe plusieurs possibilités qui sont toutes assez répandues sous R :

- la séparation au moyen du caractère *tiret bas* : `nbr_rep`
- la séparation au moyen du caractère *point* : `nbr.rep`
- l'utilisation de lettres minuscules : `nbrrep`
- le style *lowerCamelCase* consistant en un premier mot en minuscules et des suivants avec une majuscule : `nbrRep`
- le style *UpperCamelCase* consistant à mettre une majuscule au début de chacun des mots : `NbrRep`

Toutes ces formes de nommer un objet sont équivalentes. Dans ce livre nous utiliserons le style *lowerCamelCase*. De manière générale il faut éviter les noms trop longs comme `leNombreDeRepetitions` ou trop courts comme `nR`, et les noms ne permettant pas d'identifier le contenu comme `maVariable` ou `monChiffre`, mais aussi `a` ou `b`…

Il existe différentes façons de définir un nom pour les objets que nous allons créer avec R. Dans ce livre nous utilisons le style *lowerCamelCase*. L'important n'est pas le choix du style mais la consistence dans son choix. L'objectif est d'avoir un code fonctionnel mais également un code facile et agréable à lire.

Maintenant que nous avons choisi un nom pour notre objet, il faut le créer et faire comprendre à R que notre objet doit contenir le chiffre 5. Il existe trois façons de créer un objet sous R:

- avec le signe `<-`
- avec le signe `=`
- avec le signe `->`

```
nbrRep <- 5
nbrRep = 5
5 -> nbrRep
```

Dans ce livre nous utiliserons toujours la forme `<-` par souci de consistence et aussi parce que c'est la forme la plus répendue.

```
nbrRep <- 5
```

Nous venons de créer un objet `nbrRep` et de lui affecter la valeur 5. Cet objet est désormais disponible dans notre environnement de calcul et peut donc être utilisé. Voici quelques exemples :

```
nbrRep + 2
```

```
## [1] 7
```

```
nbrRep * 5 - 45/56
```

```
## [1] 24.19643
```

```
pi * nbrRep^2
```

```
## [1] 78.53982
```

La valeur associée à notre objet `nbrRep` peut être modifiée de la même manière que lors de sa création :

```
nbrRep <- 5
nbrRep + 2
```

```
## [1] 7
```

```
nbrRep <- 10
nbrRep + 2
```

```
## [1] 12
```

```
nbrRep <- 5 * 2 + 7/3
nbrRep + 2
```

```
## [1] 14.33333
```

L'utilisation des objets prend tout son sens lorsque nous avons des opérations complexes à réaliser et rend le code plus agréable à lire et à comprendre.

```
(5 + 9^2 - 1/18) / (32 * 45/8 + 3)
```

```
## [1] 0.4696418
```

```
terme01 <- 5 + 9^2 - 1/18
terme02 <- 32 * 45/8 + 3
terme01 / terme02
```

```
## [1] 0.4696418
```

5.4 Les scripts

R est un langage de programmation souvent dénommé *langage de script*. Cela fait référence au fait que la plupart des utilisateurs vont écrire des petits bouts de code plutôt que des programmes entiers. R peut être utilisé comme une simple calculatrice, et dans ce cas il ne sera pas nécessaire de conserver un historique des opérations qui ont été réalisées. Mais si les opérations à réliser sont longues et complexes, il peut devenir nécessaire de pouvoir sauvegarder ce qui a été fait à un moment donné pour pouvoir poursuivre plus tard. Le fichier dans lequel seront conservées les opérations consitue ce que l'on appelle communement le script. Un script est donc un fichier contenant une succession d'informations compréhensibles par R et qu'il est possible d'exécuter.

5.4.1 Créer un script et le documenter

Pour ouvrir un nouveau script il suffit de créer un fichier texte vide qui sera édité par un éditeur de texte comme le bloc note sous Windows ou Mac OS, ou encore Gedit ou même nano sous Linux. Par convention ce fichier prend l'extension ".r" ou plus souvent

".R". C'est cette dernière convention qui sera utilisée dans ce livre. Depuis l'interface graphique de R il est possible de créer un nouveux script sous Mac OS et Windows via *fichier* puis *nouveau script* et *enregistrer sous*. Tout comme le nom des objets, le nom du script est important pour que nous puissions facilement identifier son contenu. Par exemple nous pourrions créer un fichier `formRConceptsBase.R` contenant les objets que nous venons de créer et les calculs effectués. Mais même avec des noms de variables et un nom de fichier bien définis, il sera difficile de se rappeler le sens de ce fichier sans une documentation accompagnant le script. Pour documenter un script nous allons utiliser des *commentaires*. Les commentaires sont des éléments qui seront identifiés par R et qui ne seront pas exécutés. Pour spécifier à R que nous allons faire un commentaire, il faut utiliser le caractère octothorpe (croisillon) #. Les commentaires peuvent être insérés sur une nouvelle ligne ou en fin de ligne.

```
# creation objet nombre de repetitions
nbrRep <- 5 # commentaire de fin de ligne
```

Les commentaires peuvent aussi être utilisés pour qu'une ligne ne soit plus exécutée.

```
nbrRep <- 5
# nbrRep + 5
```

Pour en revenir à la documentation du script, il est recommandé de commencer chacun de ses scripts par une brève description de son contenu, puis lorsque le script devient long, de le structurer en différentes parties pour faciliter sa lecture.

```
# ------------------------------------------------------------
# Voici un script pour acquérir les concepts de base
# avec R
# date de création : 25/06/2018
# auteur : François Rebaudo
# ------------------------------------------------------------

# [1] création de l'objet nombre de répétitions
# ------------------------------------------------------------

nbrRep <- 5

# [2] calculs simples
# ------------------------------------------------------------

pi * nbrRep^2
```

```
## [1] 78.53982
```

Pour aller plus loin sur le style de code, un guide complet de recommandations est disponible en ligne (en anglais ; `http://style.tidyverse.org/`).

5.4.2 Exécuter un script

Depuis que nous avons un script, nous ne travaillons plus directement dans la console. Or seule la console est capable d'interpérter le code R et de nous renvoyer les résultats que nous souhaitons obtenir. Pour l'instant la technique la plus simple consiste à copier-coller les lignes que nous souhaitons exécuter depuis notre script vers la console. A partir de maintenant nous n'allons plus utiliser les éditeurs de texte comme le bloc note mais des éditeurs spécialisés pour la confection de scripts R. C'est l'objet du chapitre suivant.

5.5 Conclusion

Félicitations, nous avons atteint la fin de ce premier chapitre sur les éléments de base de R. Nous savons:

- Installer R
- Utiliser R comme une calculatrice
- Créez des **objets** et les utiliser pour les calculs arithmétiques, les comparaisons et les tests logiques
- Choisir des noms pertinents pour les objets
- Créer de nouveaux **scripts**
- Choisir un nom pertinent pour les fichiers de script
- Exécuter le code d'un script
- Documenter les scripts avec des **commentaires**
- Utiliser un style de code pour le rendre agréable à lire et facile à comprendre

Chapter 6

Choisir un environnement de développement

6.1 Editeurs de texte et environnement de développement

Il existe de très nombreux éditeurs de texte, le chapitre précédent a permit d'en introduire quelque uns parmis les plus simples comme le bloc note de Windows. Rapidement les limites de ces éditeurs ont rendu la tâche d'écrire un script fastidieuse. En effet, même en structurant son script avec des commentaires, il reste difficile de se répérer dans celui-ci. C'est là qu'interviennent les éditeurs de texte spécialisés qui vont permettre une écriture et une lecture agréable et simplifiée. L'éditeur de texte pour R certainement le plus répandu est Rstudio, mais il en existe bien d'autres. Faire une liste exhaustive de toutes les solutions disponibles sort du cadre de ce livre, ainsi nous nous focaliserons sur les trois solutions que j'utilise au quotidien que sont **Notepad++**, **Rstudio**, et **Geany**.

6.2 RStudio

6.2.1 Installer RStudio

Le programme pour installer Rstudio se retrouve dans la partie *Products* du site web de Rstudio (`https://www.rstudio.com/`). Nous allons installer RStudio pour un usage local (sur notre ordinateur), donc la version qui nous intéresse est *Desktop*. Nous allons utiliser la version *Open Source* qui est gratuite. Ensuite il nous suffit de sélectionner la version qui correspond à notre système d'exploitation, de télécharger le fichier correspondant et de l'exécuter pour lancer l'installation. Nous pouvons conserver les options par défaut tout au long de l'installation.

6.2.2 Un script avec RStudio

Nous pouvons alors ouvrir RStudio. Lors de la première ouverture, l'interface est divisée en deux avec à gauche la console R que nous avons vu au chapitre précédent (Figure 6.2). Pour ouvrir un nouveau script, nous allons dans le menu *File*, *New File*, *R script*. Par défaut ce fichier a comme nom *Untitled1*. Nous avons vu au chapitre précédent l'importance de donner un nom pertinent à nos scripts, c'est pourquoi nous allons le renommer *selecEnvDev.R*, dans le menu *File*, avec l'option *Save As*…. Nous

Figure 6.1: Logo RStudio.

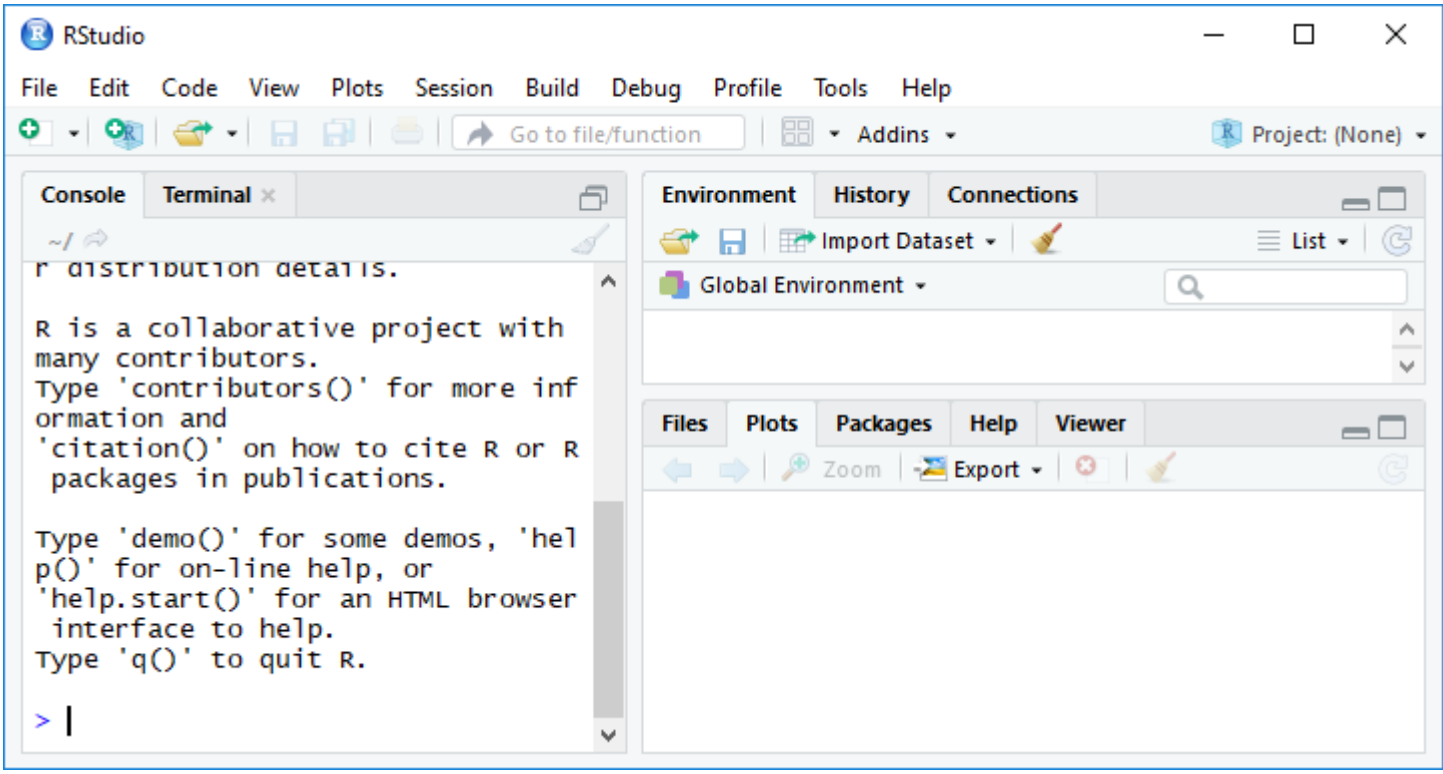


Figure 6.2: Capture d'écran de RStudio sous Windows : fenêtre par défaut.

avons pu noter que la partie gauche de RStudio est désormais séparée en deux, avec en bas de l'écran la console et en haut de l'écran le script.

Nous pouvons alors commencer l'écriture de notre script avec les commentaires décrivant ce que nous allons y trouver, et y ajouter un calcul simple. Une fois que nous avons recopié le code suivant, nous pouvons sauver notre script avec la commande `CTRL + S` ou en se rendant dans *File*, puis *Save*.

```
# ------------------------------------------------------------
# Un script pour choisir son IDE
# créé le 27/06/2018
# modifié le 06/11/2018
# François Rebaudo
# ------------------------------------------------------------

# [1] calcul simple
# ------------------------------------------------------------
nbrRep <- 5
pi * nbrRep^2
```

```
## [1] 78.53982
```

Pour exécuter notre script, il suffit de sélectionner les lignes que nous souhaitons exécuter et d'utiliser la combinaison de touches `CTRL + ENTER`. Le résultat apparaît dans la console (Figure 6.3).

Nous pouvons voir que par défaut dans la partie du script les commentaires apparaissent en vert, les chiffres en bleu, et le reste du code en noir. Dans la partie de la console ce qui a été exécuté apparaît en bleu et les résultats de l'exécution en noir. Nous pouvons également noter que dans la partie du code chaque ligne comporte un numéro correspondant au numéro de ligne à gauche sur fond gris. Il s'agit de la coloration syntaxique par défaut avec RStudio. Cette coloration syntaxique peut être modifiée

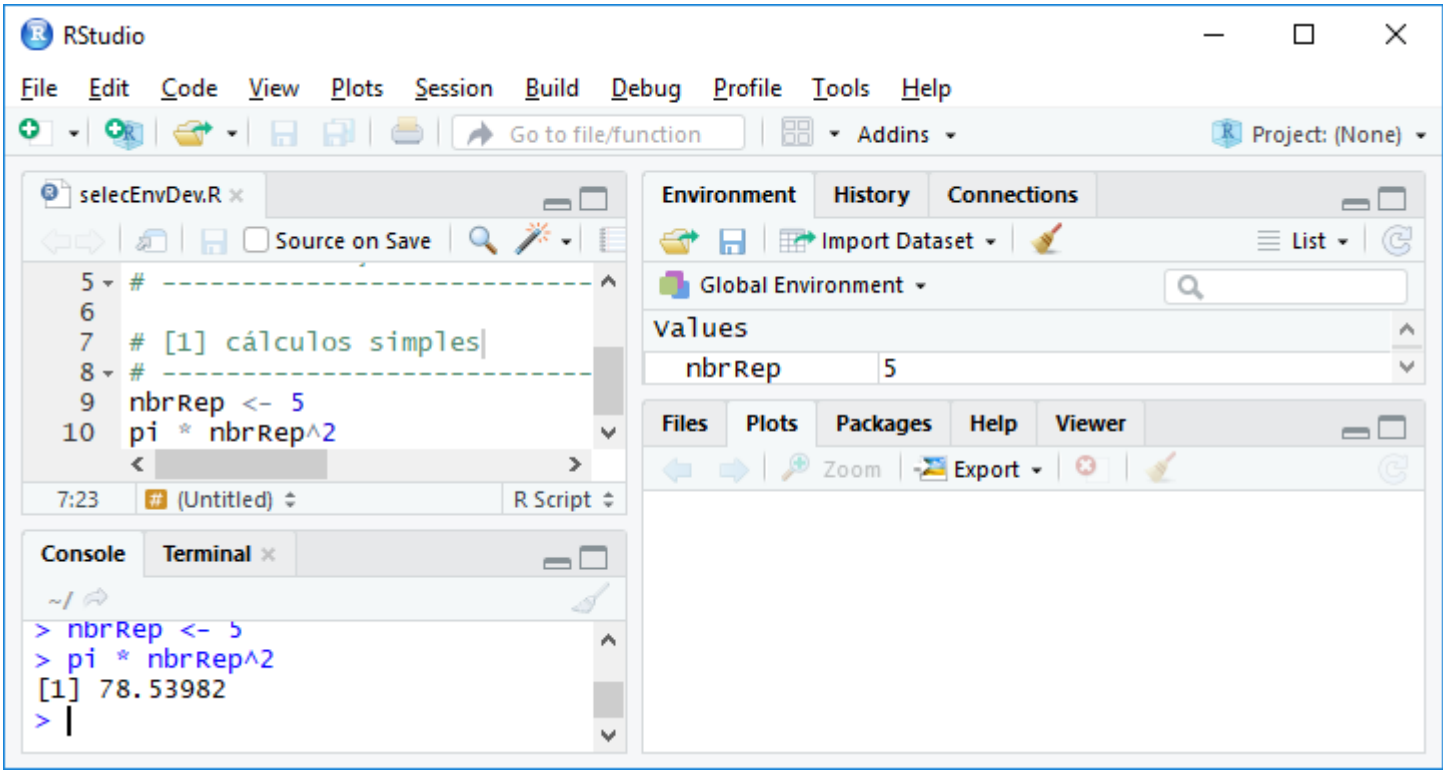


Figure 6.3: Capture d'écran de RStudio sous Windows : exécuter un script avec CTRL + ENTER.

en se rendant dans le menu *Tools*, *Global Options*…, *Appearance*, puis en choisissant un autre thème dans la liste *Editor theme:*. Nous allons choisir le thème *Cobalt*, puis *OK* (Figure 6.4).

Nous savons comment créer un nouveau script, le sauvegarder, exécuter son contenu, et changer l'apparence de RStudio. Nous verrons les nombreux autres avantages de RStudio tout au long de ce livre car c'est l'environnement de développement qui sera utilisé. Nous serons néanmois particulièrement vigilents à ce que tous les scripts développés tout au long de ce livre s'exécute de la même façon quel que soit l'environnement de développement utilisé.

6.3 Notepad++ avec Npp2R

6.3.1 Installer Notepad++ (pour Windows uniquement)

Le programme pour installer Notepad++ se trouve dans l'onglet *Downloads* (`https://notepad-plus-plus.org/download/`). Vous pouvez choisir entre la version 32-bit et 64-bit (64-bit si vous ne savez pas quelle version choisir). Notepad++ seul est suffisant pour écrire un script, mais il est encore plus puissant avec *Notepad to R* (*Npp2R*) qui permet d'exécuter automatiquement nos script dans une console en local sur notre ordinateur ou à distance sur un serveur.

6.3.2 Installer Npp2R

Le programme pour installer Npp2R est hébergé sur le site de Sourceforge (`https://sourceforge.net/projects/npptor/`). Npp2R doit être installé après Notepad++.

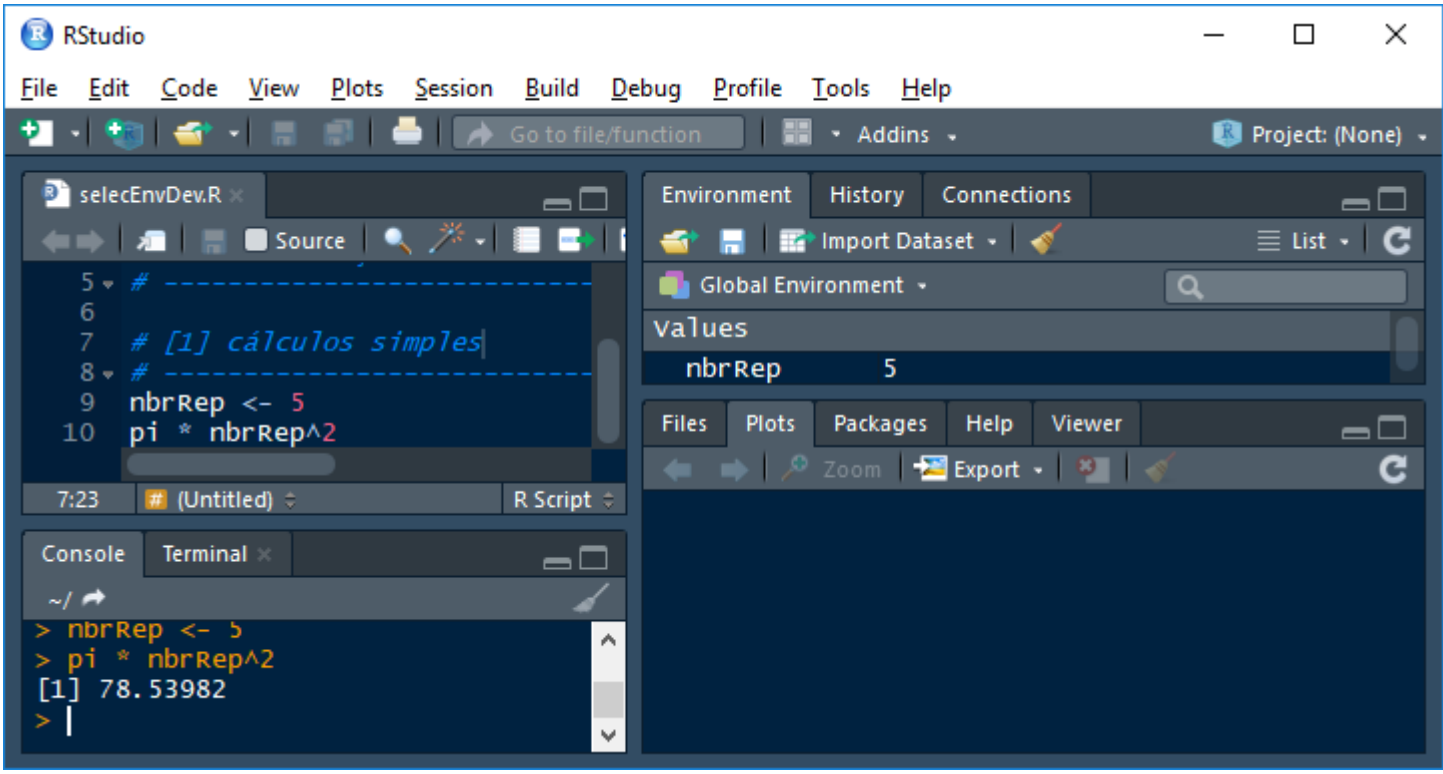


Figure 6.4: Capture d'écran de RStudio sous Windows : changer les paramètres de coloration syntaxique.

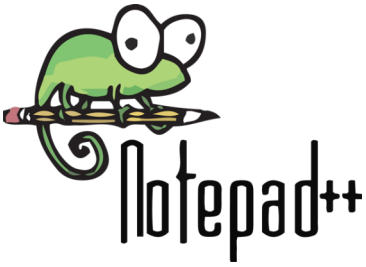


Figure 6.5: Logo Notepad++

6.3.3 Un script avec Notepad++

Lors de la première ouverture Notepad++ affiche un fichier vide *new 1* (Figura 6.6).

Puisque nous avons déjà créer un script pour le tester avec RStudio, nous allons l'ouvrir à nouveau avec Notepad++. Dans *Fichier*, selectionnons *Ouvrir…* puis choisir le script *selecEnvDev.R* créé précédemment. Une fois le script ouvert, allons dans *Langage*, puis *R*, et encore une fois *R*. La coloration syntaxique apparaît (Figura 6.7).

L'execution du script ne peut se faire que si Npp2R est en cours d'exécution. Pour se faire il est nécessaire de lancer le programme Npp2R depuis l'invite de Windows. Un icône devrait apparaître en bas de votre écran. L'exécution automatique du code depuis Notepad++ se fait en sélectionnant le code à exécuter puis en utilisant la commande F8. Si la commande ne fonctionne pas et que vous venez d'installer Notepad++, il est peut être nécessaire de redémarrer votre ordinateur. Si la commande fonctionne, une nouvelle fenêtre va s'ouvrir avec une consol exécutant les lignes souhaitées (Figura 6.8.

Comme pour RStudio, la coloration syntaxique peut être modifiée depuis le menu *Paramètres*, et un nouveau thème peut être sélectionné (par exemple *Solarized* dans la Figura 6.9)

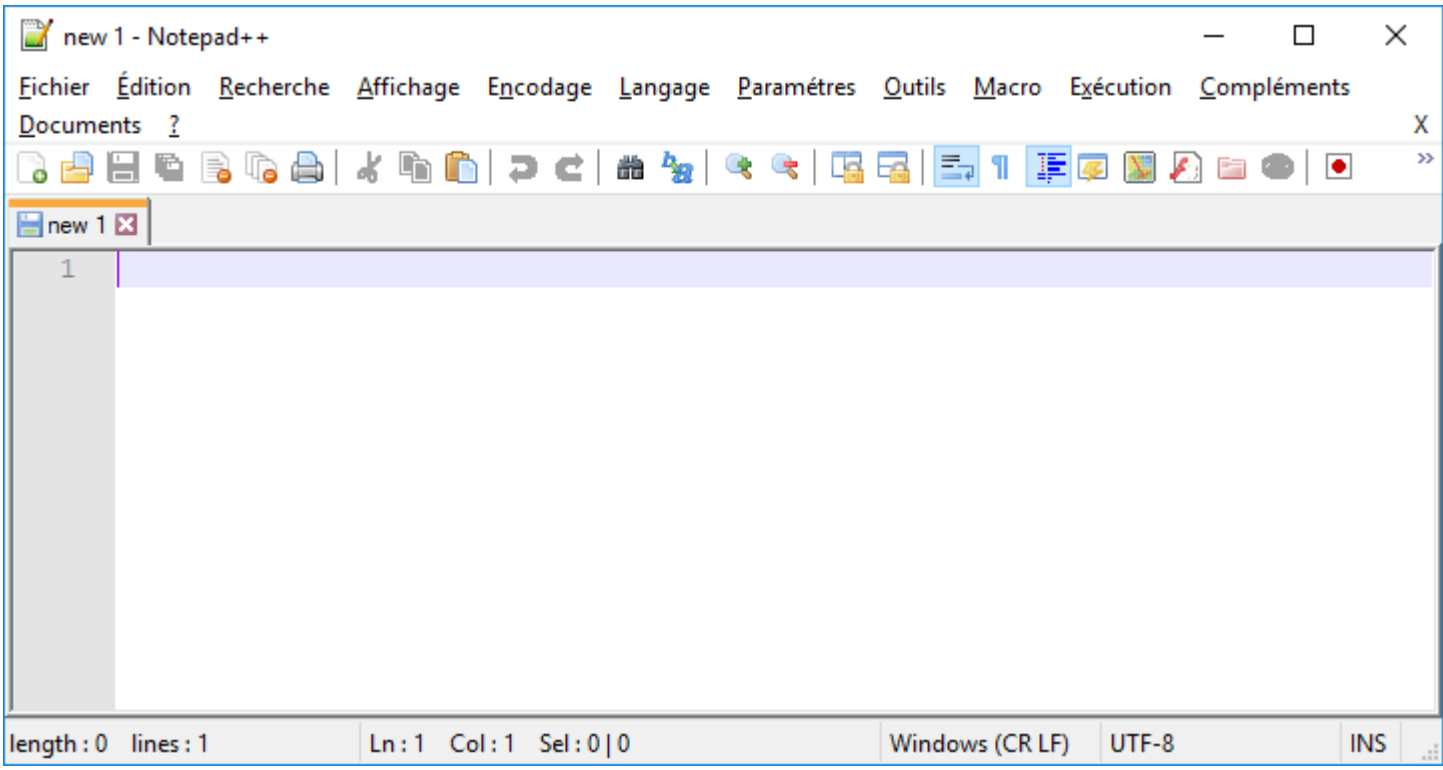


Figure 6.6: Capture d'écran de Notepad++ sous Windows : fenêtre par défaut.

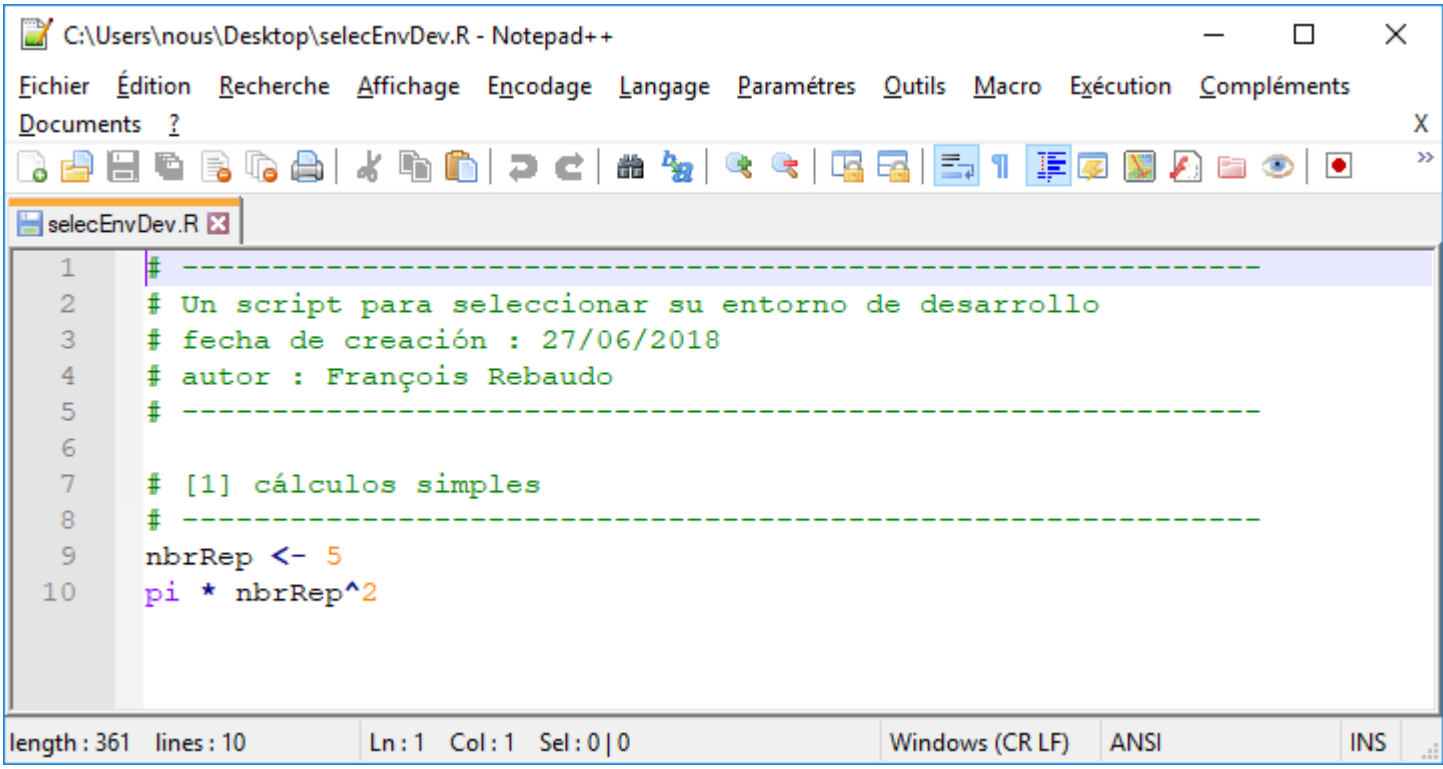


Figure 6.7: Capture d'écran de Notepad++ sous Windows : exécuter un script avec F8.

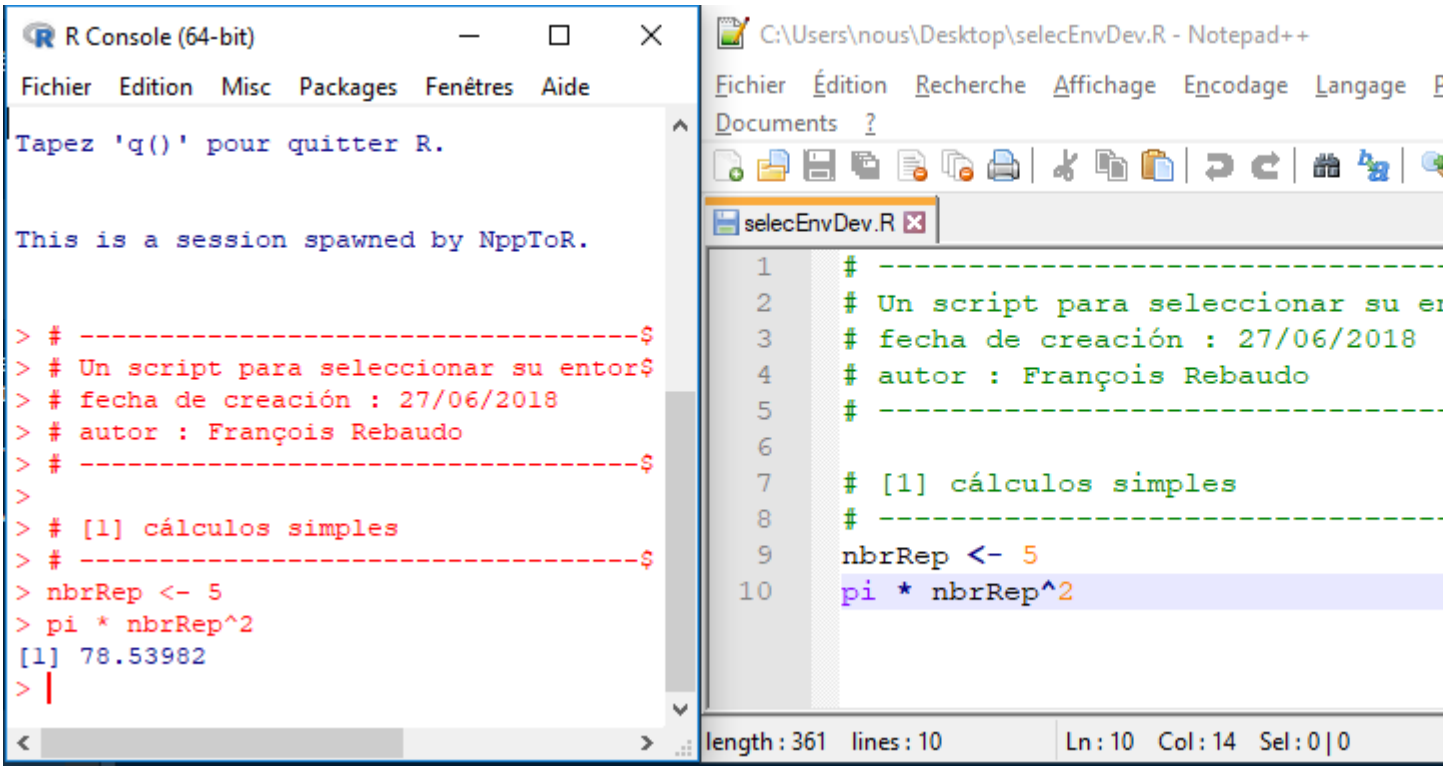


Figure 6.8: Capture d'écran de Notepad++ sous Windows : la console avec F8.

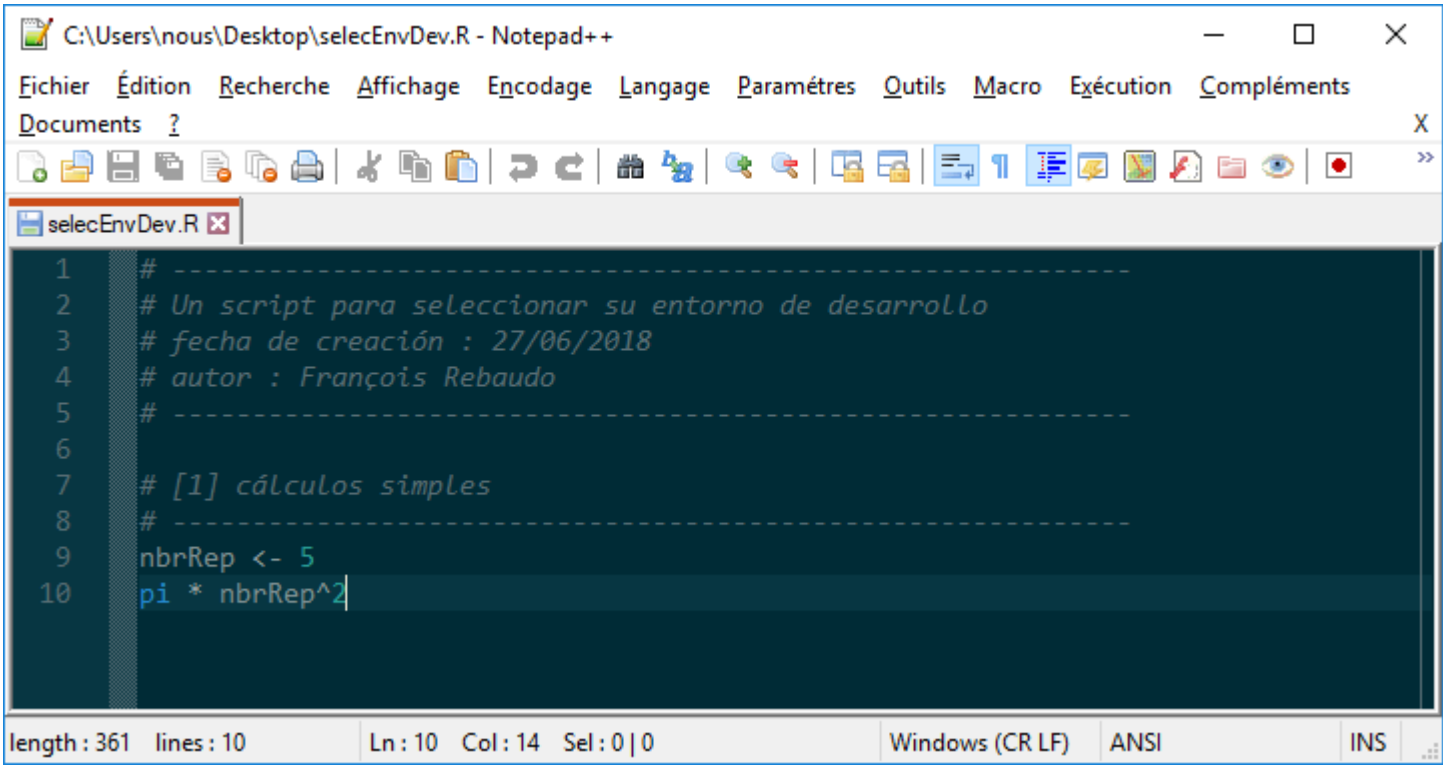


Figure 6.9: Capture d'écran de Notepad++ sous Windows : coloration syntaxique avec le thème Solarized.

Figure 6.10: Logo Geany

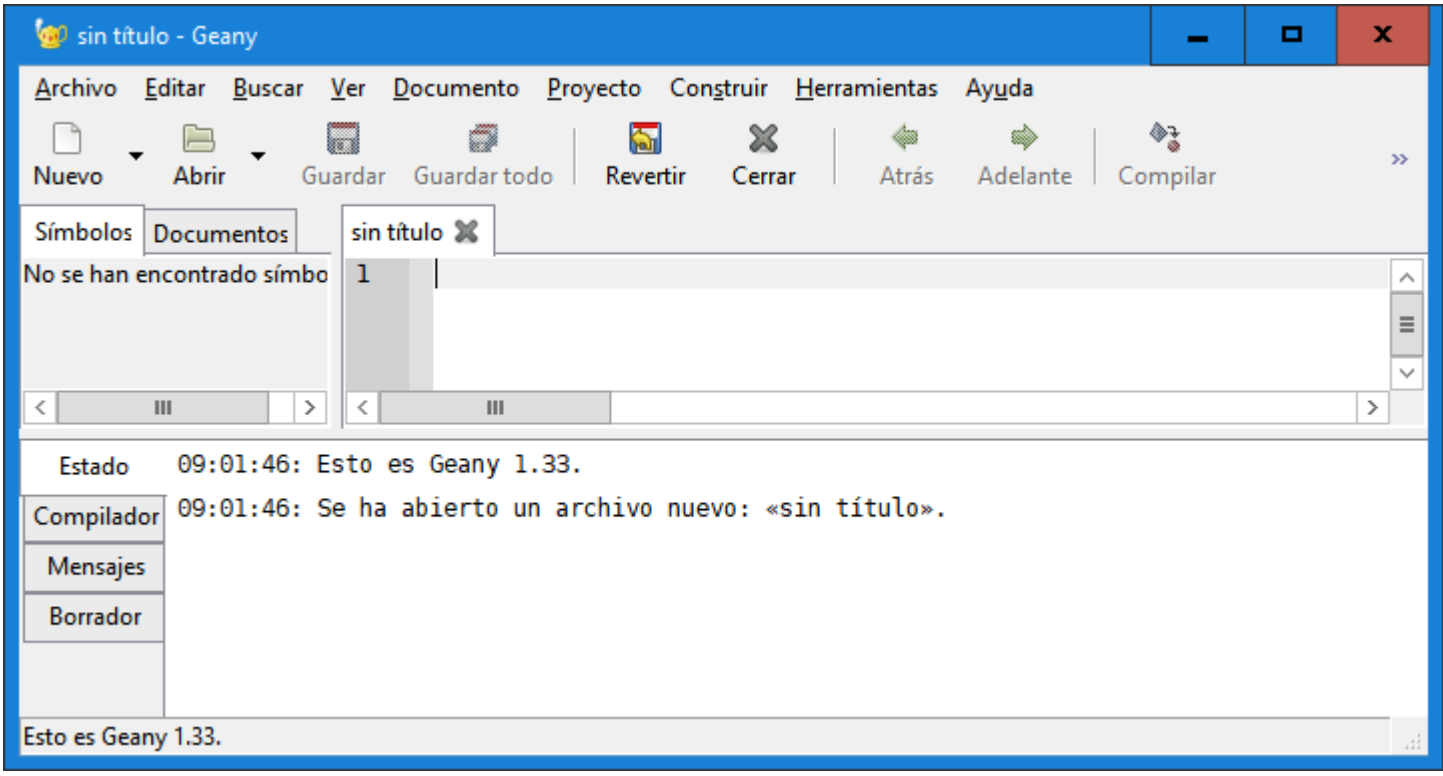


Figure 6.11: Capture d'écran de Geany sous Windows : fenêtre par défaut.

Par rapport aux autres éditeurs de texte, Notepad++ a l'avantage d'être très léger et offre une vaste gamme d'options pour personnaliser l'écriture du code.

6.4 Geany (pour Linux, Mac OSX et Windows)

6.4.1 Installer Geany

Le programme pour l'installation de Geany se trouve sous l'onglet *Downloads* dans le menu de gauche *Releases* de la page web (`https://www.geany.org/`). Ensuite il suffit de télécharger l'exécutable pour Windows ou le dmg pour Mac OSX. Les utilisateurs de Linux préfèrerons un `sudo apt-get install geany`.

6.4.2 Un script avec Geany

Lors de la première ouverture, comme pour RStudio et Notepad++, un fichier vide est créé (Figure 6.11).

Nous pouvons ouvrir notre script avec *Fichier*, *Ouvrir* (Figure 6.12).

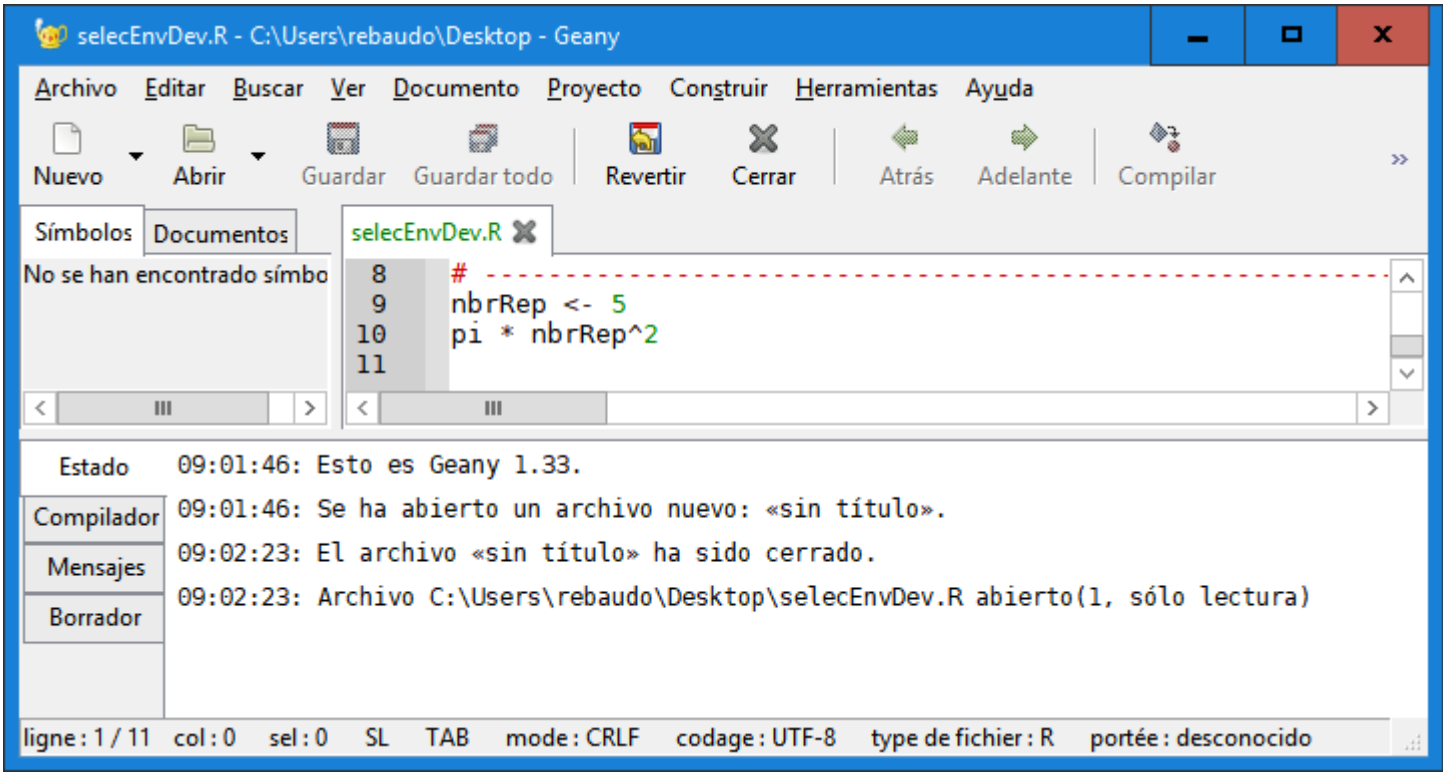


Figure 6.12: Capture d'écran de Geany sous Windows : ouvrir un script.

Pour exécuter notre script, la version de Geany pour Windows ne dispose pas d'un terminal intégré, ce qui rend son utilisation limitée sous ce système d'exploitation. L'exécution d'un script peut se faire en ouvrant R dans une fenêtre à part et en copiant et collant les lignes à exécuter. Sous Linux et Mac OSX, il suffit d'ouvrir R dans le terminal situé dans la partie basse de la fenêtre de Geany avec la commande `R`. Nous pouvons ensuite paramétré Geany pour qu'une combinaison de touches permette d'exécuter le code selectionné (par exemple `CTRL + R`). Pour cela il faut tout d'abord autoriser l'envoi de sélection vers le terminal (`send_selection_unsafe=true`) dans le fichier `geany.conf` puis choisir la commande d'envoi vers le terminal (dans *Editar*, *Preferencias*, *Combinaciones*). Pour changer le thème de Geany, il existe une collection de thèmes accessibles sur GitHub (`https://github.com/geany/geany-themes/`). Le thème peut ensuite être changé via le menu *Ver*, *Cambiar esquema de color*… (un exemple avec le thème *Solarized*, Figure 6.13).

6.5 Autres solutions

Il existe beaucoup d'autres solutions, certaines spécialisées pour R comme **Tinn-R** (`https://sourceforge.net/projects/tinn-r/`), et d'autres plus généralistes pour la programmation comme **Atom** (`https://atom.io/`), **Sublime Text** (`https://www.sublimetext.com/`), **Vim** (`https://www.vim.org/`), **Gedit** (`https://wiki.gnome.org/Apps/Gedit`), **GNU Emacs** (`https://www.gnu.org/software/emacs/`), **Jupyter** (`http://jupyter.org`) ou encore **Brackets** (`http://brackets.io/`) et **Eclipse** (`http://www.eclipse.org/`).

6.6 Conclusion

Felicitations, nous sommes arrivés au bout de ce chapitre sur environnements de développement pour utiliser R. Nous savons désormais :

- Installer RStudio, Geany ou Notepad++

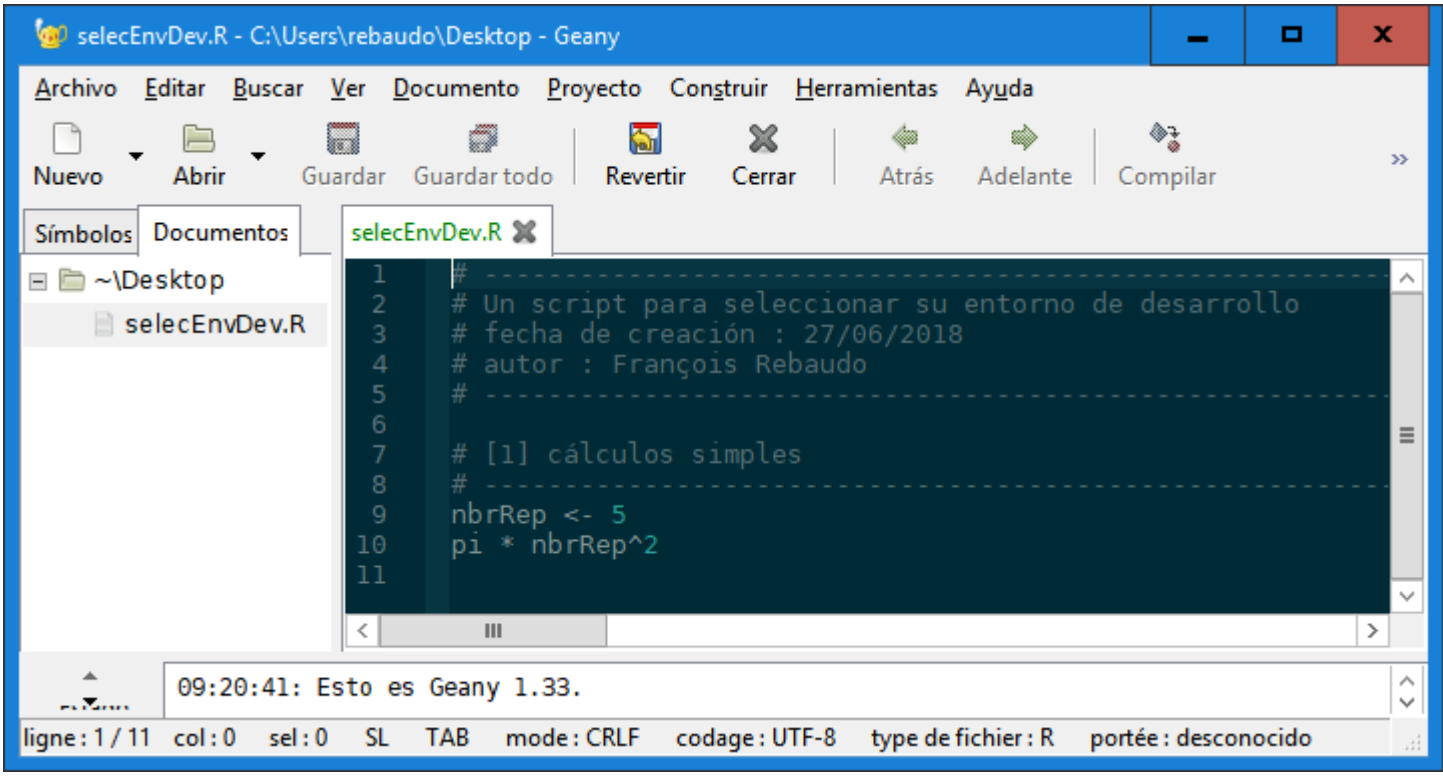


Figure 6.13: Capture d'écran de Geany sous Windows : changer les paramètres de coloration syntaxique.

- Reconnaître et choisir notre environnement préféré

A partir d'ici nous allons pouvoir nous concentrer sur le language de programmation R dans un environnement facilitant le travail de lecture et d'écriture du code. C'est un grand pas en avant pour maîtriser R.

Chapter 7

Les types de données

Nous avons vu précédement comment créer un objet. Un objet est comme une boîte dans laquelle nous allons *stocker* de l'information. Jusqu'à présent nous n'avons stocké que des nombres mais dans ce chapitre nous allons voir qu'il est possible de stocker d'autres informations et nous allons nous attarder sur les types les plus courants. Dans ce chapitre nous allons utiliser des **fonctions** sur lesquelles nous reviendrons plus tard.

7.1 Le type `numeric`

Le type `numeric` correspond à ce que nous avons fait jusqu'à présent, stocker des nombres. Il existe deux principaux types de nombres avec R: les nombres entiers (*integers*), et les nombres à virgule (*double*). Par défaut R considère tous les nombres comme des nombres à virgule et attribue le type `double`. Pour vérifier le type de données nous allons utiliser la fonction `typeof()` qui prend comme argument un objet (ou directement l'information que nous souhaitons tester). Nous pouvons également utiliser la fonction `is.double()` qui va renvoyer `TRUE` si le nombre est au format `double` et `FALSE` dans le cas contraire. La fonction générique `is.numeric()` va quant à elle renvoyer `TRUE` si l'objet est au format `numeric` et `FALSE` dans le cas contraire.

```
nbrRep <- 5
typeof(nbrRep)
```

```
## [1] "double"
```

```
typeof(5.32)
```

```
## [1] "double"
```

```
is.numeric(5)
```

```
## [1] TRUE
```

```
is.double(5)
```

```
## [1] TRUE
```

Si nous voulons spécifier à R que nous allons travailler avec un nombre entier, alors il nous faut transformer notre nombre à virgule en nombre entier avec la fonction `as.integer()`. Nous pouvons également utiliser la fonction `is.integer()` qui va renvoyer `TRUE` si le nombre est au format `integer` et `FALSE` dans le cas contraire.

```
nbrRep <- as.integer(5)
typeof(nbrRep)
```

```
## [1] "integer"
```

```
typeof(5.32)
```

```
## [1] "double"
```

```
typeof(as.integer(5.32))
```

```
## [1] "integer"
```

```
as.integer(5.32)
```

```
## [1] 5
```

```
as.integer(5.99)
```

```
## [1] 5
```

```
is.numeric(nbrRep)
```

```
## [1] TRUE
```

Nous voyons ici que transformer un nombre comme `5.99` au format `integer` va renvoyer uniquement la partie entière, soit `5`.

```
is.integer(5)
```

```
## [1] FALSE
```

```
is.numeric(5)
```

```
## [1] TRUE
```

```
is.integer(as.integer(5))
```

```
## [1] TRUE
```

```
is.numeric(as.integer(5))
```

```
## [1] TRUE
```

La somme d'un nombre entier et d'un nombre à virgule renvoie un nombre à virgule.

```
sumIntDou <- as.integer(5) + 5.2
typeof(sumIntDou)
```

```
## [1] "double"
```

```
sumIntInt <- as.integer(5) + as.integer(5)
typeof(sumIntInt)
```

```
## [1] "integer"
```

Pour résumer, le type `numeric` contient deux sous-types, les types `integer` pour les nombres entiers et le type `double` pour les nombres à virgule. Par défaut R attribue le type `double` aux nombres.

Deux nombres particuliers doivent être considérés. `Inf` est un nombre de type `double`. Il désigne un nombre infini. Par exemple, `1/0` retourne `Inf` et aucun nombre ne peut être plus grand que `Inf`. `NaN` est une valeur qui signifie `Not a Number` : par exemple `0/0` retourne `NaN`. Cela peut être testé par `is.nan(0/0)`. Attention à ne pas confondre avec NA qui désigne une donnée absente (voir plus loin).

Attention, il y a un piège à l'utilisation de la fonction `is.integer()`. Elle ne nous dit pas si le nombre est un entier mais si il est du type `integer`. En effet, on peut très bien stocker un nombre entier dans une variable de type `double`.

Les nombres stockés dans une variable `integer` sont codés sur 32 bits et donc peuvent prendre des valeurs comprises entre 0 et 2^32-1=4294967295. Il existe une autre façon d'indiquer à R qu'un nombre est un entier, en utilisant le suffixe L. Par exemple, 5L est la même chose que `as.integer(5)`. L'origine de ce suffixe L date d'une époque où les ordinateurs utilisaient des mots de 16 bits et 32 bits étaient bien un type `Long`. Maintenant les ordinateurs utilisent des mots de 64 bits et 32 bits est plutôt court !

On ne peut pas quitter cette section sans mentionner les fonctions `ceiling()`, `floor()`, `trunc()` ou `round()` qui retournent la partie entière d'un nombre mais le laisse au type `double`. Pour en savoir plus, nous pouvons utiliser l'aide de R avec `?round`.

```
roundDou <- round(5.2)
typeof(roundDou)
```

```
## [1] "double"
```

7.2 Le type `character`

Le type `character` correspond au texte. En effet, R permet de travailler avec du texte. pour spécifier à R que l'information contenue dans un objet est au format texte (ou de manière générale pour tous les textes), il faut utiliser les guillemets doubles (`"`), ou simples (`'`).

```
myText <- "azerty"
myText2 <- 'azerty'
myText3 <- 'azerty uiop qsdfg hjklm'
typeof(myText3)
```

```
## [1] "character"
```

Les guillemets doubles ou simples sont utiles si l'on souhaite mettre des guillemets dans notre texte. Nous pouvons également *échapper* un caractère spécial comme un guillemet grâce au signe backslash `\`.

```
myText <- "a 'ze' 'rt' y"
myText2 <- 'a "zert" y'
myText3 <- 'azerty uiop qsdfg hjklm'
myText4 <- "qwerty \" azerty "
myText5 <- "qwerty \\ azerty "
```

Par défaut lorsque nous créons un objet, son contenu n'est pas renvoyé par la console. Sur Internet ou dans de nombreux ouvrages nous pouvons retrouver le nom de l'objet sur une ligne pour renvoyer son contenu:

```
myText <- "a 'ze' 'rt' y"
myText
```

```
## [1] "a 'ze' 'rt' y"
```

Dans ce livre nous n'utiliserons jamais cette façon de faire et préfèrerons l'utilisation de la fonction `print()`, qui permet d'afficher dans la console le contenu d'un objet. Le résultat est le même mais le code est alors plus facile à lire et plus explicite sur ce qui est fait.

```
myText <- "a 'ze' 'rt' y"
print(myText)
```

```
## [1] "a 'ze' 'rt' y"
```

```
nbrRep <- 5
print(nbrRep)
```

```
## [1] 5
```

Nous pouvons également mettre des chiffres au format texte, mais il ne faut pas oublier de mettre des guillemets pour spécifier le type `character` ou utiliser la fonction `as.character()`. Une opération entre du texte et un nombre renvoie une erreur. Par exemple si l'on ajoute 10 à `"5"`, R nous signale qu'un **argument** de la **fonction** + n'est pas de type `numeric` et que donc l'opération n'est pas possible. Nous ne pouvons pas non plus ajouter du texte à du texte, mais verrons plus tard comment *concaténer* deux *chaines de texte*.

```
myText <- "qwerty"
typeof(myText)
```

```
## [1] "character"
```

```
myText2 <- 5
typeof(myText2)
```

```
## [1] "double"
```

```
myText3 <- "5"
typeof(myText3)
```

```
## [1] "character"
```

```
myText2 + 10
```

```
## [1] 15
```

```
as.character(5)
```

```
## [1] "5"
```

```
# myText3 + 10 # Error in myText3 + 10 : non-numeric argument to binary operator
# "a" + "b" # Error in "a" + "b" : non-numeric argument to binary operator
```

Pour résumer, le type `character` permet la saisie de texte, nous pouvons le reconnaître grâce aux guillemets simples ou doubles.

7.3 Le type `factor`

Le type `factor` correspond aux facteurs. Les facteurs sont un choix parmi une liste finie de possibilités. Par exemple les pays sont des facteurs car il y a une liste finie de pays dans le monde à un temps donné. Un facteur peut être défini avec la fonction `factor()` ou transformé en utilisant la fonction `as.factor()`. Comme pour les autres types de donnée nous pouvons utiliser la fonction `is.factor()` pour vérifier le type de donnée. Pour avoir la liste de toutes les possibilités, il existe la fonction `levels()` (cette fonction prendra plus de sens quand nous aurons abordé les types de conteneur de l'information).

```
factor01 <- factor("aaa")
print(factor01)
```

```
## [1] aaa
## Levels: aaa
```

```
typeof(factor01)
```

```
## [1] "integer"
```

```
is.factor(factor01)
```

```
## [1] TRUE
```

```
levels(factor01)
```

```
## [1] "aaa"
```

Un facteur peut être transformé en texte avec la fonction `as.character()` mais également en nombre avec `as.numeric()`. Lors de la transformation en nombre chaque facteur prend la valeur de sa position dans la liste des possibilités. Dans notre cas il n'y a qu'une seule possibilité donc la fonction `as.numeric()` va renvoyer 1:

```
factor01 <- factor("aaa")
as.character(factor01)
```

```
## [1] "aaa"
```

```
as.numeric(factor01)
```

```
## [1] 1
```

7.4 Le type `logical`

Le type `logical` correspond aux valeurs `TRUE` et `FALSE` (et `NA`) que nous avons déjà vu avec les opérateurs de comparaison.

```
aLogic <- TRUE
print(aLogic)
```

```
## [1] TRUE
```

```
typeof(aLogic)
```

```
## [1] "logical"
```

```
is.logical(aLogic)
```

```
## [1] TRUE
```

```
aLogic + 1
```

```
## [1] 2
```

```
as.numeric(aLogic)
```

```
## [1] 1
```

```
as.character(aLogic)
```

```
## [1] "TRUE"
```

7.5 A propos de NA

La valeur NA peut être utilisée pour spécifier l'absence de données ou les données manquantes. Par défaut NA est de type logical mais il peut être utilisé pour du texte, ou des nombres.

```
print(NA)
```

```
## [1] NA
```

```
typeof(NA)
```

```
## [1] "logical"
```

```
typeof(as.integer(NA))
```

```
## [1] "integer"
```

```
typeof(as.character(NA))
```

```
## [1] "character"
```

```
NA == TRUE
```

```
## [1] NA
```

```
NA == FALSE
```

```
## [1] NA
```

```
NA > 1
```

```
## [1] NA
```

```
NA + 1
```

```
## [1] NA
```

7.6 Conclusion

Felicitations, nous sommes arrivés au bout de ce chapitre sur les type de données. Nous savons désormais :

- Reconnaître et faire des objets dans les principaux types de données
- Transformer les types de données d'un type à un autre

Ce chapitre un peu fastidieux est la base pour aborder le prochain chapitre sur les conteneurs des données.

Chapter 8

Les conteneurs de données

Jusqu'à présent nous avons fait des objets simples ne contenant qu'une seule valeur. Nous avons néanmoins pu voir qu'un objet avait différents attributs, comme sa valeur, mais aussi le type de donnée contenue. maintenant nous allons voir qu'il existe différents types de conteneurs permettant de stocker plusieurs données.

8.1 Le conteneur `vector`

Dans R, un `vector` est une combinaison de données avec la particularité que toutes les données contenues dans un `vector` sont du même type. Nous pouvons donc stocker plusieurs `numeric` ou `character` dans un `vector`, mais pas les deux. Le conteneur `vector` est important car c'est l'élément de base de R.

8.1.1 Créer un `vector`

Pour créer un `vector` nous allons utiliser la fonction `c()` qui permet de combiner des éléments en un `vector`. Les éléments à combiner doivent être séparés par des virgules.

```
miVec01 <- c(1, 2, 3, 4) # un vecteur de 4 éléments de type numeric ; double
print(miVec01)
```

```
## [1] 1 2 3 4
```

```
typeof(miVec01)
```

```
## [1] "double"
```

```
is.vector(miVec01)
```

```
## [1] TRUE
```

La fonction `is.vector()` permet de vérifier le type de conteneur.

```
miVec02 <- c("a", "b", "c")
print(miVec02)
```

```
## [1] "a" "b" "c"
```

```r
typeof(miVec02)
```

```
## [1] "character"
```

```r
is.vector(miVec02)
```

```
## [1] TRUE
```

```r
miVec03 <- c(TRUE, FALSE, FALSE, TRUE)
print(miVec03)
```

```
## [1]  TRUE FALSE FALSE  TRUE
```

```r
typeof(miVec03)
```

```
## [1] "logical"
```

```r
is.vector(miVec03)
```

```
## [1] TRUE
```

```r
miVecNA <- c(1, NA, 3, NA, 5)
print(miVecNA)
```

```
## [1]  1 NA  3 NA  5
```

```r
typeof(miVecNA)
```

```
## [1] "double"
```

```r
is.vector(miVecNA)
```

```
## [1] TRUE
```

```r
miVec04 <- c(1, "a")
print(miVec04)
```

```
## [1] "1" "a"
```

```r
typeof(miVec04)
```

```
## [1] "character"
```

```r
is.vector(miVec04)
```

```
## [1] TRUE
```

Si l'on combine différents types de données, par défaut R va chercher à transformer les éléments en un seul type. Si comme ici dans l'objet `miVec03` nous avons des `character` et des `numeric`, R va transformer tous les éléments en `character`.

```
miVec05 <- c(factor("abc"), "def")
print(miVec05)
```

```
## [1] "1"   "def"
```

```
typeof(miVec05)
```

```
## [1] "character"
```

```
miVec06 <- c(TRUE, "def")
print(miVec06)
```

```
## [1] "TRUE" "def"
```

```
typeof(miVec06)
```

```
## [1] "character"
```

```
miVec07 <- c(factor("abc"), 55)
print(miVec07)
```

```
## [1]  1 55
```

```
typeof(miVec07)
```

```
## [1] "double"
```

```
miVec08 <- c(TRUE, 55)
print(miVec08)
```

```
## [1]  1 55
```

```
typeof(miVec08)
```

```
## [1] "double"
```

Nous pouvons aussi combiner des objets existants au sein d'un `vector`.

```
miVec09 <- c(miVec02, "d", "e", "f")
print(miVec09)
```

```
## [1] "a" "b" "c" "d" "e" "f"
```

```
miVec10 <- c("aaa", "aa", miVec09, "d", "e", "f")
print(miVec10)
```

```
##  [1] "aaa" "aa"  "a"   "b"   "c"   "d"   "e"   "f"   "d"   "e"   "f"
```

```
miVec11 <- c(789, miVec01 , 564)
print(miVec11)
```

```
## [1] 789   1   2   3   4 564
```

8.1.2 Opérations sur un `vector`

Nous pouvons également effectuer des opération sur un `vector`.

```
print(miVec01)
```

```
## [1] 1 2 3 4
```

```
miVec01 + 1
```

```
## [1] 2 3 4 5
```

```
miVec01 - 1
```

```
## [1] 0 1 2 3
```

```
miVec01 * 2
```

```
## [1] 2 4 6 8
```

```
miVec01 /10
```

```
## [1] 0.1 0.2 0.3 0.4
```

Les opérations d'un `vector` sur un autre sont aussi possibles, mais il faut veiller à ce que le nombre d'éléments d'un `vector` soit le même que l'autre, sinon R va effectuer le calcul en repartant du début. Voici un exemple pour illustrer ce que R fait:

```
miVec12 <- c(1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1)
print(miVec12)
```

```
## [1] 1 1 1 1 1 1 1 1 1
```

```
miVec13 <- c(10, 20, 30)
print(miVec13)
```

```
## [1] 10 20 30
```

```
miVec12 + miVec13 # vecteurs de tailles différentes : attention au résultat
```

```
## [1] 11 21 31 11 21 31 11 21 31
```

```
miVec14 <- c(10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90)
print(miVec14)
```

```
## [1] 10 20 30 40 50 60 70 80 90
```

```
miVec12 + miVec14 # les vecteurs sont de la même longueur
```

```
## [1] 11 21 31 41 51 61 71 81 91
```

```
miVec15 <- c(1, 1, 1, 1)
print(miVec15)
```

```
## [1] 1 1 1 1
```

```
miVec15 + miVec13 # vecteurs de tailles différentes et non multiples
```

```
## Warning in miVec15 + miVec13: la taille d'un objet plus long n'est pas
## multiple de la taille d'un objet plus court
```

```
## [1] 11 21 31 11
```

8.1.3 Accèder aux valeurs d'un `vector`

Il souvent nécessaire de pouvoir accèder aux valeurs d'un `vector`, c'est à dire de récupérer une valeur ou un groupe de valeurs au sein d'un `vector`. Pour à un élément dans un `vector` nous utilisons les crochets `[]`. Entre les crochets, nous pouvons utiliser un numéro correspondant au numéro de l'élément dans le `vector`.

```
miVec20 <- c(10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90)
miVec21 <- c("a", "b", "c", "d", "e", "f", "g", "h", "i")
print(miVec20)
```

```
## [1] 10 20 30 40 50 60 70 80 90
```

```
print(miVec21)
```

```
## [1] "a" "b" "c" "d" "e" "f" "g" "h" "i"
```

```
print(miVec20[1])
```

```
## [1] 10
```

```
print(miVec21[3])
```

```
## [1] "c"
```

Nous pouvons aussi utiliser la combinaison de différents éléments (un autre `vector`).

```
print(miVec20[c(1, 5, 9)])
```

```
## [1] 10 50 90
```

```
print(miVec21[c(4, 3, 1)])
```

```
## [1] "d" "c" "a"
```

```
print(miVec21[c(4, 4, 3, 4, 3, 2, 5)])
```

```
## [1] "d" "d" "c" "d" "c" "b" "e"
```

Nous pouvons aussi selectionner des éléments en utilisant un opérateur de comparaison ou un opérateur logique.

```
print(miVec20[miVec20 >= 50])
```

```
## [1] 50 60 70 80 90
```

```
print(miVec20[(miVec20 >= 50) & ((miVec20 < 80))])
```

```
## [1] 50 60 70
```

```
print(miVec20[miVec20 != 50])
```

```
## [1] 10 20 30 40 60 70 80 90
```

```
print(miVec20[miVec20 == 30])
```

```
## [1] 30
```

```
print(miVec20[(miVec20 == 30) | (miVec20 == 50)])
```

```
## [1] 30 50
```

```
print(miVec21[miVec21 == "a"])
```

```
## [1] "a"
```

Une autre fonctionnalité intéressante est de conditionner les éléments à sélectionner dans un `vector` en fonction d'un autre `vector`.

```
print(miVec21[miVec20 >= 50])
```

```
## [1] "e" "f" "g" "h" "i"
```

```
print(miVec21[(miVec20 >= 50) & ((miVec20 < 80))])
```

```
## [1] "e" "f" "g"
```

```
print(miVec21[miVec20 != 50])
```

```
## [1] "a" "b" "c" "d" "f" "g" "h" "i"
```

```
print(miVec21[miVec20 == 30])
```

```
## [1] "c"
```

```
print(miVec21[(miVec20 == 30) | (miVec20 == 50)])
```

```
## [1] "c" "e"
```

```
print(miVec21[(miVec20 == 30) | (miVec21 == "h")])
```

```
## [1] "c" "h"
```

Il est aussi possible d'exclure certains éléments plutôt que de les sélectionner.

```
print(miVec20[-1])
```

```
## [1] 20 30 40 50 60 70 80 90
```

```
print(miVec21[-5])
```

```
## [1] "a" "b" "c" "d" "f" "g" "h" "i"
```

```
print(miVec20[-c(1, 2, 5)])
```

```
## [1] 30 40 60 70 80 90
```

```
print(miVec21[-c(1, 2, 5)])
```

```
## [1] "c" "d" "f" "g" "h" "i"
```

Les éléments d'un `vector` peuvent aussi être sélectionné sur la base d'un `vector` de type `logical`. Dans ce cas seuls les éléments avec une valeur TRUE seront sélectionnés.

```
miVec22 <- c(TRUE, TRUE, FALSE, TRUE, FALSE, TRUE, FALSE, TRUE, TRUE)
print(miVec21[miVec22])
```

```
## [1] "a" "b" "d" "f" "h" "i"
```

8.1.4 Nommer les éléments d'un `vector`

Les éléments d'un `vector` peuvent être nommé pour pouvoir s'y référer par la suite et opérer une sélection. La fonction `names()` permet de récupérer les noms des éléments d'un vecteur.

```
miVec23 <- c(aaa = 10, bbb = 20, ccc = 30, ddd = 40, eee = 50)
print(miVec23)
```

```
## aaa bbb ccc ddd eee
##  10  20  30  40  50
```

```
print(miVec23["bbb"])
```

```
## bbb
##  20
```

```
print(miVec23[c("bbb", "ccc", "bbb")])
```

```
## bbb ccc bbb
##  20  30  20
```

```
names(miVec23)
```

```
## [1] "aaa" "bbb" "ccc" "ddd" "eee"
```

8.1.5 Modifier les éléments d'un `vector`

Pour modifier un vecteur, nous opérons de la même façon que pour modifier un objet simple, avec le signe <- et l'élément ou les éléments à modifier entre crochets.

```
print(miVec21)
```

```
## [1] "a" "b" "c" "d" "e" "f" "g" "h" "i"
```

```
miVec21[3] <- "zzz"
print(miVec21)
```

```
## [1] "a"   "b"   "zzz" "d"   "e"   "f"   "g"   "h"   "i"
```

```
miVec21[(miVec20 >= 50) & ((miVec20 < 80))] <- "qwerty"
print(miVec21)
```

```
## [1] "a"      "b"      "zzz"    "d"      "qwerty" "qwerty" "qwerty" "h"
## [9] "i"
```

```
print(miVec23)
```

```
## aaa bbb ccc ddd eee
##  10  20  30  40  50
```

```
miVec23["ccc"] <- miVec23["ccc"] + 100
print(miVec23)
```

```
## aaa bbb ccc ddd eee
##  10  20 130  40  50
```

Nous pouvons aussi changer les noms associés aux éléments d'un `vector`.

```
print(miVec23)
```

```
## aaa bbb ccc ddd eee
##  10  20 130  40  50
```

```
names(miVec23)[2] <- "bb_bb"
print(miVec23)
```

```
##   aaa bb_bb   ccc   ddd   eee
##    10    20   130    40    50
```

Nous pouvons faire bien plus avec un `vector` et reviendrons sur leur manipulations et les opérations lors du chapitre sur les fonctions.

8.2 Le conteneur `list`

Le deuxième type de conteneur que nous allons introduire est le conteneur `list`, qui est également le deuxième conteneur après le type `vector` de part son importance dans la programmation avec R. Le conteneur de type `list` permet de stocker une **liste** d'éléments. Contrairement à ce que nous avons vu précédement avec le type `vector`, les éléments du type `list` peuvent être différents (par exemple un `vector` de type `numeric`, puis un vecteur de type `character`). Les éléments du type `list` peuvent aussi être des conteneurs différents (par exemple un `vector`, puis une `list`). Le type de conteneur `list` prendra tout son sens lorsque nous aurons étudié les **boucles** et les **fonctions** de la famille `apply`.

8.2.1 Créer une `list`

Pour créer une `list` nous allons utiliser la fonction `list()` qui prend comme argument des éléments (objets).

```
miList01 <- list()
print(miList01)
```

```
## list()
```

```
miList02 <- list(5, "qwerty", c(4, 5, 6), c("a", "b", "c"))
print(miList02)
```

```
## [[1]]
## [1] 5
##
## [[2]]
## [1] "qwerty"
##
## [[3]]
## [1] 4 5 6
##
## [[4]]
## [1] "a" "b" "c"
```

```
miList03 <- list(5, "qwerty", list(c(4, 5, 6), c("a", "b", "c")))
print(miList03)
```

```
## [[1]]
## [1] 5
##
## [[2]]
## [1] "qwerty"
##
## [[3]]
## [[3]][[1]]
## [1] 4 5 6
##
## [[3]][[2]]
## [1] "a" "b" "c"
```

La fonction `is.list()` permet de tester si nous avons bien créer un objet de type `list`.

```r
is.list(miList02)
```

```
## [1] TRUE
```

```r
typeof(miList02)
```

```
## [1] "list"
```

8.2.2 Accéder aux valeurs d'une `list`

Les éléments du conteneur `list` sont identifiables grâce aux double crochets `[[ ]]`.

```r
print(miList02)
```

```
## [[1]]
## [1] 5
##
## [[2]]
## [1] "qwerty"
##
## [[3]]
## [1] 4 5 6
##
## [[4]]
## [1] "a" "b" "c"
```

Dans l'objet `miList02` de type `list`, il y a quatre éléments identifiables avec `[[1]]`, `[[2]]`, `[[3]]`, et `[[4]]`. Chacun des éléments est de type `vector` de taille 1 et de type `double` pour le premier élément, de taille 1 et de type `character` pour le deuxième élément, de taille 3 et de type `double` pour le troisième élément, et de taille 3 et de type `character` pour le quatrième élément.

```r
typeof(miList02)
```

```
## [1] "list"
```

```r
print(miList02[[1]])
```

```
## [1] 5
```

```r
typeof(miList02[[1]])
```

```
## [1] "double"
```

```r
print(miList02[[2]])
```

```
## [1] "qwerty"
```

```r
typeof(miList02[[2]])
```

```
## [1] "character"
```

```
print(miList02[[3]])
```

```
## [1] 4 5 6
```

```
typeof(miList02[[3]])
```

```
## [1] "double"
```

```
print(miList02[[4]])
```

```
## [1] "a" "b" "c"
```

```
typeof(miList02[[4]])
```

```
## [1] "character"
```

L'accès au deuxième élément du `vector` situé en quatrième position de la liste se fait donc avec `miList02[[4]][2]`. Nous utilisons un double crochet pour le quatrième élément de la `list`, puis un simple crochet pour le deuxième élément du `vector`.

```
print(miList02[[4]][2])
```

```
## [1] "b"
```

Comme une `list` peut contenir elle même une ou plusieurs `list`, nous pouvons accéder à l'information recherchée en combinant les doubles crochets. l'objet `miList04` est une `list` de deux éléments, les `list` `miList02` et `miList03`. L'objet `miList03` contient lui même une `list` comme élément en troisième position. Pour accéder au premier élément du `vector` en première position de l'élément en troisième position du deuxième élément de la `list` `miList04`, nous pouvons utiliser `miList04[[2]][[3]][[1]][1]`. Il n'y a pas de limite quant à la profondeur des `list` mais dans la pratique il n'y que rarement besoin de faire des `list` de `list` de `list`.

```
miList04 <- list(miList02, miList03)
print(miList04)
```

```
## [[1]]
## [[1]][[1]]
## [1] 5
##
## [[1]][[2]]
## [1] "qwerty"
##
## [[1]][[3]]
## [1] 4 5 6
##
## [[1]][[4]]
## [1] "a" "b" "c"
##
##
## [[2]]
## [[2]][[1]]
## [1] 5
##
## [[2]][[2]]
```

```
## [1] "qwerty"
##
## [[2]][[3]]
## [[2]][[3]][[1]]
## [1] 4 5 6
##
## [[2]][[3]][[2]]
## [1] "a" "b" "c"
```

```
print(miList04[[2]][[3]][[1]][1])
```

```
## [1] 4
```

Pour rendre concret l'exemple précédent, nous pouvons imaginer des espèces de foreurs de maïs (*Sesamia nonagrioides* et *Ostrinia nubilalis*), échantillonées dans différents sites, avec différentes abondances à quatre dates. Ici nous allons donner des noms aux éléments des listes.

```
bddInsect <- list(Snonagrioides = list(site01 = c(12, 5, 8, 7), site02 = c(5, 23, 4, 41), site03 = c(12
print(bddInsect)
```

```
## $Snonagrioides
## $Snonagrioides$site01
## [1] 12  5  8  7
##
## $Snonagrioides$site02
## [1]  5 23  4 41
##
## $Snonagrioides$site03
## [1] 12  0  0  0
##
##
## $Onubilalis
## $Onubilalis$site01
## [1] 12  1  2  3
##
## $Onubilalis$site02
## [1] 0 0 0 1
##
## $Onubilalis$site03
## [1] 1 1 2 3
```

La lecture d'une ligne de code longue comme celle de la création de l'objet `bddInsect` est difficile à lire car la profondeur des éléments ne peut se déduire que grâce aux parenthèses. C'est pourquoi nous allons reorganiser le code pour lui donner plus de lisibilité grâce à l'**indentation**. L'indentation consiste à mettre l'information à des niveaux différents de telle manière que nous puissions rapidement identifier les différents niveaux d'un code. L'indentation se fait au moyen de la touche de tabulation du clavier. Nous reviendrons sur l'indentation avec plus de précisions lors du chapitre sur les **boucles**. Nous retiendrons pour le moment que si une ligne de code est trop longue, nous gagnons en lisibilité en passant à la ligne et que R va lire l'ensemble comme une seule ligne de code.

```
bddInsect <- list(
  Snonagrioides = list(
    site01 = c(12, 5, 8, 7),
    site02 = c(5, 23, 4, 41),
    site03 = c(12, 0, 0, 0)
```

```
  ),
  Onubilalis = list(
    site01 = c(12, 1, 2, 3),
    site02 = c(0, 0, 0, 1),
    site03 = c(1, 1, 2, 3)
  )
)
```

Nous pouvons sélectionner les données d'abondance du deuxième site de la première espèce comme précédemment `bddInsect[[1]][[2]]`, ou alternativement en utilisant les noms des éléments `bddInsect$Snonagrioides$site02`. Pour ce faire nous utilisons le signe $, ou alors le nom des éléments avec des guillemets simples ou doubles `bddInsect[['Snonagrioides']][[`

```
print(bddInsect[[1]][[2]])
```

```
## [1]  5 23  4 41
```

```
print(bddInsect$Snonagrioides$site02)
```

```
## [1]  5 23  4 41
```

```
print(bddInsect[['Snonagrioides']][['site02']])
```

```
## [1]  5 23  4 41
```

Comme pour les vecteurs nous pouvons récupérer les noms des éléments avec la fonction `names()`.

```
names(bddInsect)
```

```
## [1] "Snonagrioides" "Onubilalis"
```

```
names(bddInsect[[1]])
```

```
## [1] "site01" "site02" "site03"
```

Lorsque nous utilisons les doubles crochets `[[]]` ou le signe $, R renvoie le contenu de l'élément sélectionné. Dans notre exemple les données d'abondance sont contenues sous la forme d'un `vector`, donc R renvoie un élément de type `vector`. Si nous souhaitons sélectionner un élément d'une `list` mais en conservant le format `list`, alors nous pouvons utiliser les crochets simples `[]`.

```
print(bddInsect[[1]][[2]])
```

```
## [1]  5 23  4 41
```

```
typeof(bddInsect[[1]][[2]])
```

```
## [1] "double"
```

```
is.list(bddInsect[[1]][[2]])
```

```
## [1] FALSE
```

```
print(bddInsect[[1]][2])
```

```
## $site02
## [1]  5 23  4 41
```

```
typeof(bddInsect[[1]][2])
```

```
## [1] "list"
```

```
is.list(bddInsect[[1]][2])
```

```
## [1] TRUE
```

L'utilisation des crochets simples `[]` est utile lorsque nous souhaitons récupérer plusieurs éléments d'une `list`. Par exemple pour sélectionner les abondances d'insectes des deux premiers sites de la première espèce, nous utiliserons `bddInsect[[1]][c(1, 2)]` ou alternativement `bddInsect[[1]][c("site01", "site02")]`.

```
print(bddInsect[[1]][c(1, 2)])
```

```
## $site01
## [1] 12  5  8  7
##
## $site02
## [1]  5 23  4 41
```

```
print(bddInsect[[1]][c("site01", "site02")])
```

```
## $site01
## [1] 12  5  8  7
##
## $site02
## [1]  5 23  4 41
```

8.2.3 Modification d'une `list`

Une `list` peut être modifiée de la même façon que pour le conteneur `vector`, c'est à dire en se référant avec des crochets à l'élément que nous souhaitons modifier.

```
print(miList02)
```

```
## [[1]]
## [1] 5
##
## [[2]]
## [1] "qwerty"
##
## [[3]]
## [1] 4 5 6
##
## [[4]]
## [1] "a" "b" "c"
```

```
miList02[[1]] <- 12
print(miList02)
```

```
## [[1]]
## [1] 12
##
## [[2]]
## [1] "qwerty"
##
## [[3]]
## [1] 4 5 6
##
## [[4]]
## [1] "a" "b" "c"
```

```
miList02[[4]] <- c("d", "e", "f")
print(miList02)
```

```
## [[1]]
## [1] 12
##
## [[2]]
## [1] "qwerty"
##
## [[3]]
## [1] 4 5 6
##
## [[4]]
## [1] "d" "e" "f"
```

```
miList02[[4]] <- c("a", "b", "c", miList02[[4]], "g", "h", "i")
print(miList02)
```

```
## [[1]]
## [1] 12
##
## [[2]]
## [1] "qwerty"
##
## [[3]]
## [1] 4 5 6
##
## [[4]]
## [1] "a" "b" "c" "d" "e" "f" "g" "h" "i"
```

```
miList02[[4]][5] <- "eee"
print(miList02)
```

```
## [[1]]
## [1] 12
##
## [[2]]
```

```
## [1] "qwerty"
##
## [[3]]
## [1] 4 5 6
##
## [[4]]
## [1] "a"   "b"   "c"   "d"   "eee" "f"   "g"   "h"   "i"
```

```
miList02[[3]] <- miList02[[3]] * 10 - 1
print(miList02)
```

```
## [[1]]
## [1] 12
##
## [[2]]
## [1] "qwerty"
##
## [[3]]
## [1] 39 49 59
##
## [[4]]
## [1] "a"   "b"   "c"   "d"   "eee" "f"   "g"   "h"   "i"
```

```
miList02[[3]][2] <- miList02[[1]] * 100
print(miList02)
```

```
## [[1]]
## [1] 12
##
## [[2]]
## [1] "qwerty"
##
## [[3]]
## [1]   39 1200   59
##
## [[4]]
## [1] "a"   "b"   "c"   "d"   "eee" "f"   "g"   "h"   "i"
```

```
print(bddInsect)
```

```
## $Snonagrioides
## $Snonagrioides$site01
## [1] 12  5  8  7
##
## $Snonagrioides$site02
## [1]  5 23  4 41
##
## $Snonagrioides$site03
## [1] 12  0  0  0
##
##
## $Onubilalis
## $Onubilalis$site01
```

```
## [1] 12  1  2  3
##
## $Onubilalis$site02
## [1] 0 0 0 1
##
## $Onubilalis$site03
## [1] 1 1 2 3
```

```
bddInsect[['Snonagrioides']][['site02']] <- c(2, 4, 6, 8)
print(bddInsect)
```

```
## $Snonagrioides
## $Snonagrioides$site01
## [1] 12  5  8  7
##
## $Snonagrioides$site02
## [1] 2 4 6 8
##
## $Snonagrioides$site03
## [1] 12  0  0  0
##
##
## $Onubilalis
## $Onubilalis$site01
## [1] 12  1  2  3
##
## $Onubilalis$site02
## [1] 0 0 0 1
##
## $Onubilalis$site03
## [1] 1 1 2 3
```

Pour combiner deux `list`, il suffit d'utiliser la fonction `c()` que nous avions utilisée pour créer un `vector`.

```
miList0203 <- c(miList02, miList03)
print(miList0203)
```

```
## [[1]]
## [1] 12
##
## [[2]]
## [1] "qwerty"
##
## [[3]]
## [1]   39 1200   59
##
## [[4]]
## [1] "a"   "b"   "c"   "d"   "eee" "f"   "g"   "h"   "i"
##
## [[5]]
## [1] 5
##
## [[6]]
## [1] "qwerty"
```

```
##
## [[7]]
## [[7]][[1]]
## [1] 4 5 6
##
## [[7]][[2]]
## [1] "a" "b" "c"
```

Un objet de type `list` peut être transformé en `vector` avec la fonction `unlist()` si le format des éléments de la `list` le permet (un `vector` ne peut contenir que des élément du même type).

```
miList05 <- list("a", c("b", "c"), "d")
print(miList05)
```

```
## [[1]]
## [1] "a"
##
## [[2]]
## [1] "b" "c"
##
## [[3]]
## [1] "d"
```

```
miVec24 <- unlist(miList05)
print(miVec24)
```

```
## [1] "a" "b" "c" "d"
```

```
miList06 <- list(c(1, 2, 3), c(4, 5, 6, 7), 8, 9, c(10, 11))
print(miList06)
```

```
## [[1]]
## [1] 1 2 3
##
## [[2]]
## [1] 4 5 6 7
##
## [[3]]
## [1] 8
##
## [[4]]
## [1] 9
##
## [[5]]
## [1] 10 11
```

```
miVec25 <- unlist(miList06)
print(miVec25)
```

```
##  [1]  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11
```

Pour ajouter un élément à une `list`, nous pouvons utiliser la fonction `c()` ou alors les crochets doubles `[[]]`.

```
print(miList05)
```

```
## [[1]]
## [1] "a"
##
## [[2]]
## [1] "b" "c"
##
## [[3]]
## [1] "d"
```

```
miList05 <- c(miList05, "e")
print(miList05)
```

```
## [[1]]
## [1] "a"
##
## [[2]]
## [1] "b" "c"
##
## [[3]]
## [1] "d"
##
## [[4]]
## [1] "e"
```

```
miList05[[5]] <- c("fgh", "ijk")
print(miList05)
```

```
## [[1]]
## [1] "a"
##
## [[2]]
## [1] "b" "c"
##
## [[3]]
## [1] "d"
##
## [[4]]
## [1] "e"
##
## [[5]]
## [1] "fgh" "ijk"
```

Pour supprimer un élément à une `list`, la technique la plus rapide consiste à attribuer la valeur `NULL` à l'élément à supprimer.

```
print(miList05)
```

```
## [[1]]
## [1] "a"
##
## [[2]]
## [1] "b" "c"
```

```
##
## [[3]]
## [1] "d"
##
## [[4]]
## [1] "e"
##
## [[5]]
## [1] "fgh" "ijk"
```

```
miList05[[2]] <- NULL
print(miList05)
```

```
## [[1]]
## [1] "a"
##
## [[2]]
## [1] "d"
##
## [[3]]
## [1] "e"
##
## [[4]]
## [1] "fgh" "ijk"
```

8.3 Le conteneur `data.frame`

Le conteneur `data.frame` peut être assimilé à un *tableau*. Il s'agit en fait d'un cas particulier de `list` où tous les éléments de la `list` ont la même longueur.

8.3.1 Créer un `data.frame`

Pour créer un `data.frame` nous allons utiliser la fonction `data.frame()` qui prend comme arguments les éléments du tableau que nous souhaitons créer. Les éléments sont de type `vector` et font tous la même taille. Nous pouvons donner un nom à chaque *colonne* (`vector`) de notre *tableau* (`data.frame`).

```
# création d'un data.frame
miDf01 <- data.frame(
  numbers = c(1, 2, 3, 4),
  logicals = c(TRUE, TRUE, FALSE, TRUE),
  characters = c("a", "b", "c", "d")
)
print(miDf01)
```

```
##   numbers logicals characters
## 1       1     TRUE          a
## 2       2     TRUE          b
## 3       3    FALSE          c
## 4       4     TRUE          d
```

```r
# création des vecteurs, puis du data.frame
numbers <- c(1, 2, 3, 4)
logicals <- c(TRUE, TRUE, FALSE, TRUE)
characters <- c("a", "b", "c", "d")
miDf01 <- data.frame(numbers, logicals, characters)
print(miDf01)
```

```
##   numbers logicals characters
## 1       1     TRUE          a
## 2       2     TRUE          b
## 3       3    FALSE          c
## 4       4     TRUE          d
```

8.3.2 Accèder aux valeurs d'un `data.frame`

L'accès aux différentes valeurs d'un `data.frame` peut se faire de la même façon que pour un conteneur de type `list`.

```r
print(miDf01$numbers) # vector
```

```
## [1] 1 2 3 4
```

```r
print(miDf01[[1]]) # vector
```

```
## [1] 1 2 3 4
```

```r
print(miDf01[1]) # list
```

```
##   numbers
## 1       1
## 2       2
## 3       3
## 4       4
```

```r
print(miDf01["numbers"]) # list
```

```
##   numbers
## 1       1
## 2       2
## 3       3
## 4       4
```

```r
print(miDf01[["numbers"]]) # vector
```

```
## [1] 1 2 3 4
```

Nous pouvons aussi utiliser une aute forme qui consiste à spécifier le ou les lignes suivi d'une virgule (et donc d'un espace après la virgule), puis le ou les colonnes entre crochets simples. Si l'information ligne ou colonne est omise, R affichera toutes les lignes ou toutes les colonnes. Là encore nous pouvons utiliser le numéro correspondant à un élément ou alors le nom de l'élément que nous souhaitons sélectionner.

```
myRow <- 2
myCol <- 1
print(miDf01[myRow, myCol])
```

```
## [1] 2
```

```
print(miDf01[myRow, ])
```

```
##   numbers logicals characters
## 2       2     TRUE          b
```

```
print(miDf01[, myCol])
```

```
## [1] 1 2 3 4
```

```
myCol <- "numbers"
print(miDf01[, myCol])
```

```
## [1] 1 2 3 4
```

Il est possible de sélectionner plusieurs lignes ou plusieurs colonnes.

```
print(miDf01[, c(1, 2)])
```

```
##   numbers logicals
## 1       1     TRUE
## 2       2     TRUE
## 3       3    FALSE
## 4       4     TRUE
```

```
print(miDf01[c(2, 1), ])
```

```
##   numbers logicals characters
## 2       2     TRUE          b
## 1       1     TRUE          a
```

Puisque chaque colonne est au format `vector`, nous pouvons également faire une sélection qui dépendra du contenu avec les opérateurs de comparaison et les opérateurs logiques.

```
miDfSub01 <- miDf01[miDf01$numbers > 2, ]
print(miDfSub01)
```

```
##   numbers logicals characters
## 3       3    FALSE          c
## 4       4     TRUE          d
```

```
miDfSub02 <- miDf01[(miDf01$logicals == TRUE) & (miDf01$numbers < 2), ]
print(miDfSub02)
```

```
##   numbers logicals characters
## 1       1     TRUE          a
```

```
miDfSub03 <- miDf01[(miDf01$numbers %% 2) == 0, ]
print(miDfSub03)
```

```
##   numbers logicals characters
## 2       2     TRUE          b
## 4       4     TRUE          d
```

```
miDfSub04 <- miDf01[((miDf01$numbers %% 2) == 0) | (miDf01$logicals == TRUE), ]
print(miDfSub04)
```

```
##   numbers logicals characters
## 1       1     TRUE          a
## 2       2     TRUE          b
## 4       4     TRUE          d
```

8.3.3 Modifier un `data.frame`

Pour ajouter un élément à un `data.frame`, nous allons procéder comme pour un conteneur de type `list`. Il faudra veiller à ce que le nouvel éléménet soit de la même taille que les autres éléments de notre `data.frame`. Par défaut un nouvel élément dans un `data.frame` prend comme nom la lettre *V* suivie du numéro de la colonne. Nous pouvons changer les noms de colonne avec la fonction `colnames()`. Nous avons la possibilité de donner un nom aux lignes avec la fonction `rownames()`

```
newVec <- c(4, 5, 6, 7)
miDf01[[4]] <- newVec
print(miDf01)
```

```
##   numbers logicals characters V4
## 1       1     TRUE          a  4
## 2       2     TRUE          b  5
## 3       3    FALSE          c  6
## 4       4     TRUE          d  7
```

```
print(colnames(miDf01))
```

```
## [1] "numbers"    "logicals"   "characters" "V4"
```

```
colnames(miDf01)[4] <- "newVec"
print(miDf01)
```

```
##   numbers logicals characters newVec
## 1       1     TRUE          a      4
## 2       2     TRUE          b      5
## 3       3    FALSE          c      6
## 4       4     TRUE          d      7
```

```
print(rownames(miDf01))
```

```
## [1] "1" "2" "3" "4"
```

```r
rownames(miDf01) <- c("row1", "row2", "row3", "row4")
print(miDf01)
```

```
##      numbers logicals characters newVec
## row1       1     TRUE          a      4
## row2       2     TRUE          b      5
## row3       3    FALSE          c      6
## row4       4     TRUE          d      7
```

```r
newVec2 <- c(40, 50, 60, 70)
miDf01$newVec2 <- newVec2
print(miDf01)
```

```
##      numbers logicals characters newVec newVec2
## row1       1     TRUE          a      4      40
## row2       2     TRUE          b      5      50
## row3       3    FALSE          c      6      60
## row4       4     TRUE          d      7      70
```

Comme le type de conteneur `data.frame` est un cas particulier de `list`, la sélection et la modification se fait comme pour un conteneur de type `list`. Comme les éléments d'un `data.frame` sont de type `vector`, la sélection et la modification des éléments d'un `data.frame` se fait comme pour un conteneur de type `vector`.

```r
miDf01$newVec2 <- miDf01$newVec2 * 2
print(miDf01)
```

```
##      numbers logicals characters newVec newVec2
## row1       1     TRUE          a      4      80
## row2       2     TRUE          b      5     100
## row3       3    FALSE          c      6     120
## row4       4     TRUE          d      7     140
```

```r
miDf01$newVec2 + miDf01$newVec
```

```
## [1]  84 105 126 147
```

```r
miDf01$newVec2[2] <- 0
print(miDf01)
```

```
##      numbers logicals characters newVec newVec2
## row1       1     TRUE          a      4      80
## row2       2     TRUE          b      5       0
## row3       3    FALSE          c      6     120
## row4       4     TRUE          d      7     140
```

Un `vector` peut être transformé en `data.frame` avec la fonction `as.data.frame()`.

```r
print(newVec2)
```

```
## [1] 40 50 60 70
```

```
print(as.data.frame(newVec2))
```

```
##   newVec2
## 1      40
## 2      50
## 3      60
## 4      70
```

```
is.data.frame(newVec2)
```

```
## [1] FALSE
```

```
is.data.frame(as.data.frame(newVec2))
```

```
## [1] TRUE
```

8.4 Le conteneur `matrix`

Le conteneur `matrix` peut être vu comme un `vector` à deux dimensions, les lignes et les colonnes. Il correspond à une matrice en mathématique, et ne peut contenir qu'un seul type de données (`logical`, `numeric`, `character`, ...).

8.4.1 Créer une `matrix`

Pour créer une `matrix` nous allons tout d'abord créer un `vector`, puis spécifier le nombre souhaité de lignes et de colonnes dans la fonction `matrix()`.

```
vecForMatrix <- c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12)
miMat <- matrix(vecForMatrix, nrow = 3, ncol = 4)
print(miMat)
```

```
##      [,1] [,2] [,3] [,4]
## [1,]    1    4    7   10
## [2,]    2    5    8   11
## [3,]    3    6    9   12
```

Il n'est pas nécessaire de spécifier le nombre de lignes `nrow` et le nombre de colonnes `ncol`. Si nous utilisons l'un ou l'autre de ces arguments, R va automatiquement calculer le nombre correspondant.

```
miMat <- matrix(vecForMatrix, nrow = 3)
print(miMat)
```

```
##      [,1] [,2] [,3] [,4]
## [1,]    1    4    7   10
## [2,]    2    5    8   11
## [3,]    3    6    9   12
```

```
miMat <- matrix(vecForMatrix, ncol = 4)
print(miMat)
```

```
##      [,1] [,2] [,3] [,4]
## [1,]    1    4    7   10
## [2,]    2    5    8   11
## [3,]    3    6    9   12
```

Nous observons que les différents éléments du `vector` initial sont renseignés par colonne. Si nous souhaitons renseigner la `matrix` par lignes alors il faut donner la valeur `TRUE` à l'argument `byrow`.

```
miMat <- matrix(vecForMatrix, nrow = 3, byrow = TRUE)
print(miMat)
```

```
##      [,1] [,2] [,3] [,4]
## [1,]    1    2    3    4
## [2,]    5    6    7    8
## [3,]    9   10   11   12
```

Nous pouvons également donner un nom aux lignes et aux colonnes de notre `matrix` lors de sa création avec l'argument `dimnames` qui prend comme valeur une `list` de deux éléments : le nom des lignes puis le nom des colonnes. Nous pouvons aussi changer le nom des lignes et des colonnes a posteriori avec les fonctions `rownames()` et `colnames()`.

```
miMat <- matrix(
  vecForMatrix,
  nrow = 3,
  byrow = TRUE,
  dimnames = list(c("r1", "r2", "r3"), c("c1", "c2", "c3", "c4"))
)
print(miMat)
```

```
##    c1 c2 c3 c4
## r1  1  2  3  4
## r2  5  6  7  8
## r3  9 10 11 12
```

```
colnames(miMat) <- c("col1", "col2", "col3", "col4")
rownames(miMat) <- c("row1", "row2", "row3")
print(miMat)
```

```
##      col1 col2 col3 col4
## row1    1    2    3    4
## row2    5    6    7    8
## row3    9   10   11   12
```

Il est possible de créer une `matrix` à partir d'un `data.frame` avec la fonction `as.matrix()` sous réserve que le `data.frame` ne contienne que des élément de même type (par exemple que des éléments de type `numeric`).

```
vecForMat01 <- c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12)
vecForMat02 <- vecForMat01 * 10
vecForMat03 <- vecForMat01 / 10
dfForMat <- data.frame(vecForMat01, vecForMat02, vecForMat03)
print(dfForMat)
```

```
##    vecForMat01 vecForMat02 vecForMat03
## 1            1          10         0.1
## 2            2          20         0.2
```

```
## 3            3          30         0.3
## 4            4          40         0.4
## 5            5          50         0.5
## 6            6          60         0.6
## 7            7          70         0.7
## 8            8          80         0.8
## 9            9          90         0.9
## 10          10         100         1.0
## 11          11         110         1.1
## 12          12         120         1.2
```

```
is.matrix(dfForMat)
```

```
## [1] FALSE
```

```
as.matrix(dfForMat)
```

```
##       vecForMat01 vecForMat02 vecForMat03
##  [1,]           1          10         0.1
##  [2,]           2          20         0.2
##  [3,]           3          30         0.3
##  [4,]           4          40         0.4
##  [5,]           5          50         0.5
##  [6,]           6          60         0.6
##  [7,]           7          70         0.7
##  [8,]           8          80         0.8
##  [9,]           9          90         0.9
## [10,]          10         100         1.0
## [11,]          11         110         1.1
## [12,]          12         120         1.2
```

```
is.matrix(as.matrix(dfForMat))
```

```
## [1] TRUE
```

Nous pouvons aussi créer une `matrix` à partir d'un `vector` avec la fonction `as.matrix()` (matrice de une seule colonne).

```
as.matrix(vecForMat01)
```

```
##       [,1]
##  [1,]    1
##  [2,]    2
##  [3,]    3
##  [4,]    4
##  [5,]    5
##  [6,]    6
##  [7,]    7
##  [8,]    8
##  [9,]    9
## [10,]   10
## [11,]   11
## [12,]   12
```

8.4.2 Manipuler et faire des opérations sur une `matrix`

Toutes les opérations terme à terme sont possibles sur les `matrix`.

```
# opérations terme à terme
miMat01 <- matrix(vecForMat01, ncol = 3)
miVecOp <- c(1, 10, 100, 1000)
miMat01 * miVecOp
```

```
##      [,1] [,2]  [,3]
## [1,]    1    5     9
## [2,]   20   60   100
## [3,]  300  700  1100
## [4,] 4000 8000 12000
```

```
miMat01 + miVecOp
```

```
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    2    6   10
## [2,]   12   16   20
## [3,]  103  107  111
## [4,] 1004 1008 1012
```

```
miMat01 / miMat01
```

```
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    1    1    1
## [2,]    1    1    1
## [3,]    1    1    1
## [4,]    1    1    1
```

```
miMat01 - 10
```

```
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]   -9   -5   -1
## [2,]   -8   -4    0
## [3,]   -7   -3    1
## [4,]   -6   -2    2
```

Pour effectuer des opérations algébriques nous pouvons utiliser la fonction %*%.

```
# opérations algébriques
miVecConf <- c(1, 10, 100)
miMat01 %*% miVecConf
```

```
##      [,1]
## [1,]  951
## [2,] 1062
## [3,] 1173
## [4,] 1284
```

```
miMat02 <- matrix(c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9), ncol = 3)
print(miMat02)
```

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

```
miMat02 %*% miMat02
```

```
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]   30   66  102
## [2,]   36   81  126
## [3,]   42   96  150
```

La diagonale d'une `matrix` peut être obtenue avec la fonction `diag()`, et le déterminant d'une `matrix` avec la fonction `det()`.

```
print(miMat02)
```

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

```
diag(miMat02)
```

```
## [1] 1 5 9
```

```
det(miMat02)
```

```
## [1] 0
```

Il est souvent utile de pouvoir tansposer une `matrix` (colonnes en lignes ou lignes en colonnes). Pour cela il existe les fonctions `aperm()` ou `t()`. la fonction `t()` est plus générique et fonctionne aussi sur les `data.frame`.

```
aperm(miMat01)
```

```
##      [,1] [,2] [,3] [,4]
## [1,]    1    2    3    4
## [2,]    5    6    7    8
## [3,]    9   10   11   12
```

```
t(miMat01)
```

```
##      [,1] [,2] [,3] [,4]
## [1,]    1    2    3    4
## [2,]    5    6    7    8
## [3,]    9   10   11   12
```

8.4.3 Accèder aux éléments d'une `matrix`

Comme pour un `data.frame`, nous pouvons accèder aux éléments d'une matrice en spécifiant un numéro de ligne et un numéro de colonne entre crochets simples `[ ]`, et séparés par une virgule. Si `i` est le numéro de ligne et `j` le numéro de colonne, alors `miMat01[i, j]` renvoie l'élément situé à la ligne `i` et à la colonne `j`. `miMat01[i, ]` renvoie tous les éléments de la ligne `i`, et `miMat01[, j]` tous les éléments de la colonne `j`. Les sélections multiples sont possibles. Nous pouvons également

accèder à un élément en fonction de sa position dans la matrice entre crochets simples `[ ]` en comptant par colonne puis par ligne. Dans notre exemple la valeur du dixième élément est 10.

```
i <- 2
j <- 1
print(miMat01[i, j])
```

```
## [1] 2
```

```
print(miMat01[i, ])
```

```
## [1]  2  6 10
```

```
print(miMat01[, j])
```

```
## [1] 1 2 3 4
```

```
print(miMat01[c(1, 2), c(2, 3)])
```

```
##      [,1] [,2]
## [1,]    5    9
## [2,]    6   10
```

```
print(miMat01[10])
```

```
## [1] 10
```

8.5 Le conteneur `array`

Le conteneur de type `array` est une généralisation du conteneur de type `matrix`. Là où le type `matrix` a deux dimensions (les lignes et les colonnes), le type `array` a un nombre indéfini de dimensions. Nous pouvons connaître le nombre de dimensions d'un `array` (et donc d'une `matrix`) avec la fonction `dim()`.

```
dim(miMat01)
```

```
## [1] 4 3
```

8.5.1 Créer un `array`

La création d'un `array` est similaire à celle d'une `matrix` avec une dimension supplémentaire.

```
miVecArr <- c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9)
miArray <- array(miVecArr, dim = c(3, 3, 2))
print(miArray)
```

```
## , , 1
##
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    1    4    7
```

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

```
dim(miArray)
```

```
## [1] 3 3 2
```

```
is.array(miArray)
```

```
## [1] TRUE
```

```
miVecArr02 <- 10 * miVecArr
miArray02 <- array(c(miVecArr, miVecArr02), dim = c(3, 3, 2))
print(miArray02)
```

```
## , , 1
##
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    1    4    7
## [2,]    2    5    8
## [3,]    3    6    9
##
## , , 2
##
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]   10   40   70
## [2,]   20   50   80
## [3,]   30   60   90
```

```
dim(miArray02)
```

```
## [1] 3 3 2
```

```
is.array(miArray02)
```

```
## [1] TRUE
```

Nous pouvons donner des noms aux lignes et aux colonnes, mais aussi aux éléments.

```
miArray02 <- array(
  c(miVecArr, miVecArr02),
  dim = c(3, 3, 2),
  dimnames = list(
    c("r1", "r2", "r3"),
    c("c1", "c2", "c3"),
```

```
    c("matrix1", "matrix2")
  )
)
print(miArray02)
```

```
## , , matrix1
##
##    c1 c2 c3
## r1  1  4  7
## r2  2  5  8
## r3  3  6  9
##
## , , matrix2
##
##    c1 c2 c3
## r1 10 40 70
## r2 20 50 80
## r3 30 60 90
```

8.5.2 Manipuler un `array`

La manipulation d'un `array` se fait de la même façon que pour une `matrix`. pour accèder aux différents éléments d'un `array`, il suffit de spécifier la ligne `i`, la colonne `j`, et la `matrix` `k`.

```
i <- 2
j <- 1
k <- 1
print(miArray02[i, j, k])
```

```
## [1] 2
```

```
print(miArray02[, j, k])
```

```
## r1 r2 r3
##  1  2  3
```

```
print(miArray02[i, , k])
```

```
## c1 c2 c3
##  2  5  8
```

```
print(miArray02[i, j, ])
```

```
## matrix1 matrix2
##       2      20
```

8.6 Conclusion

Félicitations ! Nous connaissons à présent les principaux types d'objets que nous allons utiliser avec R. Un objet se caractérise par ses attributs :

- le type de conteneur (`vector`, `data.frame`, `matrix`, `array`)
- le type de contenu de chacun des éléments (`numeric`, `logical`, `character`, ...)
- la valeur de chacun des éléments (5, “qwerty”, TRUE, ...)

Tous ces objets sont stockés temporairement dans l’environnement global de R (dans la RAM de notre ordinateur). Le prochain chapitre va traiter des fonctions, et mettra en lumière un des aspects qui rend R si puissant pour analyser et gérer nos données.

Chapter 9

Les fonctions

9.1 Qu'est-ce qu'une fonction

Avec ce chapitre nous allons avoir un premier apperçu de la puissance de R grâce aux fonctions. Une fonction est un ensemble de lignes de code permettant d'exécuter une tâche particulière. Nous avons vu de nombreuses fonctions lors des précédents chapitres, la plus simple étant la fonction + permettant d'ajouter deux nombres entre eux, ou d'autres plus complexes comme `c()` ou `data.frame()` permettant de créer un `vector` ou un `data.frame`. Dans tous les cas une fonction se reconnait grâce aux parenthèses qui la suive dans laquelle nous allons renseigner des **arguments**. Les arguments correspondent aux informations que nous souhaitons transmettre à notre fonction pour qu'elle exécute la tâche que nous souhaitons réaliser.

Pour les fonctions les plus simples comme +, les parenthèses ont été supprimés pour que le code soit plus facile à lire, mais il s'agit bien d'une fonction qui peut s'utiliser avec des parenthèses si nous utilisons le signe + entre guillemets. Les arguments sont les chiffres que nous souhaitons ajouter.

```
5 + 2
```

```
## [1] 7
```

```
'+'(5, 2)
```

```
## [1] 7
```

Dans ce chapitre nous allons nous focaliser sur les fonctions les plus courantes de façon à ce que ce chapitre soit consultable comme un dictionnaire. Il ne s'agit donc pas de tout apprendre par coeur mais bien de savoir que ces fonctions existent et de pouvoir consulter ce chapitre plus tard comme référence. Avec le temps et la pratique nous finirons par les connaître par coeur ! Il y a plus de 1000 fonctions à ce jour dans la version de base de R, et plus de 10000 packages complémentaires pouvant être installés, chacun contenant plusieurs dizaines de fonctions. Avant de nous lancer dans l'écriture d'une nouvelle fonction, il faudra toujours vérifier qu'elle n'existe pas déjà.

9.2 Les fonctions les plus courantes

Pour travailler avec les fonctions nous allons utiliser le jeu de données `iris` qui est inclu avec la version de base de R et qui correspond à la longeur et à la largeur des sépales et des pétales de différentes espèces d'iris. Le jeu de données est sous la forme d'un `data.frame` de 5 colonnes et de 150 lignes. Pour plus d'information sur le jeu de données `iris` nous pouvons consulter la documentation de R avec la fonction `help(iris)`. L'accès à la documentation est l'objet de la section ci-dessous.

9.2.1 L'accès à la documentation

9.2.1.1 `help()`

La fonction indispensable de R est celle permettant d'accèder à la documentation. Toutes les fonctions et tous les jeux de données de R possèdent une documentation. Nous pouvons accéder à la documentation avec la fonction `help()` ou en utilisant le raccourci `?`.

```
help(matrix) # équivalent à ?matrix
```

La documentation est toujours structurée de la même manière. Tout d'abord nous avons le nom de la fonction recherchée `matrix`, suivie entre accolades par le nom du package R dont la fonction dépend. Nous verrons comment installer des packages additionnels plus tard. Pour l'instant nous disposons de ceux fournis avec la version de base de R. Ici nous pouvons voir que la fonction `matrix()` dépend du package `base`.

Ensuite nous pouvons voir le libellé de la fonction (`Matrices`), suivi des paragraphes `Description`, `Usage`, et `Arguments`. Parfois vient s'ajouter les paragraphes `Details`, `Note`, `References`, et `See also`. Le dernier paragraphe est `Examples`. La dernière ligne de la documentation permet de revenir à l'index du package dont dépend la fonction consultée.

En copiant collant `help(matrix)` dans notre console R, nous pouvons voir que le paragraphe `Description` indique ce que fait la fonction. Dans le cas de `help(matrix)`, il y a trois fonctions qui sont présentées : `matrix()`, `as.matrix()`, et `is.matrix()`.

```
# Description
# matrix creates a matrix from the given set of values.
# as.matrix attempts to turn its argument into a matrix.
# is.matrix tests if its argument is a (strict) matrix.
```

Le paragraphe `Usage` explique comment utiliser la fonction et quels sont les valeurs par défaut éventuelles pour chacun des paramètres.

```
# Usage
# matrix(data = NA, nrow = 1, ncol = 1, byrow = FALSE,
#        dimnames = NULL)
```

La fonction `matrix()` peut prendre 5 arguments : `data`, `nrow`, `ncol`, `byrow`, et `dimnames`. Nous pouvons voir que par défaut une `matrix` sera composée d'une seule ligne et d'une seule colonne, et que les informations serons renseignées par colonne.

Le paragraphe `Arguments` détaille les valeurs et le type de conteneur de chacun des arguments de notre fonction. Par exemple nous pouvons voir que l'argument `dimnames` doit être de type `list`. C'est pouquoi nous avons utilisé ce format lors de la section sur les `matrix`.

```
# Arguments
# data      an optional data vector (including a list or expression vector).
#           Non-atomic classed R objects are coerced by as.vector and all
#           attributes discarded.
# nrow      the desired number of rows.
# ncol      the desired number of columns.
# byrow     logical. If FALSE (the default) the matrix is filled by columns,
#           otherwise the matrix is filled by rows.
# dimnames  A dimnames attribute for the matrix: NULL or a list of length 2
#           giving the row and column names respectively. An empty list is
#           treated as NULL, and a list of length one as row names. The
```

```
#           list can be named, and the list names will be used as names for
#           the dimensions.
```

Le paragraphe `Details` apporte des éléments complémentaires sur la fonction. Le paragraphe `Examples` procure des exemples reproductibles dans la console.

```
## Example of setting row and column names
mdat <- matrix(c(1,2,3, 11,12,13), nrow = 2, ncol = 3, byrow = TRUE,
               dimnames = list(c("row1", "row2"),
                               c("C.1", "C.2", "C.3")))
mdat
```

```
##      C.1 C.2 C.3
## row1   1   2   3
## row2  11  12  13
```

Le nom des arguments n'est pas nécessaire pour qu'une fonction soit correctement interprété par R. Néanmoins par soucis de clarté il est préférable d'utiliser le nom des arguments suivi du signe = pour que le code soit plus lisible.

```
# bon exemple
mdat <- matrix(c(1,2,3, 11,12,13), nrow = 2, ncol = 3, byrow = TRUE)
# mauvais exemple
mdat <- matrix(c(1,2,3, 11,12,13), 2, 3, TRUE)
```

9.2.1.2 `help.search()`

La fonction `help.search()` ou `??` permet de rechercher une expression dans l'ensemble de la documentation. Elle est utile lorsque l'on cherche une fonctionnalité sans connaître le nom de la fonction sous R.

```
help.search("average")
```

La fonction `help.search()` renvoie vers une page contenant la liste des pages où l'expression a été retrouvée sous la forme `nom-du-package::nom-de-la-fonction`.

9.2.2 Visualiser les données

9.2.2.1 `str()`

La fonction `str()` permet de visualiser la structure interne d'un objet, comme indiqué dans la documentation que nous pouvons consulter avec `help(str)`.

```
str(iris)
```

```
## 'data.frame':    150 obs. of  5 variables:
##  $ Sepal.Length: num  5.1 4.9 4.7 4.6 5 5.4 4.6 5 4.4 4.9 ...
##  $ Sepal.Width : num  3.5 3 3.2 3.1 3.6 3.9 3.4 3.4 2.9 3.1 ...
##  $ Petal.Length: num  1.4 1.4 1.3 1.5 1.4 1.7 1.4 1.5 1.4 1.5 ...
##  $ Petal.Width : num  0.2 0.2 0.2 0.2 0.2 0.4 0.3 0.2 0.2 0.1 ...
##  $ Species     : Factor w/ 3 levels "setosa","versicolor",..: 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
```

La fonction `str()` renvoie le type d'objet (`data.frame`), le nombre d'observations (150), le nombre de variables (5), le nom de chacune des variables (`Sepal.Length`, `Sepal.Width`, `Petal.Length`, `Petal.Width`, et `Species`), le type de chacune des variables (`num`, `Factor`), et les premières valeurs de chacunes des variables. C'est une fonction utile pour avoir un apperçu d'un jeu de données, mais aussi pour contrôler que les données sont du type voulu avant de procéder à des analyses statistiques.

9.2.2.2 `head()` et `tail()`

La fonction `head()` renvoie les premières valeurs d'un objet, et la fonction `tail()` les dernières valeurs d'un objet. Par défaut six valeurs sont retournées, l'argument `n` contrôle le nombre de valeurs à retourner.

```
head(iris)
```

```
##   Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width Species
## 1          5.1         3.5          1.4         0.2  setosa
## 2          4.9         3.0          1.4         0.2  setosa
## 3          4.7         3.2          1.3         0.2  setosa
## 4          4.6         3.1          1.5         0.2  setosa
## 5          5.0         3.6          1.4         0.2  setosa
## 6          5.4         3.9          1.7         0.4  setosa
```

```
tail(iris)
```

```
##     Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width   Species
## 145          6.7         3.3          5.7         2.5 virginica
## 146          6.7         3.0          5.2         2.3 virginica
## 147          6.3         2.5          5.0         1.9 virginica
## 148          6.5         3.0          5.2         2.0 virginica
## 149          6.2         3.4          5.4         2.3 virginica
## 150          5.9         3.0          5.1         1.8 virginica
```

```
head(iris, n = 2)
```

```
##   Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width Species
## 1          5.1         3.5          1.4         0.2  setosa
## 2          4.9         3.0          1.4         0.2  setosa
```

9.2.2.3 `names()`

Nous avons déjà vu la fonction `names()` qui permet à la fois de connaître le nom des éléments d'un objet, mais aussi d'assigner des noms aux éléments d'un objet comme une `matrix`, une `list` ou un `data.frame`.

```
names(iris)
```

```
## [1] "Sepal.Length" "Sepal.Width"  "Petal.Length" "Petal.Width"
## [5] "Species"
```

```
irisCopy <- iris
names(irisCopy) <- c("a", "b", "c", "d", "e")
names(irisCopy)
```

```
## [1] "a" "b" "c" "d" "e"
```

9.2.2.4 `cat()` et `print()`

La fonction `cat()` permet d'afficher le contenu d'un objet alors que la fonction `print()` retourne la valeur d'un objet avec la possibilité d'effectuer des conversions.

```
cat(names(iris))
```

```
## Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width Species
```

```
print(names(iris))
```

```
## [1] "Sepal.Length" "Sepal.Width"  "Petal.Length" "Petal.Width"
## [5] "Species"
```

```
cat(iris[1, 1])
```

```
## 5.1
```

```
print(iris[1, 1])
```

```
## [1] 5.1
```

```
print(iris[1, 1], digits = 0)
```

```
## [1] 5
```

9.2.3 Manipuler les données

9.2.3.1 `rank()`

La fonction `rank()` renvoie pour un ensemble d'éléments le numéro de la position de chacun des éléments. En cas d'éléments de même valeur, l'argument `ties.method` permet de faire un choix sur le classement. Comme pour toutes les fonctions, les détails sont présents dans la documentation.

```
vecManip <- c(10, 20, 30, 70, 60, 50, 40)
rank(vecManip)
```

```
## [1] 1 2 3 7 6 5 4
```

```
vecManip2 <- c(10, 20, 30, 10, 50, 10, 40)
rank(vecManip2)
```

```
## [1] 2 4 5 2 7 2 6
```

```
rank(vecManip2, ties.method = "first")
```

```
## [1] 1 4 5 2 7 3 6
```

```
rank(vecManip2, ties.method = "min")
```

```
## [1] 1 4 5 1 7 1 6
```

```
print(iris[, 1])
```

```
##   [1] 5.1 4.9 4.7 4.6 5.0 5.4 4.6 5.0 4.4 4.9 5.4 4.8 4.8 4.3 5.8 5.7 5.4
##  [18] 5.1 5.7 5.1 5.4 5.1 4.6 5.1 4.8 5.0 5.0 5.2 5.2 4.7 4.8 5.4 5.2 5.5
##  [35] 4.9 5.0 5.5 4.9 4.4 5.1 5.0 4.5 4.4 5.0 5.1 4.8 5.1 4.6 5.3 5.0 7.0
##  [52] 6.4 6.9 5.5 6.5 5.7 6.3 4.9 6.6 5.2 5.0 5.9 6.0 6.1 5.6 6.7 5.6 5.8
##  [69] 6.2 5.6 5.9 6.1 6.3 6.1 6.4 6.6 6.8 6.7 6.0 5.7 5.5 5.5 5.8 6.0 5.4
##  [86] 6.0 6.7 6.3 5.6 5.5 5.5 6.1 5.8 5.0 5.6 5.7 5.7 6.2 5.1 5.7 6.3 5.8
## [103] 7.1 6.3 6.5 7.6 4.9 7.3 6.7 7.2 6.5 6.4 6.8 5.7 5.8 6.4 6.5 7.7 7.7
## [120] 6.0 6.9 5.6 7.7 6.3 6.7 7.2 6.2 6.1 6.4 7.2 7.4 7.9 6.4 6.3 6.1 7.7
## [137] 6.3 6.4 6.0 6.9 6.7 6.9 5.8 6.8 6.7 6.7 6.3 6.5 6.2 5.9
```

```
rank(iris[, 1], ties.method = "average")
```

```
##   [1]  37.0  19.5  10.5   7.5  27.5  49.5   7.5  27.5   3.0  19.5  49.5
##  [12]  14.0  14.0   1.0  77.0  69.5  49.5  37.0  69.5  37.0  49.5  37.0
##  [23]   7.5  37.0  14.0  27.5  27.5  43.5  43.5  10.5  14.0  49.5  43.5
##  [34]  56.0  19.5  27.5  56.0  19.5   3.0  37.0  27.5   5.0   3.0  27.5
##  [45]  37.0  14.0  37.0   7.5  46.0  27.5 138.0 112.0 135.5  56.0 118.0
##  [56]  69.5 104.0  19.5 121.5  43.5  27.5  82.0  86.5  92.5  62.5 126.5
##  [67]  62.5  77.0  97.5  62.5  82.0  92.5 104.0  92.5 112.0 121.5 132.0
##  [78] 126.5  86.5  69.5  56.0  56.0  77.0  86.5  49.5  86.5 126.5 104.0
##  [89]  62.5  56.0  56.0  92.5  77.0  27.5  62.5  69.5  69.5  97.5  37.0
## [100]  69.5 104.0  77.0 139.0 104.0 118.0 145.0  19.5 143.0 126.5 141.0
## [111] 118.0 112.0 132.0  69.5  77.0 112.0 118.0 147.5 147.5  86.5 135.5
## [122]  62.5 147.5 104.0 126.5 141.0  97.5  92.5 112.0 141.0 144.0 150.0
## [133] 112.0 104.0  92.5 147.5 104.0 112.0  86.5 135.5 126.5 135.5  77.0
## [144] 132.0 126.5 126.5 104.0 118.0  97.5  82.0
```

```
# help(rank)
# ...
# Usage
# rank(x, na.last = TRUE,
#     ties.method = c("average", "first", "last",
#       "random", "max", "min"))
```

9.2.3.2 `order()`

La fonction `order()` retourne le numéro du réarrangement des éléments en focntion de leur position. Elle est très utile par exemple pour trier un `data.frame` en focntion d'une colonne.

```
print(vecManip2)
```

```
## [1] 10 20 30 10 50 10 40
```

```
rank(vecManip2)
```

```
## [1] 2 4 5 2 7 2 6
```

```
order(vecManip2)
```

```
## [1] 1 4 6 2 3 7 5
```

```
print(iris[, 1])
```

```
##   [1] 5.1 4.9 4.7 4.6 5.0 5.4 4.6 5.0 4.4 4.9 5.4 4.8 4.8 4.3 5.8 5.7 5.4
##  [18] 5.1 5.7 5.1 5.4 5.1 4.6 5.1 4.8 5.0 5.0 5.2 5.2 4.7 4.8 5.4 5.2 5.5
##  [35] 4.9 5.0 5.5 4.9 4.4 5.1 5.0 4.5 4.4 5.0 5.1 4.8 5.1 4.6 5.3 5.0 7.0
##  [52] 6.4 6.9 5.5 6.5 5.7 6.3 4.9 6.6 5.2 5.0 5.9 6.0 6.1 5.6 6.7 5.6 5.8
##  [69] 6.2 5.6 5.9 6.1 6.3 6.1 6.4 6.6 6.8 6.7 6.0 5.7 5.5 5.5 5.8 6.0 5.4
##  [86] 6.0 6.7 6.3 5.6 5.5 5.5 6.1 5.8 5.0 5.6 5.7 5.7 6.2 5.1 5.7 6.3 5.8
## [103] 7.1 6.3 6.5 7.6 4.9 7.3 6.7 7.2 6.5 6.4 6.8 5.7 5.8 6.4 6.5 7.7 7.7
## [120] 6.0 6.9 5.6 7.7 6.3 6.7 7.2 6.2 6.1 6.4 7.2 7.4 7.9 6.4 6.3 6.1 7.7
## [137] 6.3 6.4 6.0 6.9 6.7 6.9 5.8 6.8 6.7 6.7 6.3 6.5 6.2 5.9
```

```
rank(iris[, 1])
```

```
##   [1]  37.0  19.5  10.5   7.5  27.5  49.5   7.5  27.5   3.0  19.5  49.5
##  [12]  14.0  14.0   1.0  77.0  69.5  49.5  37.0  69.5  37.0  49.5  37.0
##  [23]   7.5  37.0  14.0  27.5  27.5  43.5  43.5  10.5  14.0  49.5  43.5
##  [34]  56.0  19.5  27.5  56.0  19.5   3.0  37.0  27.5   5.0   3.0  27.5
##  [45]  37.0  14.0  37.0   7.5  46.0  27.5 138.0 112.0 135.5  56.0 118.0
##  [56]  69.5 104.0  19.5 121.5  43.5  27.5  82.0  86.5  92.5  62.5 126.5
##  [67]  62.5  77.0  97.5  62.5  82.0  92.5 104.0  92.5 112.0 121.5 132.0
##  [78] 126.5  86.5  69.5  56.0  56.0  77.0  86.5  49.5  86.5 126.5 104.0
##  [89]  62.5  56.0  56.0  92.5  77.0  27.5  62.5  69.5  69.5  97.5  37.0
## [100]  69.5 104.0  77.0 139.0 104.0 118.0 145.0  19.5 143.0 126.5 141.0
## [111] 118.0 112.0 132.0  69.5  77.0 112.0 118.0 147.5 147.5  86.5 135.5
## [122]  62.5 147.5 104.0 126.5 141.0  97.5  92.5 112.0 141.0 144.0 150.0
## [133] 112.0 104.0  92.5 147.5 104.0 112.0  86.5 135.5 126.5 135.5  77.0
## [144] 132.0 126.5 126.5 104.0 118.0  97.5  82.0
```

```
order(iris[, 1])
```

```
##   [1]  14   9  39  43  42   4   7  23  48   3  30  12  13  25  31  46   2
##  [18]  10  35  38  58 107   5   8  26  27  36  41  44  50  61  94   1  18
##  [35]  20  22  24  40  45  47  99  28  29  33  60  49   6  11  17  21  32
##  [52]  85  34  37  54  81  82  90  91  65  67  70  89  95 122  16  19  56
##  [69]  80  96  97 100 114  15  68  83  93 102 115 143  62  71 150  63  79
##  [86]  84  86 120 139  64  72  74  92 128 135  69  98 127 149  57  73  88
## [103] 101 104 124 134 137 147  52  75 112 116 129 133 138  55 105 111 117
## [120] 148  59  76  66  78  87 109 125 141 145 146  77 113 144  53 121 140
## [137] 142  51 103 110 126 130 108 131 106 118 119 123 136 132
```

```
head(iris[order(iris[, 1]),], n = 10)
```

```
##    Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width Species
## 14          4.3         3.0          1.1         0.1  setosa
## 9           4.4         2.9          1.4         0.2  setosa
## 39          4.4         3.0          1.3         0.2  setosa
## 43          4.4         3.2          1.3         0.2  setosa
```

```
## 42          4.5         2.3          1.3         0.3  setosa
## 4           4.6         3.1          1.5         0.2  setosa
## 7           4.6         3.4          1.4         0.3  setosa
## 23          4.6         3.6          1.0         0.2  setosa
## 48          4.6         3.2          1.4         0.2  setosa
## 3           4.7         3.2          1.3         0.2  setosa
```

9.2.3.3 `sort()`

La fonction `sort()` permet de trier les éléments d'un objet. Elle ne permet pas de trier selon plusieurs variables comme c'est le cas avec `order()`.

```
print(vecManip2)
```

```
## [1] 10 20 30 10 50 10 40
```

```
sort(vecManip2)
```

```
## [1] 10 10 10 20 30 40 50
```

```
print(iris[, 1])
```

```
##   [1] 5.1 4.9 4.7 4.6 5.0 5.4 4.6 5.0 4.4 4.9 5.4 4.8 4.8 4.3 5.8 5.7 5.4
##  [18] 5.1 5.7 5.1 5.4 5.1 4.6 5.1 4.8 5.0 5.0 5.2 5.2 4.7 4.8 5.4 5.2 5.5
##  [35] 4.9 5.0 5.5 4.9 4.4 5.1 5.0 4.5 4.4 5.0 5.1 4.8 5.1 4.6 5.3 5.0 7.0
##  [52] 6.4 6.9 5.5 6.5 5.7 6.3 4.9 6.6 5.2 5.0 5.9 6.0 6.1 5.6 6.7 5.6 5.8
##  [69] 6.2 5.6 5.9 6.1 6.3 6.1 6.4 6.6 6.8 6.7 6.0 5.7 5.5 5.5 5.8 6.0 5.4
##  [86] 6.0 6.7 6.3 5.6 5.5 5.5 6.1 5.8 5.0 5.6 5.7 5.7 6.2 5.1 5.7 6.3 5.8
## [103] 7.1 6.3 6.5 7.6 4.9 7.3 6.7 7.2 6.5 6.4 6.8 5.7 5.8 6.4 6.5 7.7 7.7
## [120] 6.0 6.9 5.6 7.7 6.3 6.7 7.2 6.2 6.1 6.4 7.2 7.4 7.9 6.4 6.3 6.1 7.7
## [137] 6.3 6.4 6.0 6.9 6.7 6.9 5.8 6.8 6.7 6.7 6.3 6.5 6.2 5.9
```

```
sort(iris[, 1])
```

```
##   [1] 4.3 4.4 4.4 4.4 4.5 4.6 4.6 4.6 4.6 4.7 4.7 4.8 4.8 4.8 4.8 4.8 4.9
##  [18] 4.9 4.9 4.9 4.9 5.0 5.0 5.0 5.0 5.0 5.0 5.0 5.0 5.0 5.0 5.1 5.1
##  [35] 5.1 5.1 5.1 5.1 5.1 5.1 5.1 5.2 5.2 5.2 5.2 5.3 5.4 5.4 5.4 5.4 5.4
##  [52] 5.4 5.5 5.5 5.5 5.5 5.5 5.5 5.5 5.5 5.6 5.6 5.6 5.6 5.6 5.6 5.7 5.7 5.7
##  [69] 5.7 5.7 5.7 5.7 5.7 5.8 5.8 5.8 5.8 5.8 5.8 5.8 5.9 5.9 5.9 6.0 6.0
##  [86] 6.0 6.0 6.0 6.0 6.1 6.1 6.1 6.1 6.1 6.1 6.2 6.2 6.2 6.2 6.3 6.3 6.3
## [103] 6.3 6.3 6.3 6.3 6.3 6.3 6.4 6.4 6.4 6.4 6.4 6.4 6.4 6.5 6.5 6.5 6.5
## [120] 6.5 6.6 6.6 6.7 6.7 6.7 6.7 6.7 6.7 6.7 6.7 6.8 6.8 6.8 6.9 6.9 6.9
## [137] 6.9 7.0 7.1 7.2 7.2 7.2 7.3 7.4 7.6 7.7 7.7 7.7 7.7 7.7 7.9
```

9.2.3.4 `append()`

Cette fonction permet d'ajouter un élément à un `vector` à une position déterminée par l'argument `after`. Cette fonction est aussi plus rapide que son alternative consistant à utiliser la fonction `c()`.

```
print(vecManip2)
```

```
## [1] 10 20 30 10 50 10 40
```

```
append(vecManip2, 5)
```

```
## [1] 10 20 30 10 50 10 40  5
```

```
append(vecManip2, 5, after = 2)
```

```
## [1] 10 20  5 30 10 50 10 40
```

9.2.3.5 `cbind()` et `rbind()`

Les fonctions `cbind()` et `rbind()` permettent de combiner des éléments par colonne ou par ligne.

```
cbind(vecManip2, vecManip2)
```

```
##      vecManip2 vecManip2
## [1,]        10        10
## [2,]        20        20
## [3,]        30        30
## [4,]        10        10
## [5,]        50        50
## [6,]        10        10
## [7,]        40        40
```

```
rbind(vecManip2, vecManip2)
```

```
##           [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7]
## vecManip2   10   20   30   10   50   10   40
## vecManip2   10   20   30   10   50   10   40
```

9.2.3.6 `paste()` et `paste0()`

Voilà deux fonctions que nous allons beaucoup utiliser par la suite. Les fonctions `paste()` et `paste0()` permettent de concaténer des chaines de caractère. La fonction `paste0()` est équivalente à `paste()` sans proposer de séparateur entre les éléments à concaténer. Elle est aussi plus rapide.

```
paste(1, "a")
```

```
## [1] "1 a"
```

```
paste0(1, "a")
```

```
## [1] "1a"
```

```
paste(1, "a", sep = "_")
```

```
## [1] "1_a"
```

```r
paste0("prefix_", vecManip2, "_suffix")
```

```
## [1] "prefix_10_suffix" "prefix_20_suffix" "prefix_30_suffix"
## [4] "prefix_10_suffix" "prefix_50_suffix" "prefix_10_suffix"
## [7] "prefix_40_suffix"
```

```r
paste(vecManip2, rank(vecManip2), sep = "_")
```

```
## [1] "10_2" "20_4" "30_5" "10_2" "50_7" "10_2" "40_6"
```

9.2.3.7 rev()

La fonction `rev()` renvoie les éléments d'un objet dans l'ordre inverse.

```r
print(vecManip2)
```

```
## [1] 10 20 30 10 50 10 40
```

```r
rev(vecManip2)
```

```
## [1] 40 10 50 10 30 20 10
```

9.2.3.8 %in%

La fonction `%in%` peut être assimilée à un opérateur de comparaison. Cette fonction prend deux objets comme arguments et renvoie `TRUE` ou `FALSE` pour chacun des éléments du premier objet en fonction de leur présence ou absence dans le second objet. Pour accéder à la documentation de la fonction, il faut utiliser des guillemets `help('%in%')`.

```r
print(vecManip)
```

```
## [1] 10 20 30 70 60 50 40
```

```r
print(vecManip2)
```

```
## [1] 10 20 30 10 50 10 40
```

```r
vecManip %in% vecManip2
```

```
## [1]  TRUE  TRUE  TRUE FALSE FALSE  TRUE  TRUE
```

```r
vecManip2 %in% vecManip
```

```
## [1] TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
```

9.2.4 Fonctions mathématiques

Nous avons déjà vu les fonctions `+`, `-`, `*`, `/`, `^`, `%%` et autres opérateurs arithmétiques. R possède également les fonctions mathématiques de base comme exponetielle `exp()`, racine carrée `sqrt()`, valeur absolue `abs()`, sinus `sin()`, cosinus

cos(), tangente tan(), logarithme népérien log(), logarithme décimal log10(), arc cosinus acos(), arc sinus asin(), et arc tangente atan().

```
print(vecManip2)
```

```
## [1] 10 20 30 10 50 10 40
```

```
exp(vecManip2)
```

```
## [1] 2.202647e+04 4.851652e+08 1.068647e+13 2.202647e+04 5.184706e+21
## [6] 2.202647e+04 2.353853e+17
```

```
sqrt(vecManip2)
```

```
## [1] 3.162278 4.472136 5.477226 3.162278 7.071068 3.162278 6.324555
```

```
abs(-vecManip2)
```

```
## [1] 10 20 30 10 50 10 40
```

```
sin(vecManip2)
```

```
## [1] -0.5440211  0.9129453 -0.9880316 -0.5440211 -0.2623749 -0.5440211
## [7]  0.7451132
```

```
cos(vecManip2)
```

```
## [1] -0.8390715  0.4080821  0.1542514 -0.8390715  0.9649660 -0.8390715
## [7] -0.6669381
```

```
tan(vecManip2)
```

```
## [1]  0.6483608  2.2371609 -6.4053312  0.6483608 -0.2719006  0.6483608
## [7] -1.1172149
```

```
log(vecManip2)
```

```
## [1] 2.302585 2.995732 3.401197 2.302585 3.912023 2.302585 3.688879
```

```
log10(vecManip2)
```

```
## [1] 1.000000 1.301030 1.477121 1.000000 1.698970 1.000000 1.602060
```

```
acos(vecManip2/100)
```

```
## [1] 1.470629 1.369438 1.266104 1.470629 1.047198 1.470629 1.159279
```

```
asin(vecManip2/100)
```

```
## [1] 0.1001674 0.2013579 0.3046927 0.1001674 0.5235988 0.1001674 0.4115168
```

```
atan(vecManip2/100)
```

```
## [1] 0.09966865 0.19739556 0.29145679 0.09966865 0.46364761 0.09966865
## [7] 0.38050638
```

9.2.5 Statistiques descriptives

Nous pouvons également effectuer des statistiques descriptives très simplement à partir d'un jeu de données.

9.2.5.1 `mean()`

La fonction `mean()` renvoie la moyenne. Pour ignorer les valeurs manquantes `NA`, il faut donner la valeur `TRUE` à l'argument `na.rm()`.

```
mean(iris[, 1])
```

```
## [1] 5.843333
```

```
vecManip3 <- c(1, 5, 6, 8, NA, 45, NA, 14)
mean(vecManip3)
```

```
## [1] NA
```

```
mean(vecManip3, na.rm = TRUE)
```

```
## [1] 13.16667
```

9.2.5.2 `sd()`

La fonction `sd()` renvoie l'écart type.

```
sd(iris[, 1])
```

```
## [1] 0.8280661
```

```
print(vecManip3)
```

```
## [1]  1  5  6  8 NA 45 NA 14
```

```
sd(vecManip3)
```

```
## [1] NA
```

```
sd(vecManip3, na.rm = TRUE)
```

```
## [1] 16.16684
```

9.2.5.3 `max()` et `min()`

La fonction `max()` renvoie la valeur maximale et `min()` la valeur minimale.

```
max(iris[, 1])
```

```
## [1] 7.9
```

```
print(vecManip3)
```

```
## [1]  1  5  6  8 NA 45 NA 14
```

```
max(vecManip3)
```

```
## [1] NA
```

```
max(vecManip3, na.rm = TRUE)
```

```
## [1] 45
```

```
min(iris[, 1])
```

```
## [1] 4.3
```

```
min(vecManip3)
```

```
## [1] NA
```

```
min(vecManip3, na.rm = TRUE)
```

```
## [1] 1
```

9.2.5.4 `quantile()`

La fonction `quantile()` renvoie le quantile défini par l'argument `probs`.

```
quantile(iris[, 1])
```

```
##   0%  25%  50%  75% 100%
##  4.3  5.1  5.8  6.4  7.9
```

```
quantile(iris[, 1], probs = c(0, 0.25, 0.5, 0.75, 1))
```

```
##   0%  25%  50%  75% 100%
##  4.3  5.1  5.8  6.4  7.9
```

```
quantile(iris[, 1], probs = c(0, 0.1, 0.5, 0.9, 1))
```

```
##   0%  10%  50%  90% 100%
##  4.3  4.8  5.8  6.9  7.9
```

9.2.5.5 summary()

La fonction `summary()` renvoie un résumé composé du minimum, premier quartile, médiane, moyenne, troisième quartile et maximum.

```
summary(iris[, 1])
```

```
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##   4.300   5.100   5.800   5.843   6.400   7.900
```

9.2.5.6 median()

La fonction `median()` renvoie la médiane.

```
median(iris[, 1])
```

```
## [1] 5.8
```

```
print(vecManip3)
```

```
## [1]  1  5  6  8 NA 45 NA 14
```

```
median(vecManip3)
```

```
## [1] NA
```

```
median(vecManip3, na.rm = TRUE)
```

```
## [1] 7
```

9.2.5.7 length()

La fonction `length()` renvoie la taille d'un objet (nombre d'éléments).

```
length(iris[, 1])
```

```
## [1] 150
```

```
print(vecManip3)
```

```
## [1]  1  5  6  8 NA 45 NA 14
```

```
length(vecManip3)
```

```
## [1] 8
```

9.2.5.8 `nrow()` et `ncol()`

La fonction `nrow()` renvoie le nombre de lignes et la fonction `ncol()` le nombre de colonnes d'un objet.

```
nrow(iris)
```

```
## [1] 150
```

```
ncol(iris)
```

```
## [1] 5
```

9.2.5.9 `round()`, `ceiling()`, `floor()`, et `trunc()`

La fonction `round()` permet de sélectionner un certain nombre de décimales (0 par défaut)

```
round(5.56874258564)
```

```
## [1] 6
```

```
round(5.56874258564, digits = 2)
```

```
## [1] 5.57
```

La fonction `ceiling()` renvoie le plus petit nombre entier qui ne soit pas inférieure à la valeur rensignée.

```
ceiling(5.9999)
```

```
## [1] 6
```

```
ceiling(5.0001)
```

```
## [1] 6
```

La fonction `floor()` renvoie le plus grand nombre entier qui ne soit pas supérieure à la valeur renseignée.

```
floor(5.9999)
```

```
## [1] 5
```

```
floor(5.0001)
```

```
## [1] 5
```

La fonction `trunc()` renvoie la partie entière de la valeur rensignée.

```
trunc(5.9999)
```

```
## [1] 5
```

```
trunc(5.0001)
```

```
## [1] 5
```

9.2.5.10 `rowSums()` et `colSums()`

Les fonctions `rowSums()` et `colSums()` calculent la somme des lignes et des colonnes.

```
rowSums(iris[, c(1, 2, 3, 4)])
```

```
##   [1] 10.2  9.5  9.4  9.4 10.2 11.4  9.7 10.1  8.9  9.6 10.8 10.0  9.3  8.5
##  [15] 11.2 12.0 11.0 10.3 11.5 10.7 10.7 10.7  9.4 10.6 10.3  9.8 10.4 10.4
##  [29] 10.2  9.7  9.7 10.7 10.9 11.3  9.7  9.6 10.5 10.0  8.9 10.2 10.1  8.4
##  [43]  9.1 10.7 11.2  9.5 10.7  9.4 10.7  9.9 16.3 15.6 16.4 13.1 15.4 14.3
##  [57] 15.9 11.6 15.4 13.2 11.5 14.6 13.2 15.1 13.4 15.6 14.6 13.6 14.4 13.1
##  [71] 15.7 14.2 15.2 14.8 14.9 15.4 15.8 16.4 14.9 12.8 12.8 12.6 13.6 15.4
##  [85] 14.4 15.5 16.0 14.3 14.0 13.3 13.7 15.1 13.6 11.6 13.8 14.1 14.1 14.7
##  [99] 11.7 13.9 18.1 15.5 18.1 16.6 17.5 19.3 13.6 18.3 16.8 19.4 16.8 16.3
## [113] 17.4 15.2 16.1 17.2 16.8 20.4 19.5 14.7 18.1 15.3 19.2 15.7 17.8 18.2
## [127] 15.6 15.8 16.9 17.6 18.2 20.1 17.0 15.7 15.7 19.1 17.7 16.8 15.6 17.5
## [141] 17.8 17.4 15.5 18.2 18.2 17.2 15.7 16.7 17.3 15.8
```

```
colSums(iris[, c(1, 2, 3, 4)])
```

```
## Sepal.Length  Sepal.Width Petal.Length  Petal.Width
##        876.5        458.6        563.7        179.9
```

9.2.5.11 `rowMeans()` et `colMeans()`

Les fonctions `rowMeans()` et `colMeans()` calculent la moyenne des lignes et des colonnes.

```
rowMeans(iris[, c(1, 2, 3, 4)])
```

```
##   [1] 2.550 2.375 2.350 2.350 2.550 2.850 2.425 2.525 2.225 2.400 2.700
##  [12] 2.500 2.325 2.125 2.800 3.000 2.750 2.575 2.875 2.675 2.675 2.675
##  [23] 2.350 2.650 2.575 2.450 2.600 2.600 2.550 2.425 2.425 2.675 2.725
##  [34] 2.825 2.425 2.400 2.625 2.500 2.225 2.550 2.525 2.100 2.275 2.675
##  [45] 2.800 2.375 2.675 2.350 2.675 2.475 4.075 3.900 4.100 3.275 3.850
##  [56] 3.575 3.975 2.900 3.850 3.300 2.875 3.650 3.300 3.775 3.350 3.900
##  [67] 3.650 3.400 3.600 3.275 3.925 3.550 3.800 3.700 3.725 3.850 3.950
##  [78] 4.100 3.725 3.200 3.200 3.150 3.400 3.850 3.600 3.875 4.000 3.575
##  [89] 3.500 3.325 3.425 3.775 3.400 2.900 3.450 3.525 3.525 3.675 2.925
## [100] 3.475 4.525 3.875 4.525 4.150 4.375 4.825 3.400 4.575 4.200 4.850
## [111] 4.200 4.075 4.350 3.800 4.025 4.300 4.200 5.100 4.875 3.675 4.525
## [122] 3.825 4.800 3.925 4.450 4.550 3.900 3.950 4.225 4.400 4.550 5.025
## [133] 4.250 3.925 3.925 4.775 4.425 4.200 3.900 4.375 4.450 4.350 3.875
## [144] 4.550 4.550 4.300 3.925 4.175 4.325 3.950
```

```
colMeans(iris[, c(1, 2, 3, 4)])
```

```
## Sepal.Length  Sepal.Width Petal.Length  Petal.Width
##     5.843333     3.057333     3.758000     1.199333
```

9.2.5.12 aggregate()

La fonction `aggregate()` permet de grouper les éléments d'un objet en fonction d'une valeur. L'argument `by` définit l'élément sur lequel est effectué le regroupement. Il doit être de type `list`.

```
aggregate(iris[, c(1, 2, 3, 4)], by = list(iris$Species), FUN = mean)
```

```
##      Group.1 Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width
## 1     setosa        5.006       3.428        1.462       0.246
## 2 versicolor        5.936       2.770        4.260       1.326
## 3  virginica        6.588       2.974        5.552       2.026
```

```
aggregate(iris[, c(1, 2)], by = list(iris$Species), FUN = summary)
```

```
##      Group.1 Sepal.Length.Min. Sepal.Length.1st Qu. Sepal.Length.Median
## 1     setosa             4.300                4.800               5.000
## 2 versicolor             4.900                5.600               5.900
## 3  virginica             4.900                6.225               6.500
##   Sepal.Length.Mean Sepal.Length.3rd Qu. Sepal.Length.Max.
## 1             5.006                5.200             5.800
## 2             5.936                6.300             7.000
## 3             6.588                6.900             7.900
##   Sepal.Width.Min. Sepal.Width.1st Qu. Sepal.Width.Median Sepal.Width.Mean
## 1            2.300                3.200              3.400            3.428
## 2            2.000                2.525              2.800            2.770
## 3            2.200                2.800              3.000            2.974
##   Sepal.Width.3rd Qu. Sepal.Width.Max.
## 1               3.675            4.400
## 2               3.000            3.400
## 3               3.175            3.800
```

9.2.5.13 range()

La fonction `range()` renvoie le minimum et le maximum.

```
range(iris[, 1])
```

```
## [1] 4.3 7.9
```

```
print(vecManip3)
```

```
## [1]  1  5  6  8 NA 45 NA 14
```

```
range(vecManip3)
```

```
## [1] NA NA
```

```
range(vecManip3, na.rm = TRUE)
```

```
## [1]  1 45
```

9.2.5.14 `unique()`

La fonction `unique()` renvoie les valeurs uniques d'un objet (sans les doublons).

```
unique(iris[, 1])
```

```
##  [1] 5.1 4.9 4.7 4.6 5.0 5.4 4.4 4.8 4.3 5.8 5.7 5.2 5.5 4.5 5.3 7.0 6.4
## [18] 6.9 6.5 6.3 6.6 5.9 6.0 6.1 5.6 6.7 6.2 6.8 7.1 7.6 7.3 7.2 7.7 7.4
## [35] 7.9
```

```
print(vecManip3)
```

```
## [1]  1  5  6  8 NA 45 NA 14
```

```
unique(vecManip3)
```

```
## [1]  1  5  6  8 NA 45 14
```

9.3 Autres fonctions utiles

Nous ne pouvons aborder toutes les fonctions utiles, ici nous ne ferons qu'aborder certaines fonctions. Tout au long de ce livre de nouvelles fonctions seront utilisées. Lorsqu'une nouvelle fonction est utilisée, notre réflexe doit être toujours le même : **consulter la documentation** avec la fonction `help()`.

9.3.1 `seq_along()`

La fonction `seq_along()` permet de créer un `vector` de la taille de l'objet renseigné et prenant comme valeurs les chiffres de 1 à N (N correspondant aux nombres d'éléments de l'objet). Cette fonction nous servira beaucoup lors du chapitre sur les boucles.

```
print(vecManip3)
```

```
## [1]  1  5  6  8 NA 45 NA 14
```

```
seq_along(vecManip3)
```

```
## [1] 1 2 3 4 5 6 7 8
```

9.3.2 `:`

La fonction `:` permet de créer une séquence de a à b par pas de 1, avec a et b le début et la fin de la séquence souhaitée. Il a été difficile d'écrire les chapitres précédents sans y avoir recours tant cette fonction est utile. Voici quelques exemples.

```
5:10
```

```
## [1]  5  6  7  8  9 10
```

```
head(iris[, c(1, 2, 3, 4)])
```

```
##   Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width
## 1          5.1         3.5          1.4         0.2
## 2          4.9         3.0          1.4         0.2
## 3          4.7         3.2          1.3         0.2
## 4          4.6         3.1          1.5         0.2
## 5          5.0         3.6          1.4         0.2
## 6          5.4         3.9          1.7         0.4
```

```
head(iris[, 1:4]) # ;-)
```

```
##   Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width
## 1          5.1         3.5          1.4         0.2
## 2          4.9         3.0          1.4         0.2
## 3          4.7         3.2          1.3         0.2
## 4          4.6         3.1          1.5         0.2
## 5          5.0         3.6          1.4         0.2
## 6          5.4         3.9          1.7         0.4
```

```
miVec01 <- c(1, 2, 3, 4)
miVec01 <- 1:4 # ;-)
-10:12
```

```
##  [1] -10  -9  -8  -7  -6  -5  -4  -3  -2  -1   0   1   2   3   4   5   6
## [18]   7   8   9  10  11  12
```

```
5:-5
```

```
##  [1]  5  4  3  2  1  0 -1 -2 -3 -4 -5
```

```
paste("X", 1:10, sep = "_")
```

```
##  [1] "X_1"  "X_2"  "X_3"  "X_4"  "X_5"  "X_6"  "X_7"  "X_8"  "X_9"  "X_10"
```

9.3.3 rep()

La fonction `rep()` permet de répéter des éléments.

```
miVec12 <- c(1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1)
miVec12 <- rep(1, times = 9) # ;-)
rep("Hola", times = 3)
```

```
## [1] "Hola" "Hola" "Hola"
```

```
rep(1:3, time = 3)
```

```
## [1] 1 2 3 1 2 3 1 2 3
```

```
rep(1:3, length.out = 10)
```

```
##  [1] 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1
```

```
rep(1:3, each = 3)
```

```
## [1] 1 1 1 2 2 2 3 3 3
```

9.3.4 seq()

La fonction `seq()` permet de créer une séquence personnalisée.

```
seq(from = 0, to = 1, by = 0.2)
```

```
## [1] 0.0 0.2 0.4 0.6 0.8 1.0
```

```
seq(from = 20, to = 10, length.out = 10)
```

```
##  [1] 20.00000 18.88889 17.77778 16.66667 15.55556 14.44444 13.33333
##  [8] 12.22222 11.11111 10.00000
```

```
letters[seq(from = 1, to = 26, by = 2)]
```

```
##  [1] "a" "c" "e" "g" "i" "k" "m" "o" "q" "s" "u" "w" "y"
```

```
rep(seq(from = 1, to = 2, by = 0.5), times = 3)
```

```
## [1] 1.0 1.5 2.0 1.0 1.5 2.0 1.0 1.5 2.0
```

9.3.5 getwd()

La fonction `getwd()` définit le répertoire de travail. Cela correspond à l'endroit relatif à partir duquel R se positionne pour identifier les fichiers. Ce concept prendra son sens lorsque nous verrons comment importer et exporter des données.

```
getwd()
```

```
## [1] "C:/Users/nous/Documents/Francois/TRAVAIL/GitHub/myRBook_FR"
```

9.3.6 setwd()

La fonction `setwd()` permet de définir un nouveau répertoire de travail.

```
oldWd <- getwd()
print(oldWd)
```

```
## [1] "C:/Users/nous/Documents/Francois/TRAVAIL/GitHub/myRBook_FR"
```

```
setwd("..")
getwd()
```

```
## [1] "C:/Users/nous/Documents/Francois/TRAVAIL/GitHub"
```

```
setwd(oldWd)
getwd()
```

```
## [1] "C:/Users/nous/Documents/Francois/TRAVAIL/GitHub/myRBook_FR"
```

9.3.7 list.files()

La fonction `list.files()` permet de faire la liste de tous les fichiers présents dans le répertoire de travail.

```
list.files(pattern = "(html)$") # html
```

```
## [1] "google_analytics_FR.html"
```

```
list.files(pattern = "(pdf)$") # pdf
```

```
## character(0)
```

9.3.8 ls()

Tout comme la fonction `list.files()` permet de faire la liste de tous les fichiers présents dans le répertoire de travail, la fonction `ls()` permet de faire la liste de tous les objets présents dans l'environnement de travail de R.

```
ls()
```

```
##  [1] "aLogic"       "bddInsect"    "characters"   "contrib"
##  [5] "dfForMat"     "factor01"     "i"            "irisCopy"
##  [9] "j"            "k"            "logicals"     "mdat"
## [13] "miArray"      "miArray02"    "miDf01"       "miDfSub01"
## [17] "miDfSub02"    "miDfSub03"    "miDfSub04"    "miList01"
## [21] "miList02"     "miList0203"   "miList03"     "miList04"
## [25] "miList05"     "miList06"     "miMat"        "miMat01"
## [29] "miMat02"      "miVec01"      "miVec02"      "miVec03"
## [33] "miVec04"      "miVec05"      "miVec06"      "miVec07"
## [37] "miVec08"      "miVec09"      "miVec10"      "miVec11"
## [41] "miVec12"      "miVec13"      "miVec14"      "miVec15"
## [45] "miVec20"      "miVec21"      "miVec22"      "miVec23"
## [49] "miVec24"      "miVec25"      "miVecArr"     "miVecArr02"
## [53] "miVecConf"    "miVecNA"      "miVecOp"      "msg"
## [57] "myCol"        "myRow"        "myText"       "myText2"
## [61] "myText3"      "myText4"      "myText5"      "nbrRep"
## [65] "newVec"       "newVec2"      "numbers"      "oldWd"
## [69] "opAriDf"      "roundDou"     "sumIntDou"    "sumIntInt"
## [73] "terme01"      "terme02"      "vecForMat01"  "vecForMat02"
## [77] "vecForMat03"  "vecForMatrix" "vecManip"     "vecManip2"
## [81] "vecManip3"
```

```
zzz <- "a new object"
ls()
```

```
##  [1] "aLogic"       "bddInsect"    "characters"   "contrib"
##  [5] "dfForMat"     "factor01"     "i"            "irisCopy"
##  [9] "j"            "k"            "logicals"     "mdat"
## [13] "miArray"      "miArray02"    "miDf01"       "miDfSub01"
## [17] "miDfSub02"    "miDfSub03"    "miDfSub04"    "miList01"
## [21] "miList02"     "miList0203"   "miList03"     "miList04"
## [25] "miList05"     "miList06"     "miMat"        "miMat01"
## [29] "miMat02"      "miVec01"      "miVec02"      "miVec03"
## [33] "miVec04"      "miVec05"      "miVec06"      "miVec07"
## [37] "miVec08"      "miVec09"      "miVec10"      "miVec11"
## [41] "miVec12"      "miVec13"      "miVec14"      "miVec15"
## [45] "miVec20"      "miVec21"      "miVec22"      "miVec23"
## [49] "miVec24"      "miVec25"      "miVecArr"     "miVecArr02"
## [53] "miVecConf"    "miVecNA"      "miVecOp"      "msg"
## [57] "myCol"        "myRow"        "myText"       "myText2"
## [61] "myText3"      "myText4"      "myText5"      "nbrRep"
## [65] "newVec"       "newVec2"      "numbers"      "oldWd"
## [69] "opAriDf"      "roundDou"     "sumIntDou"    "sumIntInt"
## [73] "terme01"      "terme02"      "vecForMat01"  "vecForMat02"
## [77] "vecForMat03"  "vecForMatrix" "vecManip"     "vecManip2"
## [81] "vecManip3"    "zzz"
```

9.3.9 rm()

La fonction `rm()` permet de supprimer un objet présent dans l'environnement de travail de R.

```
rm(zzz)
ls()
```

```
##  [1] "aLogic"       "bddInsect"    "characters"   "contrib"
##  [5] "dfForMat"     "factor01"     "i"            "irisCopy"
##  [9] "j"            "k"            "logicals"     "mdat"
## [13] "miArray"      "miArray02"    "miDf01"       "miDfSub01"
## [17] "miDfSub02"    "miDfSub03"    "miDfSub04"    "miList01"
## [21] "miList02"     "miList0203"   "miList03"     "miList04"
## [25] "miList05"     "miList06"     "miMat"        "miMat01"
## [29] "miMat02"      "miVec01"      "miVec02"      "miVec03"
## [33] "miVec04"      "miVec05"      "miVec06"      "miVec07"
## [37] "miVec08"      "miVec09"      "miVec10"      "miVec11"
## [41] "miVec12"      "miVec13"      "miVec14"      "miVec15"
## [45] "miVec20"      "miVec21"      "miVec22"      "miVec23"
## [49] "miVec24"      "miVec25"      "miVecArr"     "miVecArr02"
## [53] "miVecConf"    "miVecNA"      "miVecOp"      "msg"
## [57] "myCol"        "myRow"        "myText"       "myText2"
## [61] "myText3"      "myText4"      "myText5"      "nbrRep"
## [65] "newVec"       "newVec2"      "numbers"      "oldWd"
## [69] "opAriDf"      "roundDou"     "sumIntDou"    "sumIntInt"
## [73] "terme01"      "terme02"      "vecForMat01"  "vecForMat02"
## [77] "vecForMat03"  "vecForMatrix" "vecManip"     "vecManip2"
## [81] "vecManip3"
```

9.4 Quelques exercices

Voici quelques exercices pour se perfectionner dans l'usage des fonctions et en apprendre de nouvelles grâce à la documentation. Certains exercices sont difficiles, nous pourrons y revenir plus tard.

9.4.1 Séquences

9.4.1.1 Reproduisons les séquences suivantes :

-3 -4 -5 -6 -7 -8 -9 -10 –11

-3 -1 1 3 5 7 9 11

3.0 3.2 3.4 3.6 3.8 4.0

20 18 16 14 12 10 8 6

“a” “f” “k” “p” “u” “z”

“a” “a” “a” “a” “a” “f” “f” “f” “f” “f” “k” “k” “k” “k” “k” “p” “p” “p” “p” “p” “u” “u” “u” “u” “u” “z” “z” “z” “z” “z”

9.4.1.2 Solutions possibles (car il y a toujours plusieurs solutions) :

```
-3:-11
```

```
## [1]  -3  -4  -5  -6  -7  -8  -9 -10 -11
```

```
seq(from = -3, to = 11, by = 2)
```

```
## [1] -3 -1  1  3  5  7  9 11
```

```
seq(from = 3.0, to = 4.0, by = 0.2)
```

```
## [1] 3.0 3.2 3.4 3.6 3.8 4.0
```

```
letters[seq(from = 1, to = 26, by = 5)]
```

```
## [1] "a" "f" "k" "p" "u" "z"
```

```
letters[rep(seq(from = 1, to = 26, by = 5), each = 5)]
```

```
##  [1] "a" "a" "a" "a" "a" "f" "f" "f" "f" "f" "k" "k" "k" "k" "k" "p" "p"
## [18] "p" "p" "p" "u" "u" "u" "u" "u" "z" "z" "z" "z" "z"
```

9.4.2 Statistiques descriptives

Dans le jeu de données `iris`, combien de valeurs de largeur de sépales sont supérieures à 3 ? Entre 2.8 et 3.2 ?

Comment peut-on visualiser la distribution des données (fonction `table()`) ?

Quelles sont les 10 valeurs les plus petites ?

Comment calculer un intervalle contenant 90% des valeurs ?

Si la distribution des données était Normale, quelle serait la valeur théorique de cet intervalle de 90% (fonction `qnorm()`) ?

Solutions :

```
length(iris$Sepal.Width[iris$Sepal.Width > 3])
```

```
## [1] 67
```

```
length(iris$Sepal.Width[iris$Sepal.Width > 2.8 &
  iris$Sepal.Width < 3.2])
```

```
## [1] 47
```

```
table(iris$Sepal.Width)
```

```
##
##   2 2.2 2.3 2.4 2.5 2.6 2.7 2.8 2.9   3 3.1 3.2 3.3 3.4 3.5 3.6 3.7 3.8
##   1   3   4   3   8   5   9  14  10  26  11  13   6  12   6   4   3   6
## 3.9   4 4.1 4.2 4.4
##   2   1   1   1   1
```

```
table(round(iris$Sepal.Width))
```

```
##
##   2   3   4
##  19 106  25
```

```
irisSepWCopy <- iris$Sepal.Width
irisSepWCopy <- irisSepWCopy[order(irisSepWCopy)]
head(irisSepWCopy, n = 10)
```

```
##  [1] 2.0 2.2 2.2 2.2 2.3 2.3 2.3 2.3 2.4 2.4
```

```
quantile(irisSepWCopy, probs = c(0.05, 0.95))
```

```
##    5%   95%
## 2.345 3.800
```

```
qnorm(
  p = c(0.05, 0.95),
  mean = mean(irisSepWCopy),
  sd = sd(irisSepWCopy)
)
```

```
## [1] 2.340397 3.774270
```

9.5 Ecrire une fonction

Lorsque nous reproduisons plusieurs fois les mêmes opérations, le code devient fastidieux à écrire, et plus difficile à maintenir car si nous devons effectuer une modification, il faudra la répéter chaque fois que nous l'avons utilisée. C'est un signe indiquant

la nécesité de recourir à une **fonction**. Dans l'exemple qui suit, il est fastidieux de modifier le code si nous souhaitons ajouter +45 au lieu de +20 à chaque ligne.

```
35 + 20
```

```
## [1] 55
```

```
758 + 20
```

```
## [1] 778
```

```
862 + 20
```

```
## [1] 882
```

```
782 + 20
```

```
## [1] 802
```

Comme pour les fonctions de base de R, nos fonction vont avoir un **nom**, et des **arguments**. Comme pour les noms des objets et les noms des fichiers, il est important de bien choisir le nom de notre fonction (cf. section sur les objets). Pour créer une fonction nous allons utiliser la fonction `function()` qui prend comme arguments les arguments de notre fonction. La fonction va retourner le résultat souhaité. Par défaut le résultat renvoyé est le dernier utilisé, mais il est préférable de l'expliciter avec la fonction `return()`. La fonction suivante `addX` prend comme argument `x` et renvoie `x + 20`.

```
addX <- function(x){
  return(x + 20)
}
```

Notre code devient :

```
addX(35)
```

```
## [1] 55
```

```
addX(758)
```

```
## [1] 778
```

```
addX(862)
```

```
## [1] 882
```

```
addX(782)
```

```
## [1] 802
```

Si nous souhaitons modifier le code pour ajouter 45 plutôt que 20, il suffit alors de modifier la fonction `addX()`.

```
addX <- function(x){
  return(x + 45)
}
addX(35)
```

```
## [1] 80
```

```
addX(758)
```

```
## [1] 803
```

```
addX(862)
```

```
## [1] 907
```

```
addX(782)
```

```
## [1] 827
```

Ici nous aurions pu utiliser le format `vector` pour éviter les répétitions, mais ce n'est pas toujours possible.

```
c(35, 758, 862, 782) + 20
```

```
## [1]  55 778 882 802
```

Voyons cette fonction qui va compter le nombre de consonnes et de voyelles en minuscule dans un mot. Tout d'abord nous allons séparer toutes les lettres avec la fonction `strsplit` (nous pouvons consulter l'aide pour en savoir plus sur cette fonction). Ensuite nous allons compter les voyelles et les consonnes avec la fonction `length()`. Pour avoir la liste des lettres nous allons utiliser la constante `letters` (consulter l'aide).

```
countVowelConso <- function(word){
  wordSplit <- strsplit(word, split = "")[[1]]
  vowels <- c("a", "e", "i", "o", "u", "y")
  numVowel <- length(wordSplit[wordSplit %in% vowels])
  consonants <- letters[!letters %in% vowels]
  numConso <- length(wordSplit[wordSplit %in% consonants])
  return(c(numVowel, numConso))
}
```

Nous pouvons maintenant utiliser notre fonction.

```
countVowelConso(word = "qwertyuiop azertyuiop")
```

```
## [1] 11  9
```

Cette fonction peut être modifiée en affichant un message plus explicite. Même si en général ce genre de message est à éviter pour ne pas surcharger les fonctions, il peut être utile pour vérifier que tout se déroule correctement (nous le supprimerons ensuite).

```
countVowelConso <- function(word){
  wordSplit <- strsplit(word, split = "")[[1]]
  vowels <- c("a", "e", "i", "o", "u", "y")
  numVowel <- length(wordSplit[wordSplit %in% vowels])
  consonants <- letters[!letters %in% vowels]
  numConso <- length(wordSplit[wordSplit %in% consonants])
  print(paste0("Il y a ", numVowel, " voyelles et ",
    numConso, " consonnes dans le mot '", word, "'."))
  return(c(numVowel, numConso))
```

```
}
countVowelConso(word = "qwertyuiop azertyuiop")
```

```
## [1] "Il y a 11 voyelles et 9 consonnes dans le mot 'qwertyuiop azertyuiop'."
```

```
## [1] 11  9
```

Par contre si nous utilisons `countVowelConso(word = 5)`, une erreur va être renvoyée car notre fonction attend un objet de type `character`. De manière générale il est recommandée de gérer les erreurs renvoyées par nos fonctions afin que notre code soit plus facile à débogger. Ici nous allons simplement vérifier que l'argument est de type `character`, dans un `vector` de taille 1. Nous allons aussi commenter notre fonction pour rapidement retrouver ce qu'elle réalise (commentaire inséré sur la première ligne, que l'on retrouve aussi parfois sur la dernière ligne des fonctions).

```
countVowelConso <- function(word){ # compte les voyelles et les consonnes
  if(is.vector(word) & is.character(word) & length(word) == 1){
    wordSplit <- strsplit(word, split = "")[[1]]
    vowels <- c("a", "e", "i", "o", "u", "y")
    numVowel <- length(wordSplit[wordSplit %in% vowels])
    consonants <- letters[!letters %in% vowels]
    numConso <- length(wordSplit[wordSplit %in% consonants])
    return(c(numVowel, numConso))
  } else {
    print(paste0("Erreur dans la fonction countVowelConso, ",
      "argument 'word' incorrect (", word, ")"))
  }
}
countVowelConso(word = "qwertyuiop azertyuiop")
```

```
## [1] 11  9
```

```
countVowelConso(word = 5)
```

```
## [1] "Erreur dans la fonction countVowelConso, argument 'word' incorrect (5)"
```

Avec R comme pour tout langage de programmation, pour un problème il existe toujours de multiples solutions. Nous nous souvenons de la section sur les types de données (type de données `logical`), ainsi que de la section sur les opérateurs de comparaison que la valeur de `TRUE` est de 1 et la valeur de `FALSE` est de 0. Nous venons de voir ci-dessus que la fonction `%in%` renvoie `TRUE` ou `FALSE` pour chacun des éléments du premier objet en fonction de leur présence ou absence dans le second objet. Notre fonction aurait pu donc se passer de la fonction `length()` pour le comptage des voyelles et des consonnes et utiliser la fonction `sum()`.

```
countVowelConsoAlt <- function(word){ # compte les voyelles et les consonnes
  if(is.vector(word) & is.character(word) & length(word) == 1){
    wordSplit <- strsplit(word, split = "")[[1]]
    vowels <- c("a", "e", "i", "o", "u", "y")
    numVowel <- sum(wordSplit %in% vowels)
    consonants <- letters[!letters %in% vowels]
    numConso <- sum(wordSplit %in% consonants)
    return(c(numVowel, numConso))
  } else {
    print(paste0("Erreur dans la fonction countVowelConso, ",
      "argument 'word' incorrect (", word, ")"))
  }
```

```
}
countVowelConsoAlt(word = "qwertyuiop azertyuiop")
```

```
## [1] 11  9
```

Il n'y a pas de solution optimale dans l'absolu, tout dépend des objectifs recherchés. La première solution est peut être plus facile à comprendre, et la seconde peut être plus rapide en terme de vitesse d'exécution (même en répétant l'utilisation de la fonction 10000 fois, le gain de temps est presque nul dans notre cas).

```
system.time(replicate(n = 10000, countVowelConso(word = "qwertyuiop azertyuiop")))
```

```
##    user  system elapsed
##    0.18    0.00    0.17
```

```
system.time(replicate(n = 10000, countVowelConsoAlt(word = "qwertyuiop azertyuiop")))
```

```
##    user  system elapsed
##    0.15    0.00    0.15
```

Une fonction peut avoir des valeurs par défaut pour ses arguments. C'est le cas de la plupart des fonctions existantes. Par défaut, notre fonction va désormais compter le nombre de voyelles et de consonnes dans le mot `qwerty` (les parenthèses restent nécessaires même en l'absence d'arguments).

```
countVowelConsoAlt <- function(word = "qwerty"){ # compte les voyelles et les consonnes
  if(is.vector(word) & is.character(word) & length(word) == 1){
    wordSplit <- strsplit(word, split = "")[[1]]
    vowels <- c("a", "e", "i", "o", "u", "y")
    numVowel <- sum(wordSplit %in% vowels)
    consonants <- letters[!letters %in% vowels]
    numConso <- sum(wordSplit %in% consonants)
    return(c(numVowel, numConso))
  } else {
    print(paste0("Erreur dans la fonction countVowelConso, ",
      "argument 'word' incorrect (", word, ")"))
  }
}
countVowelConsoAlt()
```

```
## [1] 2 4
```

R compte de nombreuses fonctions, donc avant de vous lancer dans l'écriture d'une nouvelle fonction, il faut toujours vérifier que celle-ci n'existe pas déjà soit dans la version de base de R, soit dans des **packages** développés par la communauté des utilisateurs. Pour cela nous pouvons utiliser l'aide et la fonction ??, mais aussi notre navigateur Internet.

9.6 Autres fonctions développées par la communauté des utilisateurs : les packages

Un package est un ensemble de fichiers que l'on va ajouter à R pour pouvoir utiliser des fonctions (ou des jeux de données) que d'autres personnes ont développés. Il ya à ce jour plus de 10000 packages sur les serveurs de R (CRAN ; `https://cran.r-project.org/web/packages/`), plus de 1000 sur les serveurs de BioConductor (pour l'analyse génomique), et plusieurs centaines sur GitHub. Chaque package permet de mettre à disposition des fonctions pour à peu près tout faire… Il peut donc être

difficile de trouver le package adapté à ce que nous souhaitons réaliser, et il est important de consacrer du temps sa recherche, et de tester plusieurs solutions.

Pour utiliser un package il nous faut tout d'abord l'**installer**, puis le **charger** dans notre session de R.

9.6.1 Installer un package

Une fois notre package sélectionné, nous pouvons le télécharger et l'installer avec la fonction `install.packages()` qui prend comme argument le nom du package entre guillemets (la fonction tolère l'absence de guillemets mais il est préférable de les utiliser pour que le code soit plus lisible). Certains packages sont installés par défault avec R, c'est le cas par exemple de `stats` (qui est aussi chargé par défaut).

```
install.packages("stats") # R statistical functions
```

L'installation d'un package est à réaliser une seule fois, ensuite le package est sur notre ordinateur.

9.6.2 Charger un package

Pour pouvoir utiliser les fonctions d'un package, nous devons le charger dans notre session de R. Il y a tellement de packages disponibles que R ne va pas charger par défault tous ceux que nous avons installé, mais seulement ceux dont nous allons avoir besoin pour notre étude en cours. Pour charger un package nous utilisons la fonction `library()`.

```
library("stats")
```

Le chargement du package est à réaliser à chaque fois que nous souhaitons exécuter notre code, il fait donc partie intégrante de notre script.

9.6.3 Portabilité du code

Nous venons de voir que l'installation d'un package est à faire une seule fois par ordinateur, et que par contre le chargement d'un package est à réaliser pour chaque nouvelle session de R. Si l'on change d'ordinateur ou si l'on partage un script avec un collègue, il peut donc y avoir des erreurs à l'exécution liées à l'absence de l'installation d'un package. Pour pallier à ce problème, il est recommandé d'utiliser une fonction qui va vérifier si les packages nécessaires à l'exécution d'un script sont installés, si besoin les installer, puis les charger. Il existe de nombreuses fonctions pour faire cela sur Internet. La solution que nous proposons ici est un mélange adapté de différentes sources. Il n'est pas nécessaire de comprendre les détails de ce script pour le moment, mais simplement de comprendre ce qu'il fait. Voici un exemple pour les packages `stats` et `graphics` qui sont deux packages déjà présents avec la version de base de R, mais nous pouvons essayer avec tous les packages disponibles sur le CRAN, dont la liste se trouve ici : `https://cran.r-project.org/web/packages/available_packages_by_name.html`.

```
pkgCheck <- function(packages){
    for(x in packages){
        try(if(!require(x, character.only = TRUE)){
            install.packages(x, dependencies = TRUE)
            if(!require(x, character.only = TRUE)){
                stop()
            }
        })
    }
}
pkgCheck(c("stats", "graphics"))
```

Alternativement nous pouvons utiliser la fonction `.packages()` pour lister les packages disponibles sur le CRAN par ordre alphabétique.

```
head(.packages(all.available = TRUE), n = 30)
```

```
##  [1] "abind"       "ade4"        "ape"         "assertthat"  "backports"
##  [6] "base64enc"   "BH"          "bindr"       "bindrcpp"    "bitops"
## [11] "bookdown"    "brew"        "broom"       "ca"          "callr"
## [16] "caret"       "cartography" "caTools"     "CircStats"   "classInt"
## [21] "cli"         "clipr"       "clisymbols"  "coda"        "colorRamps"
## [26] "colorspace"  "commonmark"  "cranlogs"    "crayon"      "crul"
```

La fonction `pkgCheck()` assure la **portabilité** de nos scripts : ils fonctionneront sur tous les ordinateurs sans avoir à effectuer de modification. Ainsi nos scipts pourront par exemple être joints à nos articles scientifiques et assurer ainsi la **reproductibilité** de nos résultats.

9.7 Conclusion

Félicitations ! Nous savons à présent ce qu'est une fonction, comment chercher de l'aide sur une fonction, et même écrire ses propres fonctions. Nous savons aussi qu'il existe de nombreuses fonctions développées par la communauté des utilisateurs de R au sein de packages que nous savons installer et charger, et s'assurer de la portabilité de nos script d'un ordinateur à un autre (important pour la reproductibilité des résultats). Le prochain chapitre va s'intéresser à la lecture et à l'écriture de fichiers car bien souvent, nos données sont sur des fichiers de texte ou de tableurs.

Chapter 10

Importer et exporter des données

10.1 Lire des données depuis un fichier

10.1.1 Transformer ses données au format TXT ou CSV

Il existe de nombreuses façons de lire le contenu d'un fichier avec R. Cependant nous nous focaliserons sur la lecture des fichiers TXT et CSV qui sont les plus communs et les plus fiables. A de rares exceptions près tous les fichiers de données peuvent très facilement être transformés aux formats TXT et CSV. C'est la pratique à préférer pour une analyse des données avec R.

Concrètement, depuis Microsoft Excel, il suffit d'aller dans *Fichier*, puis *Enregistrer sous*, de sélectionner l'endroit où nous souhaitons sauvegarder notre fichier (cf. chapitre suivant sur la gestion d'un projet R) puis dans la fenêtre de sauvegarde changer le *Type* depuis XLSX vers CSV. Depuis LibreOffice Calc, il suffit d'aller dans *Fichier*, puis *Enregistrer sous*, puis de sélectionner le *Type* CSV. Il est important de savoir que le fichier CSV ne supporte pas la mise en forme des fichiers tableurs avec par exemple des couleurs, et que le fichier CSV ne contient qu'un seul onglet. Si nous avons un fichier tableur avec plusieurs onglets, il faudra sauvegarder autant de fichiers CSV que d'onglets.

CSV vient de l'anglais *Comma-separated values* (`https://fr.wikipedia.org/wiki/Comma-separated_values`), et représente des données de tableur au format texte séparées par des virgules (ou des points virgules suivant les pays). Un fichier CSV pourra toujours s'ouvrir avec notre logiciel de tableur, mais aussi avec un simple éditeur de texte comme le bloc notes de Windows ou encore avec Notepad++. Il est d'ailleurs préférables d'ouvrir les fichiers CSV avec un éditeur de texte car les tableurs ont la facheuse tendance à vouloir modifier automatiquement les fichiers CSV et cela a pour conséquence de les rendre difficiles à lire.

Une fois le fichier TXT ou CSV obtenu, la lecture du contenu depuis R est facile, même si elle demande un peu de rigueur.

10.1.2 Lire un fichier CSV

C'est la source d'erreur la plus commune chez les débutants en R. C'est pourquoi il est important de lire et de relire ce chapitre et celui sur la gestion d'un projet R avec beaucoup d'attention.

Commençons par préciser que R travaille dans un répertoire défini par défaut. Les utilisateurs de Rstudio ou autre environnement de développement spécialisés pour R seront tenter d'utiliser les options disponibles via les menus pour définir leur répertoire de travail ou pour charger le contenu d'un fichier. Dans ce livre ces techniques ne seront jamais utilisées car elles ne permettent pas la reproductibilité des résultats. Un script doit toujours pouvoir fonctionner pour tous les systèmes d'exploitation et quel que soit l'environnement de développement de l'utilisateur.

Le répertoire de travail par défaut peut être obtenu avec la fonction `getwd()` et spécifier avec la fonction `setwd()`.

```
oldWd <- getwd()
print(oldWd)
```

```
## [1] "C:/Users/nous/Documents/Francois/TRAVAIL/GitHub/myRBook_FR"
```

```
setwd("..")
getwd()
```

```
## [1] "C:/Users/nous/Documents/Francois/TRAVAIL/GitHub"
```

```
setwd(oldWd)
getwd()
```

```
## [1] "C:/Users/nous/Documents/Francois/TRAVAIL/GitHub/myRBook_FR"
```

Nous avons donc quatre options :

- nous pouvons lire le contenu d'un fichier en indiquant à R son chemin complet (à proscrire pour la reproductibilité des résultats)
- nous pouvons lire le contenu d'un fichier en indiquant à R son chemin relatif
- nous pouvons déplacer le fichier dans le répertoire de travail de R
- nous pouvons modifier le répertoire de travail de R pour qu'il corresponde à l'emplacement de notre fichier (avec son chemin relatif)

Un exemple de chemin complet serait :

- `/home/myName/myFile.csv` sous un environnement UNIX
- `C:/users/myName/myFile.csv` sous un environnement Windows (attention, sous R nous utilisons `/` et non pas `\` comme c'est le cas par défaut sous Windows)

Un chemin relatif serait :

- `myName/myFiles.csv`

Pour naviguer dans les chemins relatifs nous pouvons utiliser `..` qui permet de remonter dans le répertoire source. Par exemple si le répertoire de travail est `myScripts` et que l'arborescence de mes fichiers est ainsi :

```
## -myProject
## |-myFiles
## |-|-data01.csv
## |-|-data02.csv
## |-myScripts
## |-|-myFirstScript.R
```

Le chemin relatif vers le fichier `data01.csv` serait `../myFiles/data01.csv`

Donc pour lire le contenu du fichier `data01.csv`, nous allons privilégier l'option 2 (lire le contenu d'un fichier en indiquant à R son chemin relatif) ou l'option 4 (modifier le répertoire de travail de R pour qu'il corresponde à l'emplacement de notre fichier). Dans ce dernier cas :

```
myWD <- "../myFiles/"
setwd(myWd)
getwd() # pour verifier que nous sommes dans le bon repertoire
list.files() # pour verifier que le fichier se trouve bien ici
```

L'erreur la plus commune :

```
## Error in setwd("../myFiles/") :
## impossible de changer de répertoire de travail
```

Cela veut dire que le répertoire n'existe pas (il faut vérifier que la syntaxe est correcte et que le répertoire existe bien avec ce chemin).

Une fois le répertoire de travail correctement défini ou le chemin relatif vers le fichier correctement établi, nous pouvons lire le fichier avec la fonction `read.table()`. Certains utilisent la fonction `read.csv()` mais ce n'est qu'un cas particulier de la fonction `read.table()`.

```
myWD <- "../myFiles/"
setwd(myWd)
read.table(file = "data01.csv")
```

ou alternativement :

```
read.table(file = "../myFiles/data01.csv")
```

Si le chemin n'est pas correctement renseigné ou si le fichier de données n'existe pas, R renverra l'erreur suivante :

```
## Error in file(file, "rt") : impossible d'ouvrir la connexion
## De plus : Warning message:
## In file(file, "rt") :
##   impossible d'ouvrir le fichier '../myFiles/data01.csv' : No such file or directory
```

Si tout va bien, R affiche le contenu du fichier `data01.csv`. Attention aux utilisateurs de Windows car par défaut le nom des fichier apparaît sans leur extension… Ainsi lorsque nous navigons dans les répertoires avec l'explorateur de fichiers, il n'y a pas de fichier `data01.csv` mais uniquement un fichier `data01`. Il est indispensable de remedier à ce problème pour éviter les erreurs. Pour ce faire il suffit d'ouvrir les 'Options de l'Explorateur de fichiers' via la touche 'Windows', puis dans l'onglet 'Affichage', de vérifier que l'option 'Masquer les extensions des fichiers dont le type est connu' est bien décochée.

En consultant l'aide sur la fonction `read.table()`, nous puvons voir qu'elle possède de nombreux arguments. Les principaux sont les suivants :

- `header = FALSE` : est-ce que le fichier contient des noms de colonnes ? Si oui alors il faut changer la valeur pour `header = TRUE`
- `sep = ""` : comment sont séparées les données de la table ? Dans un fichier CSV il s'agit de la virgule ou du point virgule, donc à changer pour `sep = ","` ou `sep = ";"`
- `dec = "."` : quel est le séparateur des nombres décimaux ? Si c'est la virgule alors il faut changer pour `dec = ","`

Avec ces trois arguments la plupart des fichiers pourront être lus sans aucun problème. En cas de besoin l'aide est faite pour être consultée, et elle est très complète.

La fonction `read.table()` renvoie le contenu du fichier sous forme d'une `data.frame`. Pour pouvoir utiliser le contenu du fichier nous allons donc stocker la `data.frame` dans un objet.

```
myWD <- "../myFiles/"
setwd(myWd)
data01 <- read.table(file = "data01.csv")
str(data01) # verifier format des donnees
head(data01) # verifier les premieres donnees
```

L'étude de cas sur l'analyse de données de dataloggers se base sur un fichier CSV. En voici un extrait :

```
bdd <- read.table("myFiles/E05C13.csv", skip = 1, header = TRUE,
  sep = ",", dec = ".", stringsAsFactors = FALSE)
```

```
colnames(bdd) <- c("id", "date", "temp")
head(bdd)
```

```
##   id             date  temp
## 1  1 11/12/15 23:00:00 4.973
## 2  2 11/12/15 23:30:00 4.766
## 3  3 11/13/15 00:00:00 4.844
## 4  4 11/13/15 00:30:00 4.844
## 5  5 11/13/15 01:00:00 5.076
## 6  6 11/13/15 01:30:00 5.282
```

```
tail(bdd)
```

```
##          id             date  temp
## 32781 32781 09/25/17 21:00:00 7.091
## 32782 32782 09/25/17 21:30:00 6.914
## 32783 32783 09/25/17 22:00:00 6.813
## 32784 32784 09/25/17 22:30:00 6.611
## 32785 32785 09/25/17 23:00:00 6.331
## 32786 32786 09/25/17 23:30:00 5.385
```

```
str(bdd)
```

```
## 'data.frame':    32786 obs. of  3 variables:
##  $ id  : int  1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...
##  $ date: chr  "11/12/15 23:00:00" "11/12/15 23:30:00" "11/13/15 00:00:00" "11/13/15 00:30:00" ...
##  $ temp: num  4.97 4.77 4.84 4.84 5.08 ...
```

10.1.3 Lire un fichier texte

La fonction la plus simple pour lire un fichier contenant du texte est `readlines()`. Voici un exemple avec le fichier README.md de ce livre, que l'on retrouve sur GitHub.

```
readmeGitHub <- "https://raw.githubusercontent.com/frareb/myRBook_FR/master/README.md"
readLines(readmeGitHub)
```

```
## [1] "# myRBook_FR"
## [2] "Vous trouverez ici le code source du livre *Se former au logiciel R : initiation et perfectionn
```

Il existe aussi la fonction `scan()` qui va renvoyer l'ensemble des mots séparés par des espaces. Nous pouvons consulter l'aide pour plus d'information.

```
scan(readmeGitHub, what = "character")
```

```
##  [1] "#"                  "myRBook_FR"         "Vous"
##  [4] "trouverez"          "ici"                "le"
##  [7] "code"               "source"             "du"
## [10] "livre"              "*Se"                "former"
## [13] "au"                 "logiciel"           "R"
## [16] ":"                  "initiation"         "et"
## [19] "perfectionnement*," "construit"          "avec"
## [22] "bookdown."
```

10.2 Exporter ou charger des données pour R

Il est parfois utile de pouvoir sauvegarder un objet R pour pouvoir le réutiliser plus tard. C'est le cas par exemple lorsque le temps de calcul pour arriver à un résultat est très long, ou alors lorsque l'on souhaite libérer de l'espace dans la RAM. Pour ce faire il existe la fonction `save()` qui prend comme argument principal le nom de ou des objets que nous voulons sauvegarder.

L'objet sauvé va être stocké dans un fichier. Par convention, il est bon de donner le nom d'extension `.RData` aux fichiers contenant des objets R, de préférer un seul objet par fichier, et de donner le nom de l'objet comme nom de fichier.

```
myObject <- 5
ls(pattern = "myObject")
```

```
## [1] "myObject"
```

```
save(myObject, file = "myFiles/myObject.RData")
rm(myObject)
ls(pattern = "myObject")
```

```
## character(0)
```

Lors de la session de R suivante ou si nous avons à nouveau besoin de l'objet sauvegardé dans un fichier, nous pouvons le recharger avec la fonction `load()`.

```
ls(pattern = "myObject")
```

```
## character(0)
```

```
load("myFiles/myObject.RData")
ls(pattern = "myObject")
```

```
## [1] "myObject"
```

```
print(myObject)
```

```
## [1] 5
```

10.3 Exporter des données

Le meilleur moyen de communiquer vos résultats ou vos données est de transmettre vos scripts et vos fichiers de données. Parfois ce n'est pas possible ou pas adapté, et il peut être utile d'exporter ses données dans un fichier texte ou CSV. Pour ce faire il existe la fonction générique `write()` et la fonction `write.table()` pour les `data.frame`.

Par exemple nous allons créer une `data.frame` avec les numéros de 1 à 26 et les lettres correspondantes, puis les sauver dans un fichier CSV, puis lire les données contenues dans ce fichier.

```
dfLetters <- data.frame(num = 1:26, letters = letters)
write.table(dfLetters, file = "myFiles/dfLetters.csv",
  sep = ",", col.names = TRUE, row.names = FALSE)
read.table(file = "myFiles/dfLetters.csv", header = TRUE, sep = ",")
```

```
##    num letters
## 1    1       a
## 2    2       b
## 3    3       c
## 4    4       d
## 5    5       e
## 6    6       f
## 7    7       g
## 8    8       h
## 9    9       i
## 10  10       j
## 11  11       k
## 12  12       l
## 13  13       m
## 14  14       n
## 15  15       o
## 16  16       p
## 17  17       q
## 18  18       r
## 19  19       s
## 20  20       t
## 21  21       u
## 22  22       v
## 23  23       w
## 24  24       x
## 25  25       y
## 26  26       z
```

10.4 Conclusion

Félicitations ! Nous savons désormais comment lire des données contenues dans un fichier texte ou CSV, sauver et charger des données RData, et écrire dans un fichier. Rappelons que l'erreur la plus commune chez les débutants en R est la lecture des fichiers de données et l'organisation des fichiers. C'est pourquoi ce chapitre est à lire et à relire sans modération.

Chapter 11

Algorithmique

11.1 Tests logiques avec `if`

Si nous voulons effectuer une opération différente en fonction d'une condition, nous pouvons mettre en place un test logique du type **SI** *ceci* **ALORS** *faire cela* **SINON** *faire cela*. Avec R cela va se traduire par la fonction `if(cond) cons.expr else alt.expr` comme indiqué dans l'aide de la fonction.

```
myVar <- 2
if(myVar < 3) print("myVar < 3")
```

```
## [1] "myVar < 3"
```

```
if(myVar < 3) print("myVar < 3") else print("myVar > 3")
```

```
## [1] "myVar < 3"
```

Lorsque il y a plusieurs lignes de codes à exécuter en fonction du test logique, ou simplement pour rendre le code plus facile à lire, nous allons utiliser plusieurs lignes avec les acolades `{}` et en utilisant l'indentation.

```
myVar <- 2
myResult <- 0
if(myVar < 3){
  print("myVar < 3")
  myResult <- myVar + 10
} else {
  print("myVar > 3")
  myResult <- myVar - 10
}
```

```
## [1] "myVar < 3"
```

```
print(myResult)
```

```
## [1] 12
```

Dans cet exemple nous définissons une variable `myVar`. Si cette variable est inférieure à 3 alors la variable `myResult` prend comme valeur `myVar + 10`, et dans le cas contraire `myResult` prend comme valeur `myVar - 10`.

Nous avions déjà vu l'utilisation du test logique `if` dans le chapitre sur les fonctions. Nous avions alors testé si la variable entrée comme argument dans notre fonction était bien de type `character`.

```
myVar <- "qwerty"
if(is.character(myVar)){
  print("ok")
} else {
  print("error")
}
```

```
## [1] "ok"
```

Nous pouvons aussi imbriquer les tests logiques les uns dans les autres.

```
myVar <- TRUE
if(is.character(myVar)){
  print("myVar: character")
} else {
  if(is.numeric(myVar)){
    print("myVar: numeric")
  } else {
    if(is.logical(myVar)){
      print("myVar: logical")
    } else {
      print("myVar: ...")
    }
  }
}
```

```
## [1] "myVar: logical"
```

Il est aussi possible de stipuler plusieurs conditions, comme nous l'avons vu lors du chapitre sur les opérateurs de comparaison.

```
myVar <- 2
if(myVar > 1 & myVar < 50){
  print("ok")
}
```

```
## [1] "ok"
```

Dans cet exemple `myVar` est au format `numeric` donc la première condition (>1), et la seconde condition (<50) sont toutes les deux vérifiables. Par contre si nous affectons une variable de type `character` à `myVar` alors R va transformer 0 et 10 en objets de type `character` et tester si `myVar > "1"` puis si `myVar < "50"` en se basant sur un tri par ordre alphabétique. Dans l'exemple suivant `"azerty"` n'est pas situé par ordre alphabétique entre `"1"` et `"50"`, par contre c'est le cas de `"2azerty"`.

```
myVar <- "azerty"
limInit <- 1
limEnd <- 50
if(myVar > limInit & myVar < limEnd){
  print(paste0(myVar, " is between ", limInit, " and ", limEnd, "."))
} else {
  print(paste0(myVar, " not between ", limInit, " and ", limEnd, "."))
}
```

```
## [1] "azerty not between 1 and 50."
```

```
myVar <- "2azerty"
if(myVar > limInit & myVar < limEnd){
  print(paste0(myVar, " is between ", limInit, " and ", limEnd, "."))
} else {
  print(paste0(myVar, " not between ", limInit, " and ", limEnd, "."))
}
```

```
## [1] "2azerty is between 1 and 50."
```

Donc ce que nous voudrions faire est de tester si `myVar` est bien au format `numeric` puis uniquement si c'est le cas de tester les conditions suivantes.

```
myVar <- "2azerty"
if(is.numeric(myVar)){
  if(myVar > limInit & myVar < limEnd){
    print(paste0(myVar, " is between ", limInit, " and ", limEnd, "."))
  } else {
    print(paste0(myVar, " not between ", limInit, " and ", limEnd, "."))
  }
} else {
  print(paste0("Object ", myVar, " is not numeric"))
}
```

```
## [1] "Object 2azerty is not numeric"
```

Parfois, nous pouvons avoir besoin de tester une première condition puis une seconde condition uniquement si la première se vérifie dans un même test. Par exemple, pour un site nous voudrions savoir si il y a une seule espèces et tester si son abondance est supérieure à 10. Imaginons un jeu de données avec sous forme de vecteur les abondances. Nous allons tester le nombre d'espèces avec la fonction `length()`.

```
mySpecies <- c(15, 14, 20, 12)
if(length(mySpecies) == 1 & mySpecies > 10){
  print("ok!")
}
## Warning message:
## In if (length(mySpecies) == 1 & mySpecies > 10) { :
##   the condition has length > 1 and only the first element will be used
```

R renvoie une erreur car il ne peut pas au sein d'un test logique avec `if()` vérifier la seconde condition. En effet, `mySpecies > 10` renvoie `TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE`. Nous pouvons séparer le code en deux conditions :

```
mySpecies <- c(15, 14, 20, 12)
if(length(mySpecies) == 1){
  if(mySpecies > 10){
    print("ok!")
  }
}
```

Une alternative plus élégante consiste à spécifier à R de vérifier la seconde condition uniquement si la première est vraie. Pour cela nous pouvons utiliser `&&` à la place de `&`.

```
mySpecies <- c(15, 14, 20, 12)
if(length(mySpecies) == 1 && mySpecies > 10){
```

```
  print("ok!")
}
mySpecies <- 15
if(length(mySpecies) == 1 && mySpecies > 10){
  print("ok!")
}
```

```
## [1] "ok!"
```

```
mySpecies <- 5
if(length(mySpecies) == 1 && mySpecies > 10){
  print("ok!")
}
```

Avec & R va vérifier toutes les conditions, et avec && R va prendre chaque condition l'une après l'autre et poursuivre uniquement si elle se vérifie. Cela peut paraître anecdotique mais il est bon de connaître la différence entre & et && car nous les rencontrons souvent dans les codes disponibles sur Internet ou dans les packages.

11.2 Tests logiques avec `switch`

La fonction `switch()` est une variante de `if()` qui est utile lorsque nous avons de nombreuses options possibles sur une même expression. L'exemple suivant montre comment transformer un code utilisant `if()` en `switch()`.

```
x <- "aa"
if(x == "a"){
  result <- 1
}
if(x == "aa"){
  result <- 2
}
if(x == "aaa"){
  result <- 3
}
if(x == "aaaa"){
  result <- 4
}
print(result)
```

```
## [1] 2
```

```
x <- "aa"
switch(x,
  a = result <- 1,
  aa = result <- 2,
  aaa = result <- 3,
  aaaa = result <- 4)
print(result)
```

```
## [1] 2
```

11.3 La boucle `for`

En programmation, lorsque nous sommes amenés à répéter plusieurs fois la même ligne de code, c'est un signe indiquant qu'il faut utiliser une **boucle**. Une boucle est une manière d'itérer sur un ensemble d'objets (ou sur les éléments d'un objet), et de répéter une opération. Imaginons une `data.frame` avec des mesures de terrain à deux dates.

```
bdd <- data.frame(date01 = rnorm(n = 100, mean = 10, sd = 1),
                  date02 = rnorm(n = 100, mean = 10, sd = 1))
print(head(bdd))
```

```
##      date01    date02
## 1 10.315834  9.519002
## 2 10.236826  8.151063
## 3  9.954806  9.131444
## 4  8.571732  9.047025
## 5  8.198824  9.600322
## 6  9.197069 11.357179
```

Nous voudrions quantifier la différence entre la première et la deuxième date, puis mettre un indicateur pour savoir si cette différence est petite ou grande, par exemple avec un seuil arbitraire de 3. Donc pour chaque ligne nous pourrions faire :

```
bdd$dif <- NA
bdd$isDifBig <- NA

bdd$dif[1] <- sqrt((bdd$date01[1] - bdd$date02[1])^2)
bdd$dif[2] <- sqrt((bdd$date01[2] - bdd$date02[2])^2)
bdd$dif[3] <- sqrt((bdd$date01[3] - bdd$date02[3])^2)
# ...
bdd$dif[100] <- sqrt((bdd$date01[100] - bdd$date02[100])^2)

if(bdd$dif[1] > 3){
  bdd$isDifBig[1] <- "big"
}else{
  bdd$isDifBig[1] <- "small"
}
if(bdd$dif[2] > 3){
  bdd$isDifBig[2] <- "big"
}else{
  bdd$isDifBig[2] <- "small"
}
if(bdd$dif[3] > 3){
  bdd$isDifBig[3] <- "big"
}else{
  bdd$isDifBig[3] <- "small"
}
# ...
if(bdd$dif[100] > 3){
  bdd$isDifBig[100] <- "big"
}else{
  bdd$isDifBig[100] <- "small"
}
```

Cette façon de faire serait extrêmement fastidieuse à réaliser, et même presque impossible à réaliser si la table contenait 1000 ou 100000 lignes. Il pourrait sembler logique de vouloir itérer sur les lignes de notre `data.frame` pour obtenir les nouvelles

colonnes. Nous allons le réaliser même si ce n'est pas la solution que nous allons retenir par la suite.

Nous allons utiliser une boucle `for()`. La boucle `for()` va itérer sur les éléments d'un objet que nous allons donner en argument. Par exemple voici une boucle qui pour tous les chiffres de 3 à 9 va calculer leur valeur au carré. La valeur courante du chiffre est symbolisé par un objet qui peut prendre le nom que nous souhaitons (ici cela sera `i`).

```
for(i in c(3, 4, 5, 6, 7, 8, 9)){
  print(i^2)
}
```

```
## [1] 9
## [1] 16
## [1] 25
## [1] 36
## [1] 49
## [1] 64
## [1] 81
```

Que nous pouvons améliorer en utilisant la fonction `:`.

```
for(i in 3:9){
  print(i^2)
}
```

Le choix du nom `i` est ici arbitraire, nous aurions pu choisir `myVarFor` de la même façon :

```
for(myVarFor in 3:9){
  print(myVarFor^2)
}
```

La boucle `for()` peut itérer sur tous les types d'éléments.

```
nChar <- c("a", "z", "e", "r", "t", "y")
for(i in nChar){
  print(i)
}
```

```
## [1] "a"
## [1] "z"
## [1] "e"
## [1] "r"
## [1] "t"
## [1] "y"
```

Revenons à notre cas. Nous allons itérer sur le nombre de lignes de notre `data.frame` `bdd`. Avant cela nous allons créer les colonnes `dif` et `isDifBig` avec les valeurs `NA`. Ensuite nous allons utiliser la fonction `nrow()` pour connaître le nombre de lignes.

```
bdd$dif <- NA
bdd$isDifBig <- NA
for(i in 1:nrow(bdd)){
  bdd$dif[i] <- sqrt((bdd$date01[i] - bdd$date02[i])^2)
  if(bdd$dif[i] > 3){
    bdd$isDifBig[i] <- "big"
```

```
  }else{
    bdd$isDifBig[i] <- "small"
  }
}
print(head(bdd, n = 20))
```

```
##       date01    date02       dif isDifBig
## 1  10.315834  9.519002 0.7968322    small
## 2  10.236826  8.151063 2.0857626    small
## 3   9.954806  9.131444 0.8233621    small
## 4   8.571732  9.047025 0.4752929    small
## 5   8.198824  9.600322 1.4014981    small
## 6   9.197069 11.357179 2.1601107    small
## 7  11.404385 10.002009 1.4023760    small
## 8  11.444294  9.621332 1.8229625    small
## 9  10.440342  9.295968 1.1443748    small
## 10 10.086149  8.622843 1.4633068    small
## 11 11.786813  9.899849 1.8869639    small
## 12 10.514140 10.361587 0.1525540    small
## 13 10.643836  9.334472 1.3093639    small
## 14 11.371316  9.003795 2.3675206    small
## 15  9.001725  9.589979 0.5882546    small
## 16 11.351817 11.134470 0.2173466    small
## 17 11.806140  9.933038 1.8731024    small
## 18  8.467583 11.261740 2.7941569    small
## 19  7.765094 11.300192 3.5350987      big
## 20 10.094067 10.494676 0.4006083    small
```

En pratique ce n'est pas la meilleure façon de réaliser cet exercice car il s'agit ici de simples calculs sur des vecteurs contenus dans une `data.frame`. R est particulièrement puissant pour effectuer des opérations sur des vecteurs. Lorsque cela est possible il faut donc toujours privilégier les opérations sur les vecteurs. Ici notre code devient :

```
bdd$dif <- sqrt((bdd$date01 - bdd$date02)^2)
bdd$isDifBig <- "small"
bdd$isDifBig[bdd$dif > 3] <- "big"
print(head(bdd, n = 20))
```

```
##       date01    date02       dif isDifBig
## 1  10.315834  9.519002 0.7968322    small
## 2  10.236826  8.151063 2.0857626    small
## 3   9.954806  9.131444 0.8233621    small
## 4   8.571732  9.047025 0.4752929    small
## 5   8.198824  9.600322 1.4014981    small
## 6   9.197069 11.357179 2.1601107    small
## 7  11.404385 10.002009 1.4023760    small
## 8  11.444294  9.621332 1.8229625    small
## 9  10.440342  9.295968 1.1443748    small
## 10 10.086149  8.622843 1.4633068    small
## 11 11.786813  9.899849 1.8869639    small
## 12 10.514140 10.361587 0.1525540    small
## 13 10.643836  9.334472 1.3093639    small
## 14 11.371316  9.003795 2.3675206    small
## 15  9.001725  9.589979 0.5882546    small
```

```
## 16 11.351817 11.134470 0.2173466    small
## 17 11.806140  9.933038 1.8731024    small
## 18  8.467583 11.261740 2.7941569    small
## 19  7.765094 11.300192 3.5350987      big
## 20 10.094067 10.494676 0.4006083    small
```

La plupart des exemples que l'on peut trouver sur Internet à propos de la boucle `for()` peuvent être remplacés par des opérations sur les vecteurs. Voici quelques exemples adaptés de plusieurs sources :

```
# tester si des nombres sont pairs
# [1] FOR
x <- sample(1:100, size = 20)
count <- 0
for (val in x) {
  if(val %% 2 == 0){
    count <- count + 1
  }
}
print(count)
```

```
## [1] 9
```

```
# [2] VECTOR
sum(x %% 2 == 0)
```

```
## [1] 9
```

```
# calculer des carrés
# [1] FOR
x <- rep(0, 20)
for (j in 1:20){
  x[j] <- j^2
}
print(x)
```

```
##  [1]   1   4   9  16  25  36  49  64  81 100 121 144 169 196 225 256 289
## [18] 324 361 400
```

```
# [2] VECTOR
(1:20)^2
```

```
##  [1]   1   4   9  16  25  36  49  64  81 100 121 144 169 196 225 256 289
## [18] 324 361 400
```

```
# répéter un lancer de dés et faire la moyenne
# [1] FOR
ntrials = 1000
trials = rep(0, ntrials)
for (j in 1:ntrials){
  trials[j] = sample(1:6, size = 1)
}
mean(trials)
```

```
## [1] 3.468
```

```
# [2] VECTOR
mean(sample(1:6, ntrials, replace = TRUE))
```

```
## [1] 3.506
```

C'est un bon exercice de parcourir les nombreux exemples disponibles sur Internet sur la boucle `for()` et de tenter de les transformer en opérations vectorielles. Cela nous permet d'acquérir les bons réflexes de programmation avec R. La boucle `for()` reste très utile pour par exemple lire plusieurs fichiers et traiter l'information qu'ils contiennent de la même façon, faire des graphiques, ou encore lorsque les opérations vectorielles deveinnent fastidieuses. Imaginons une matrice de 10 colonnes et 100 lignes. Nous voulons la somme de chaque ligne (nous verrons plus loin comment faire avec la fonction `apply()`).

```
myMat <- matrix(sample(1:100, size = 1000, replace = TRUE), ncol = 10)
# VECTOR
sumRow <- myMat[, 1] + myMat[, 2] + myMat[, 3] + myMat[, 4] +
  myMat[, 5] + myMat[, 6] + myMat[, 7] + myMat[, 8] +
  myMat[, 9] + myMat[, 10]
print(sumRow)
```

```
##   [1] 523 541 363 513 427 494 585 558 485 504 319 691 611 441 315 506 401
##  [18] 546 600 559 419 536 558 487 406 598 543 653 490 550 562 475 299 430
##  [35] 518 445 534 734 390 574 508 508 483 475 460 471 415 577 366 549 579
##  [52] 662 353 395 325 364 607 643 446 678 592 340 530 542 507 503 541 520
##  [69] 468 601 527 359 606 600 508 410 597 460 653 450 399 528 568 531 451
##  [86] 435 466 594 327 482 437 530 555 545 265 634 407 500 580 616
```

```
# FOR
sumRow <- rep(NA, times = nrow(myMat))
for(j in 1:nrow(myMat)){
  sumRow[j] <- sum(myMat[j, ])
}
print(sumRow)
```

```
##   [1] 523 541 363 513 427 494 585 558 485 504 319 691 611 441 315 506 401
##  [18] 546 600 559 419 536 558 487 406 598 543 653 490 550 562 475 299 430
##  [35] 518 445 534 734 390 574 508 508 483 475 460 471 415 577 366 549 579
##  [52] 662 353 395 325 364 607 643 446 678 592 340 530 542 507 503 541 520
##  [69] 468 601 527 359 606 600 508 410 597 460 653 450 399 528 568 531 451
##  [86] 435 466 594 327 482 437 530 555 545 265 634 407 500 580 616
```

En conclusion, il est recommandé de ne pas utiliser la boucle `for()` avec R chaque fois que cela est possible, et nous verrons dans ce chapitre des alternatives commes les boucles de la famille `apply()`.

11.4 La boucle `while`

La boucle `while()`, contrairement à la boucle `for()`, signifie *TANT QUE*. Tant qu'une condition n'est pas remplie, la boucle va continuer à s'exécuter. Attention car en cas d'erreur, nous pouvons facilement programmer des boucles qui ne terminent jamais ! Cette boucle est moins courante que la boucle `for()`. prenons un exemple :

```
i <- 0
while(i < 10){
  print(i)
```

```
  i <- i + 1
}
```

```
## [1] 0
## [1] 1
## [1] 2
## [1] 3
## [1] 4
## [1] 5
## [1] 6
## [1] 7
## [1] 8
## [1] 9
```

Dans cet exemple, la variable `i` a comme valeur 0. TANT QUE `i < 10`, nous allons afficher `i`. Pour que cette boucle se termine, il ne faut pas oublier de modifier la valeur de `i`, c'est ce qui est fait avec la ligne `i <- i + 1`. Lorsque la condition `i < 10` ne se vérifie plus, la boucle s'arrête.

La boucle `while()` est très utile pour créer des scripts qui vont effectuer des calculs sur des variables dont la valeur évoluent dans le temps. Par exemple imaginons un nombre entre 0 et 10000 et un générateur aléatoire qui va essayer de déterminer la valeur de ce nombre. Si nous souhaitons limiter les tentatives de R à 2 secondes, nous pouvons écrire le script suivant (qui devrait marcher à tous les coups sur un ordinateur de bureau classique pouvant facilement effectuer 35000 essais en 2 secondes) :

```
myNumber <- sample(x = 10000, size = 1)
myGuess <- sample(x = 10000, size = 1)
startTime <- Sys.time()
numberGuess <- 0
while(Sys.time() - startTime < 2){
  if(myGuess == myNumber){
    numberGuess <- numberGuess + 1
    print("Number found !")
    print(paste0("And I have plenty of time left: ",
      round(2 - as.numeric(Sys.time() - startTime), digits = 2),
      " sec"))
    break
  }else{
    myGuess <- sample(x = 10000, size = 1)
    numberGuess <- numberGuess + 1
  }
}
```

```
## [1] "Number found !"
## [1] "And I have plenty of time left: 1.8 sec"
```

Dans ce script nous générons un nombre aléatoire à deviner avec la fonction `sample()`, et chaque essai avec la même fonction `sample()`. Ensuite nous utilisons la fonction `Sys.time()` (avec un S majuscule à `Sys`), pour connaître l'heure de début de la boucle. Tant que la différence entre chaque itération de la boucle et l'heure de démarrage est inférieur à 2 secondes, la boucle `while()` va vérifier si le bon nombre a été deviner dans le test logique avec `if()` puis si c'est le cas nous informer que le nombre a été trouvé, nous dire le temps restant avant les deux secondes, puis terminer la boucle avec le mot clef `break` sur lequel nous reviendrons. En bref, `break` permet de sortir d'une boucle. Si le nombre n'a pas été deviné, la boucle fait un autre essai avec la fonction `sample()`.

Plus concrètement nous pourrions imaginer des algorithmes pour explorer un espace de solutions face à un problème avec un temps limité pour y parvenir. La boucle `while()` peut aussi être pratique pour qu'un script ne s'exécute que lorsque un fichier issu d'un autre programme devient disponible… En pratique la boucle `while()` reste peu utilisée avec R.

11.5 La boucle `repeat`

La boucle `repeat()` permet de répéter une opération sans condition à vérifier. Pour sortir de cette boucle il faut donc obligatoirement utiliser le mot clef `break`.

```
i <- 1
repeat{
  print(i^2)
  i <- i + 1
  if(i == 5){
    break
  }
}
```

```
## [1] 1
## [1] 4
## [1] 9
## [1] 16
```

Si nous reprenons l'exemple précédent, nous pouvons utiliser une boucle `repeat()` pour le répéter 5 fois.

```
numTry <- 0
repeat{
  myNumber <- sample(x = 10000, size = 1)
  myGuess <- sample(x = 10000, size = 1)
  startTime <- Sys.time()
  numberGuess <- 0
  while(Sys.time() - startTime < 2){
    if(myGuess == myNumber){
      numberGuess <- numberGuess + 1
      print(round(as.numeric(Sys.time() - startTime), digits = 3))
      break
    }else{
      myGuess <- sample(x = 10000, size = 1)
      numberGuess <- numberGuess + 1
    }
  }
  numTry <- numTry + 1
  if(numTry == 5){break}
}
```

```
## [1] 0.234
## [1] 0.047
## [1] 0.172
## [1] 0.203
## [1] 1.572
```

Comme la boucle `while()`, la boucle `repeat()` reste peu utilisée avec R.

11.6 `next` et `break`

Nous avons déjà vu le mot clef `break` qui permet de sortir de la boucle en cours. Par exemple si nous cherchons le premier chiffre après 111 qui soit divisible par 32 :

```
myVars <- 111:1000
for(myVar in myVars){
  if(myVar %% 32 == 0){
    print(myVar)
    break
  }
}
```

```
## [1] 128
```

Même si nous avons vu que dans la pratique nous pouvons éviter la boucle `for()` avec une opération sur les vecteurs :

```
(111:1000)[111:1000 %% 32 == 0][1]
```

```
## [1] 128
```

Le mot clef `next` permet quant à lui de passer à l'itération suivante d'une boucle si une certaine condition est remplie. Par exemple si nous voulons imprimer les lettre de l'alphabet sans les voyelles :

```
for(myLetter in letters){
  if(myLetter %in% c("a", "e", "i", "o", "u", "y")){
    next
  }
  print(myLetter)
}
```

```
## [1] "b"
## [1] "c"
## [1] "d"
## [1] "f"
## [1] "g"
## [1] "h"
## [1] "j"
## [1] "k"
## [1] "l"
## [1] "m"
## [1] "n"
## [1] "p"
## [1] "q"
## [1] "r"
## [1] "s"
## [1] "t"
## [1] "v"
## [1] "w"
## [1] "x"
## [1] "z"
```

Encore une fois nous pourrions éviter la boucle `for()` avec :

```
letters[! letters %in% c("a", "e", "i", "o", "u", "y")]
```

```
##  [1] "b" "c" "d" "f" "g" "h" "j" "k" "l" "m" "n" "p" "q" "r" "s" "t" "v"
## [18] "w" "x" "z"
```

En conclusion, si nous utilisons les boucles, alors les mots clefs `next` et `break` sont souvent très utiles, mais chaque fois que cela est possible il vaut mieux avoir recours à des opérations sur les vecteurs. Lorsque cela n'est pas possible de travailler sur les vecteurs, il est préférable d'utiliser les boucles de la famille `apply` qui sont le sujet de la prochaine section.

11.7 Les boucles de la famille `apply`

11.7.1 `apply`

La fonction `apply()` permet d'appliquer une fonction à tous les éléments d'un `array` ou d'une `matrix`. Par exemple si nous souhaitons connaître la somme de chaque ligne d'une `matrix` de 10 colonnes et 100 lignes :

```
myMat <- matrix(sample(1:100, size = 1000, replace = TRUE), ncol = 10)
apply(X = myMat, MARGIN = 1, FUN = sum)
```

```
##   [1] 460 625 476 589 352 445 583 592 361 474 507 441 574 515 561 493 354
##  [18] 587 569 519 570 515 619 490 621 398 327 432 581 513 519 591 440 407
##  [35] 552 498 519 463 623 406 514 527 469 296 556 380 700 547 632 460 446
##  [52] 407 543 505 535 335 552 505 333 559 474 657 599 392 323 410 442 432
##  [69] 516 503 495 430 367 352 459 577 585 558 489 369 387 447 369 421 513
##  [86] 628 562 421 480 469 771 533 668 623 510 578 514 635 525 624
```

Si nous souhaitons connaître la médiane de chaque colonne, l'expression devient :

```
apply(X = myMat, MARGIN = 2, FUN = median)
```

```
##  [1] 55.0 45.0 48.0 56.5 55.0 41.0 47.0 54.5 46.0 58.5
```

L'argument `X` correspond à l'objet sur lequel la boucle `apply` va itérer. L'argument `MARGIN` correspond à la dimension à prendre en compte (1 pour les lignes, et 2 pour les colonnes). L'argument `FUN` correspond à la fonction à appliquer. Sur un objet de type `array`, l'argument `MARGIN` peut prendre autant de valeurs que de dimensions. Dans cet exemple `MARGIN = 1` correspond à la moyenne de chaque ligne - dimension 1 - (toutes dimensions confondues), `MARGIN = 2` correspond à la moyenne de chaque colonne - dimension 2 - (toutes dimensions confondues), et `MARGIN = 3` correspond à la moyenne de chaque dimension 3. Ci-dessous chaque calcul est réalisé de deux manières différentes pour en expliciter le fonctionnement.

```
myArr <- array(sample(1:100, size = 1000, replace = TRUE), dim = c(10, 20, 5))
apply(X = myArr, MARGIN = 1, FUN = mean)
```

```
##  [1] 48.59 48.36 48.26 47.62 48.21 49.45 44.31 44.05 52.42 48.39
```

```
(apply(myArr[,,1], 1, mean) + apply(myArr[,,2], 1, mean) +
  apply(myArr[,,3], 1, mean) + apply(myArr[,,4], 1, mean) +
  apply(myArr[,,5], 1, mean))/5
```

```
##  [1] 48.59 48.36 48.26 47.62 48.21 49.45 44.31 44.05 52.42 48.39
```

```
apply(X = myArr, MARGIN = 2, FUN = mean)
```

```
##  [1] 53.26 46.42 47.88 45.38 43.82 53.00 44.88 44.56 48.66 46.06 53.30
## [12] 40.60 55.26 47.12 52.12 47.70 47.88 48.82 51.44 41.16
```

```
(apply(myArr[,,1], 2, mean) + apply(myArr[,,2], 2, mean) +
  apply(myArr[,,3], 2, mean) + apply(myArr[,,4], 2, mean) +
  apply(myArr[,,5], 2, mean))/5
```

```
##  [1] 53.26 46.42 47.88 45.38 43.82 53.00 44.88 44.56 48.66 46.06 53.30
## [12] 40.60 55.26 47.12 52.12 47.70 47.88 48.82 51.44 41.16
```

```
apply(X = myArr, MARGIN = 3, FUN = mean)
```

```
## [1] 45.925 49.775 50.935 46.540 46.655
```

```
c(mean(myArr[,,1]), mean(myArr[,,2]), mean(myArr[,,3]),
  mean(myArr[,,4]), mean(myArr[,,5]))
```

```
## [1] 45.925 49.775 50.935 46.540 46.655
```

Nous pouvons aussi calculer la moyenne pour chaque valeur de ligne et de colonne (la fonction itère alors sur la dimension 3) :

```
apply(X = myArr, MARGIN = c(1, 2), FUN = mean)
```

```
##       [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7] [,8] [,9] [,10] [,11] [,12] [,13]
##  [1,] 55.8 54.6 51.6 32.8 34.8 26.4 39.0 54.4 82.0  40.4  63.8  28.0  41.6
##  [2,] 36.4 26.0 48.6 55.0 30.6 43.8 43.0 54.2 74.0  44.6  73.8  49.0  51.2
##  [3,] 67.4 48.8 53.4 38.6 67.8 54.0 53.6 33.0 51.4  49.4  50.2  31.0  52.0
##  [4,] 63.6 49.2 26.0 43.4 48.6 67.6 46.4 40.8 39.8  52.2  52.4  19.4  63.6
##  [5,] 40.0 38.0 58.4 52.6 40.8 68.0 57.2 48.2 45.2  40.4  43.2  43.2  58.8
##  [6,] 70.0 55.0 61.4 31.4 28.0 56.2 32.0 44.8 31.0  53.2  42.8  64.4  50.6
##  [7,] 52.4 33.8 61.6 26.2 41.6 48.4 47.0 45.2 32.0  40.2  53.8  52.8  51.0
##  [8,] 39.8 50.2 39.4 51.6 52.0 51.0 40.2 25.8 46.4  42.4  45.0  17.2  47.2
##  [9,] 64.4 74.4 44.8 69.6 38.2 54.4 58.2 40.0 49.2  44.6  46.8  45.2  61.6
## [10,] 42.8 34.2 33.6 52.6 55.8 60.2 32.2 59.2 35.6  53.2  61.2  55.8  75.0
##       [,14] [,15] [,16] [,17] [,18] [,19] [,20]
##  [1,]  56.8  51.0  48.8  65.0  35.6  75.2  34.2
##  [2,]  37.0  44.4  68.8  48.6  54.0  43.2  41.0
##  [3,]  52.6  54.4  37.2  36.0  42.0  60.0  32.4
##  [4,]  54.6  62.8  60.0  34.2  54.2  41.0  32.6
##  [5,]  50.4  50.8  45.2  44.4  51.8  55.4  32.2
##  [6,]  32.8  39.8  55.0  50.8  75.2  56.6  58.0
##  [7,]  44.8  51.8  28.2  62.0  31.8  26.8  54.8
##  [8,]  46.6  74.8  57.0  49.6  36.6  43.6  24.6
##  [9,]  55.4  38.2  44.2  35.0  71.2  63.2  49.8
## [10,]  40.2  53.2  32.6  53.2  35.8  49.4  52.0
```

11.7.2 lapply

Comme indiqué dans la documentation, `lapply()` renvoie une liste de même longueur que `X`, chaque élément résultant de l'application de `FUN` à l'élément correspondant de `X`. Si `X` est une `list` contenant des `vector` et que nous cherchons à obtenir la moyenne de chacun des éléments de la `list`, nous pouvons utiliser la fonction `lapply()` :

```
myList <- list(
  a = sample(1:100, size = 10),
```

```
  b = sample(1:100, size = 10),
  c = sample(1:100, size = 10),
  d = sample(1:100, size = 10),
  e = sample(1:100, size = 10)
)
print(myList)
```

```
## $a
##  [1] 85 93 48 76 36 42 28 71 92 18
##
## $b
##  [1] 32 82 64 35 31 93 55 43 47 42
##
## $c
##  [1] 40 76 94 41 54 18 84 62 49 82
##
## $d
##  [1] 42  8 89 70 36  5 26 39 79 90
##
## $e
##  [1] 56 24  2 11 65 97 63 89 20 75
```

```
lapply(myList, FUN = mean)
```

```
## $a
## [1] 58.9
##
## $b
## [1] 52.4
##
## $c
## [1] 60
##
## $d
## [1] 48.4
##
## $e
## [1] 50.2
```

Comme pour la fonction `apply()`, nous pouvons passer des arguments supplémentaires à la fonction `lapply()` en les ajoutant à la suite de la fonction. C'est par exemple utile si notre `list` contient ces valeurs manquantes `NA` et que nous voulons les ignorer pour le calcul des moyennes (avec l'arguement `na.rm = TRUE`).

```
myList <- list(
  a = sample(c(1:5, NA), size = 10, replace = TRUE),
  b = sample(c(1:5, NA), size = 10, replace = TRUE),
  c = sample(c(1:5, NA), size = 10, replace = TRUE),
  d = sample(c(1:5, NA), size = 10, replace = TRUE),
  e = sample(c(1:5, NA), size = 10, replace = TRUE)
)
print(myList)
```

```
## $a
```

```
##  [1]  2  3  4  1 NA  3  1  3  5  4
##
## $b
##  [1]  1  1  3  4  5  1 NA  4  3 NA
##
## $c
##  [1]  4  5  3  2  1  4  1  3  2 NA
##
## $d
##  [1] NA  2  2  1  5 NA  3 NA  1  3
##
## $e
##  [1]  2  3 NA  4  1  1  5  2  1  4
```

```
lapply(myList, FUN = mean)
```

```
## $a
## [1] NA
##
## $b
## [1] NA
##
## $c
## [1] NA
##
## $d
## [1] NA
##
## $e
## [1] NA
```

```
lapply(myList, FUN = mean, na.rm = TRUE)
```

```
## $a
## [1] 2.888889
##
## $b
## [1] 2.75
##
## $c
## [1] 2.777778
##
## $d
## [1] 2.428571
##
## $e
## [1] 2.555556
```

Pour plus de lisibilité ou si plusieurs opérations sont à réaliser au sein de l'argument `FUN`, nous pouvons utiliser l'écriture suivante :

```
lapply(myList, FUN = function(i){
  mean(i, na.rm = TRUE)
```

```
})
```

```
## $a
## [1] 2.888889
##
## $b
## [1] 2.75
##
## $c
## [1] 2.777778
##
## $d
## [1] 2.428571
##
## $e
## [1] 2.555556
```

Par exemple si nous souhaitons obtenir `i^2` si la moyenne est supérieure à 3, et `i^3` sinon :

```
lapply(myList, FUN = function(i){
  m <- mean(i, na.rm = TRUE)
  if(m > 3){
    return(i^2)
  }else{
    return(i^3)
  }
})
```

```
## $a
##  [1]   8  27  64   1  NA  27   1  27 125  64
##
## $b
##  [1]   1   1  27  64 125   1  NA  64  27  NA
##
## $c
##  [1]  64 125  27   8   1  64   1  27   8  NA
##
## $d
##  [1]  NA   8   8   1 125  NA  27  NA   1  27
##
## $e
##  [1]   8  27  NA  64   1   1 125   8   1  64
```

11.7.3 sapply

La fonction `sapply()` est une version modifiée de la fonction `lapply()` qui effectue la même opération mais en renvoyant le résultat sous un format simplifié lorsque c'est possible.

```
lapply(myList, FUN = function(i){
  mean(i, na.rm = TRUE)
})
```

```
## $a
## [1] 2.888889
##
## $b
## [1] 2.75
##
## $c
## [1] 2.777778
##
## $d
## [1] 2.428571
##
## $e
## [1] 2.555556
```

```
sapply(myList, FUN = function(i){
  mean(i, na.rm = TRUE)
})
```

```
##        a        b        c        d        e
## 2.888889 2.750000 2.777778 2.428571 2.555556
```

La fonction `sapply()` est intéressante pour récupérer par exemple le nième élément de chacun des éléments d'une `list`. La fonction qui est appelée pour faire cela est `'[['`.

```
sapply(myList, FUN = '[[', 2)
```

```
## a b c d e
## 3 1 5 2 3
```

11.7.4 tapply

La fonction`tapply()` permet d'appliquer une fonction en prenant comme élément à itérer une variable existante. Imaginons des informations sur des espèces représentées par des lettres majuscules (e.g., A, B, C) et des valeurs de performances à différentes localisations.

```
species <- sample(LETTERS[1:10], size = 1000, replace = TRUE)
perf1 <- rnorm(n = 1000, mean = 10, sd = 0.5)
perf2 <- rlnorm(n = 1000, meanlog = 10, sdlog = 0.5)
perf3 <- rgamma(n = 1000, shape = 10, rate = 0.5)
dfSpecies <- data.frame(species, perf1, perf2, perf3)
print(head(dfSpecies, n = 10))
```

```
##    species     perf1    perf2    perf3
## 1        F  9.299135 23302.98 25.88784
## 2        G  9.899321 60233.59 20.17372
## 3        D 10.261553 23833.32 24.03531
## 4        G  9.676266 17542.77 19.43954
## 5        I  9.477064 15594.08 29.36109
## 6        H  9.546395 22758.47 26.40836
## 7        J  8.956234 16325.26 17.28947
## 8        A  9.593034 11306.44 31.71896
## 9        J  9.571941 61303.92 17.70343
```

```
## 10       G  9.809272 33595.59 19.60279
```

Nous pouvons facilement obtenir un résumé des performances pour chaque espèce avec la fonction `tapply()` et la fonction `summary()`.

```
tapply(dfSpecies$perf1, INDEX = dfSpecies$species, FUN = summary)
```

```
## $A
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##   8.817   9.600   9.942   9.922  10.201  11.448
##
## $B
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##   8.698   9.714  10.043  10.039  10.392  10.903
##
## $C
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##   8.999   9.670   9.968  10.011  10.300  11.406
##
## $D
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##   8.780   9.709  10.041   9.984  10.298  11.195
##
## $E
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##   8.451   9.616   9.966  10.000  10.326  11.228
##
## $F
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##   8.934   9.639  10.000   9.995  10.317  10.971
##
## $G
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##   8.709   9.588  10.042   9.981  10.399  11.211
##
## $H
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##   8.649   9.712  10.026  10.015  10.382  11.231
##
## $I
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##   8.832   9.630   9.968  10.003  10.360  11.315
##
## $J
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##   8.725   9.730  10.022  10.026  10.386  11.288
```

Nous pouvons aussi obtenir la valeur moyenne de chacune des performances en combinant une fonction `sapply()` avec la fonction `tapply()`et en utilisant la fonction `mean()`.

```
sapply(2:4, FUN = function(i){
  tapply(dfSpecies[,i], INDEX = dfSpecies$species, FUN = mean)
})
```

```
##        [,1]     [,2]     [,3]
```

```
## A  9.922296 25146.75 21.62231
## B 10.038825 26923.32 19.53282
## C 10.010598 24194.67 19.56564
## D  9.984127 24846.68 19.30972
## E  9.999667 23656.32 19.91228
## F  9.995483 24526.06 20.32876
## G  9.981045 25377.63 20.37429
## H 10.015233 24817.27 19.78020
## I 10.003218 21771.37 21.02453
## J 10.025696 26713.03 20.32220
```

11.7.5 `mapply`

La fonction `mapply()` est une version de la fonction `sapply()`qui utilise de multiples arguments. Par exemple si nous avons une liste de deux éléments `1:5` et `5:1` et que nous souhaitons ajouter `10` au premier élément et `100` au deuxième élément :

```
mapply(FUN = function(i, j){i+j}, i = list(1:5, 5:1), j = c(10, 100))
```

```
##      [,1] [,2]
## [1,]   11  105
## [2,]   12  104
## [3,]   13  103
## [4,]   14  102
## [5,]   15  101
```

11.8 Conclusion

Félicitations, nous sommes arrivés au bout de ce chapitre sur l'algorithmique. Retenons ce message clef : dès qu'une opération doit être réalisée plus de deux fois dans un script en répétant du code qui a été déjà écrit, c'est un signe qui doit nous conduire à l'utilisation d'une boucle. Pour autant, chaque fois que cela est possible, il est recommandé de ne pas utiliser les boucles traditionnelles `for()`, `while()`, et `repeat()`, mais de préférer les opérations sur les vecteurs ou encore les boucles de la famille `apply`. Cela peut être assez difficile à intégrer au début mais nous verrons que nos scripts seront plus faciles à maintenir et à lire, et beaucoup plus performants si nous suivons ces habitudes.

Chapter 12

Gestion d'un projet avec R

Maintenant Que nous avons vu les concepts de base de R, il nous reste à aborder un élément déterminant pour le bon déroulement de nos activités scientifiques avec R : la gestion de projet. Cela consiste à intégrer ses développements dans un environnement et avec une logique visant à faciliter son travail et donc augmenter son efficacité. Il s'agit ici que d'une façon de faire parmis les inombrables possibilités, à adapter pour chacun et chacune.

12.1 Gestion des fichiers et des répertoires de travail

Entre les fichiers d'entrée (i.e., les fichiers qui contiennent nos données brutes), les fichiers de sortie (e.g., avec la fonction `write()`), les graphiques (prochain chapitre), et les nombreux scripts associés à un projet de recherche, un minimum d'organisation s'impose pour pouvoir être efficace et reprendre rapidement son projet en cours. La solution la plus simple consiste à structurer son environnement de travail en dossiers en fonction de chaque catégorie de fichiers. Par exemple avec un dossier "myProject" pour le projet en cours, contenant lui-même les dossiers "myFiles" pour les fichiers d'entrée, un dossier "myScripts" pour les fichiers script R, et un dossier "myOutputs" pour les fichiers de sortie (e.g., les graphiques et les analyses).

```
## -myProject
## |-myFiles
## |-|-data01.csv
## |-|-data02.csv
## |-myScripts
## |-|-myFirstScript.R
## |-myOutputs
## |-|-dataOut01.csv
## |-|-figure01.pdf
```

12.2 Gestion des versions de script

Le travail sur un script est itératif : même si les objectifs sont définis dès le départ, nous allons retravailler certaines parties pour obtenir par exemples des informations supplémentaires, ou encore pour optimiser telle ou telle fonction, ou encore rendre généralisable un script pour le communiquer à la communauté scientifique ou tout simplement à un collègue. Parfois ce que nous allons voir comme une amélioration va au final se révéler être une erreur, et le retour au script initial peut être difficile. Il faut donc gérer des versions.

Dans la plupart des laboratoire il y a des services de gestion des versions, les plus connus étant GIT (`https://git-scm.com/`) et Subversion (`https://subversion.apache.org/`). Lorsque GIT ou Subversion sont disponibles il est recommandé de les utiliser. Si nous n'avons pas accès à ces services il existe des services gratuits en ligne comme GitHub (`https://github.com/` ; ce livre utilise GitHub). Il existe de nombreuses autres solutions comme GitLab (`https://about.gitlab.`

com/), Bitbucket (https://bitbucket.org/), SourceForge (https://sourceforge.net/), GitKraken (https://www.gitkraken.com/), ou encore Launchpad (https://launchpad.net/).

L'utilisation de ces différents services de gestion des versions sort du cadre de ce livre. Pour le débutant ou pour les projets ne nécessitant pas un travail collaboratif sur les scripts, une alternative consiste à gérer ses versions manuellement. Par exemple une solution consiste à ajouter un numéro à la fin de son nom de fichier de script (e.g., "myFirstScript_01.R"). Dès qu'une modification importante est apportée à ce script, il suffira alors de le sauver avec un nouveau nom (e.g., "myFirstScript_02.R") et de placer l'ancien script dans un dossier d'archive pour ne pas encombrer l'espace de travail et risquer des erreurs. En cas de problème, nous pourrons ainsi facilement retourner au script antérieur et reprendre notre travail.

```
## -myProject
## |-myFiles
## |-|-data01.csv
## |-|-data02.csv
## |-myScripts
## |-|-myFirstScript04.R
## |-|-ARCHIVES
## |-|-|-myFirstScript01.R
## |-|-|-myFirstScript02.R
## |-|-|-myFirstScript03.R
## |-myOutputs
## |-|-dataOut01.csv
## |-|-figure01.pdf
```

12.3 Gestion de la documentation

La documentation de son code est essentielle pour pouvoir facilement reprendre un travail ou communiquer son travail avec ses collègues et la communauté scientifique. Un code bien documenté sera compréhensible par un plus grand nombre et donc utilisé d'avantage. Il est donc important d'adopter de bonnes techniques.

Nous avons déjà vu qu'il y avait plusieurs façons d'écrire son code avec R car c'est un langage assez permissif. Le premier pas vers un code lisible et reproductible est donc d'adopter un style de code clair, cohérent, et… fait pour les humains ! Car même si notre code a vocation à être exécuter par les machines, il doit rester compréhensible pour soit et toutes les personnes qui seront amenées à le consulter. Il s'agit par exemple de mettre des espaces après les virgules, ou encore d'utiliser l'indentation. Bien sûr la lisibilité du code doit être à balancer avec l'optimisation du code pour les grands jeux de données, mais dans la plupart des cas nous pouvons associer un code clair et optimisé. Donc la première étape de la documentation et de sa gestion est tout d'abord de rédiger son code en pensant aux personnes qui vont le lire et le reproduire.

La deuxième étape est de commenter son code. Les commentaires sont indispensables lorsque nous privilégions du code optimisé pour la performance mais qui perd en lisibilité. Les commentaires sont souvent superflus si le code est bien rédigé et les objets et les fonctions bien nommés. Cela veut dire qu'il ne faut pas utiliser les commentaires pour expliquer un code mal rédigé, mais dès le début bien rédiger son code. Les commentaires sont utiles pour apporter des éléments de contexte (e.g., choix d'une méthode plutôt qu'une autre au regard de la littérature). La place des commentaires peut être en fin de ligne ou sur des lignes à part.

Pour un petit projet R il est indispensable que chaque script commence par une description de son contenu pour que nous puissions rapidement savoir de quoi il traite. C'est ce que nous avions fait au début de ce livre :

```
# ------------------------------------------------------------
# Voici un script pour acquérir les concepts de base
# avec R
# date de création : 25/06/2018
# auteur : François Rebaudo
# ------------------------------------------------------------
```

```
# [1] création de l'objet nombre de répétitions
# ------------------------------------------------------------

nbrRep <- 5

# [2] calculs simples
# ------------------------------------------------------------

pi * nbrRep^2
```

Ici les commentaires qui suivent l'en-tête ne sont pas nécessaires car le nom de l'objet se comprend de lui même. Notre fichier devient :

```
# ------------------------------------------------------------
# Voici un script pour acquérir les concepts de base
# avec R
# date de création : 25/06/2018
# auteur : François Rebaudo
# ------------------------------------------------------------

nbrRep <- 5
pi * nbrRep^2
```

Pour un gros projet avec de nombreuses fonctions destinées à être utilisées par d'autres usagers, il est préférable que la documentation du code soit à part, dans un fichier d'aide spécifique. C'est le cas de tous les packages R ! Pour gérer la documentation d'un package (et donc de toutes les fonctions), là encore il existe de nombreuses possibilités. La plus répandue consiste à utiliser la package R roxigen2. Sans entrer dans les détails, voici quelques examples issus de la documentation du package.

```
#' Add together two numbers
#'
#' @param x A number
#' @param y A number
#' @return The sum of \code{x} and \code{y}
#' @examples
#' add(1, 1)
#' add(10, 1)
add <- function(x, y) {
  x + y
}
```

```
#' Sum of vector elements.
#'
#' `sum` returns the sum of all the values present in its arguments.
#'
#' This is a generic function: methods can be defined for it directly
#' or via the [Summary()] group generic. For this to work properly,
#' the arguments `...` should be unnamed, and dispatch is on the
#' first argument.
sum <- function(..., na.rm = TRUE) {}
```

Cela permet d'écrire la documentation de chaque fonction à côté de la focntion. Le package roxigen2 va ensuite générer à partir de ces commentaires un document d'aide accessible avec la fonction `'?'`. A moins que nous écrivions un nouveau package, les

commentaires simples suffiront, et le développement d'un package sort du cadre de ce livre.

12.4 Conclusion

Félicitations ! Ce chapitre marque la fin de la première partie de ce livre. Nous avons désormais les bases pour mener à bien nos projets avec R. Dans la prochaine partie nous allons voir les graphiques et comment faire des figures dans le cadre d'articles scientifiques.

Part II

Les graphiques

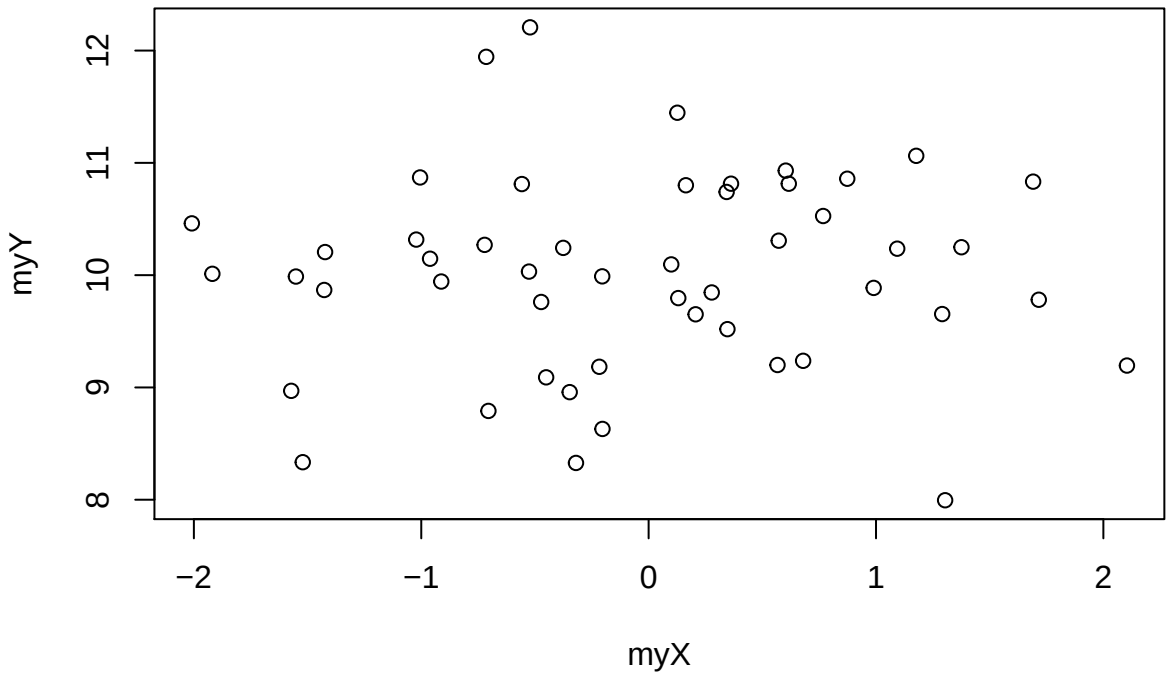
Chapter 13

Graphiques simples

13.1 `plot`

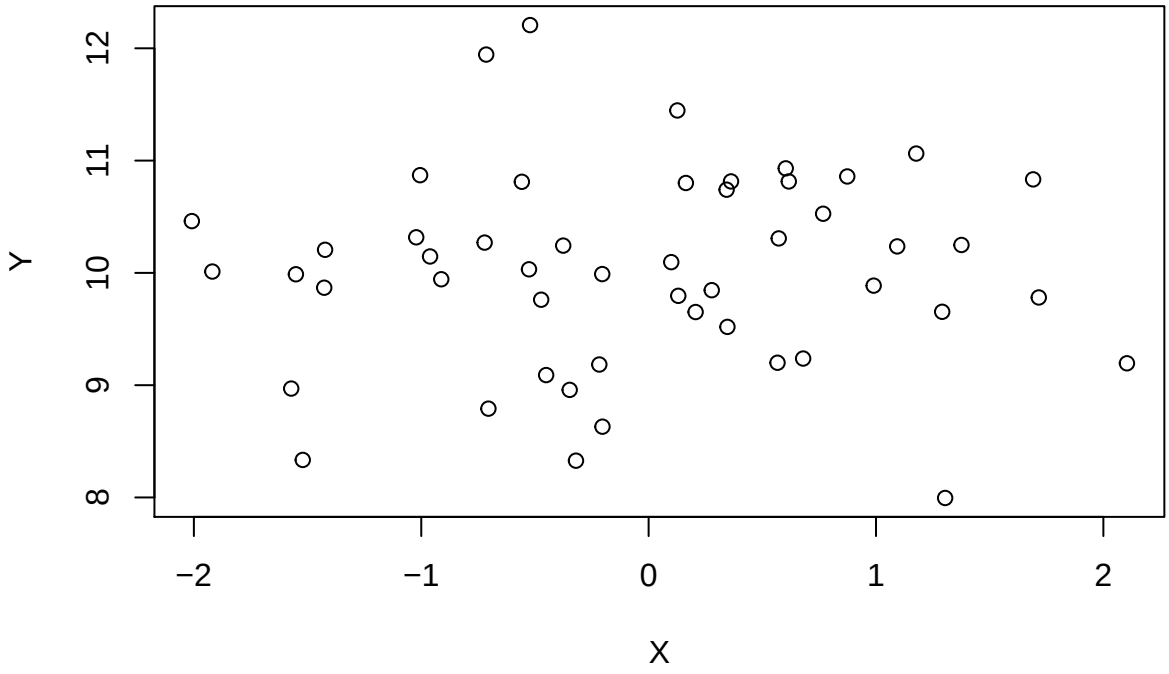
Le premier type de graphique que nous allons voir est le nuage de points. Dans un nuage de points, chaque point est représenté par sa valeur en x et en y. La fonction permettant de faire un nuage de points est `plot()`.

```
myX <- rnorm(50, mean = 0, sd = 1)
myY <- rnorm(50, mean = 10, sd = 1)
plot(x = myX, y = myY)
```



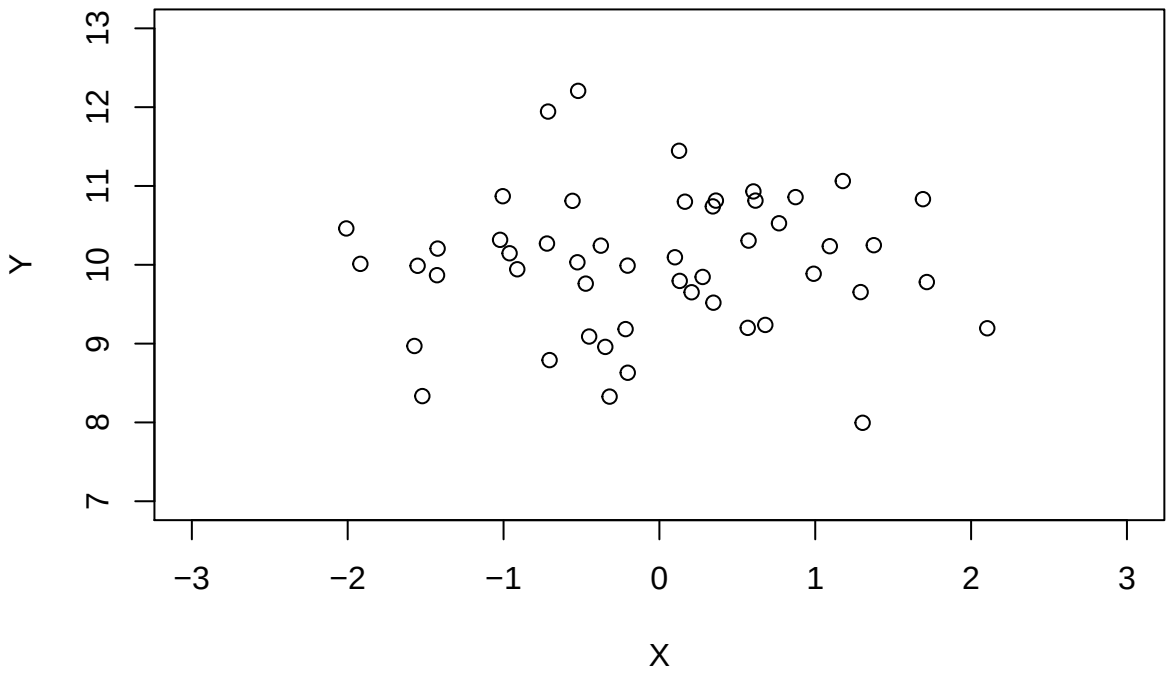
Comme pour tous les types de graphiques, nous pouvons ajouter une légende sur l'axe des x et des y.

```
plot(x = myX, y = myY,
  xlab = "X", ylab = "Y")
```



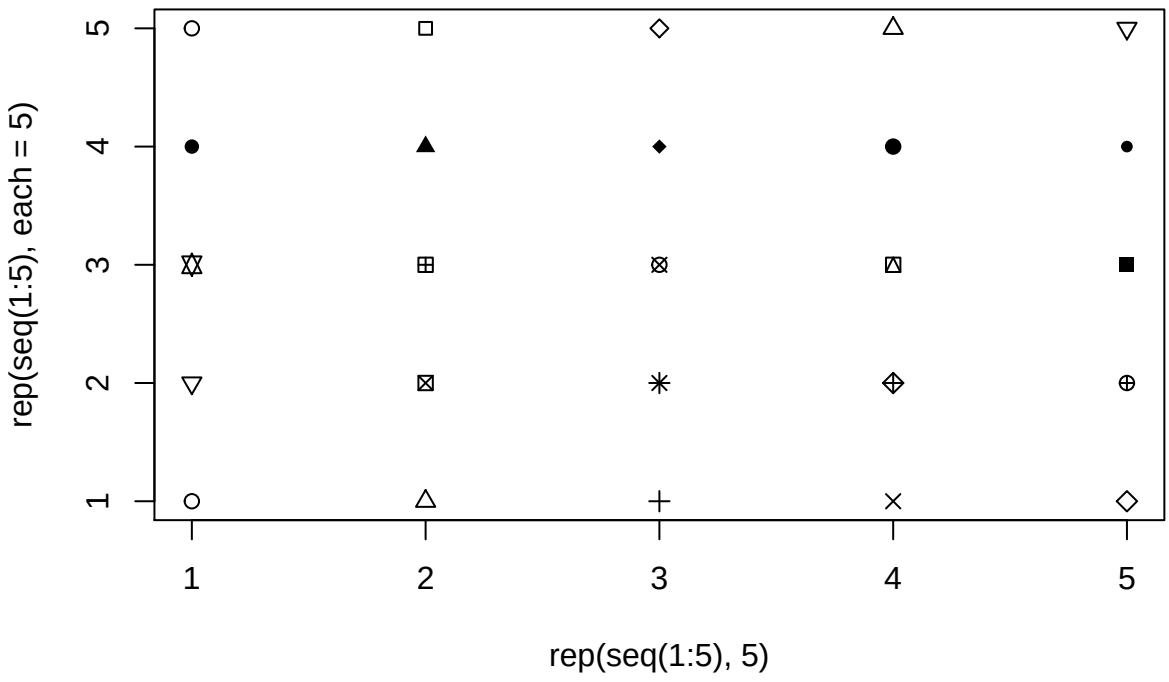
Nous pouvons aussi définir les limites des axes en X et en Y.

```
plot(x = myX, y = myY,
  xlab = "X", ylab = "Y",
  xlim = c(-3, 3), ylim = c(7, 13))
```

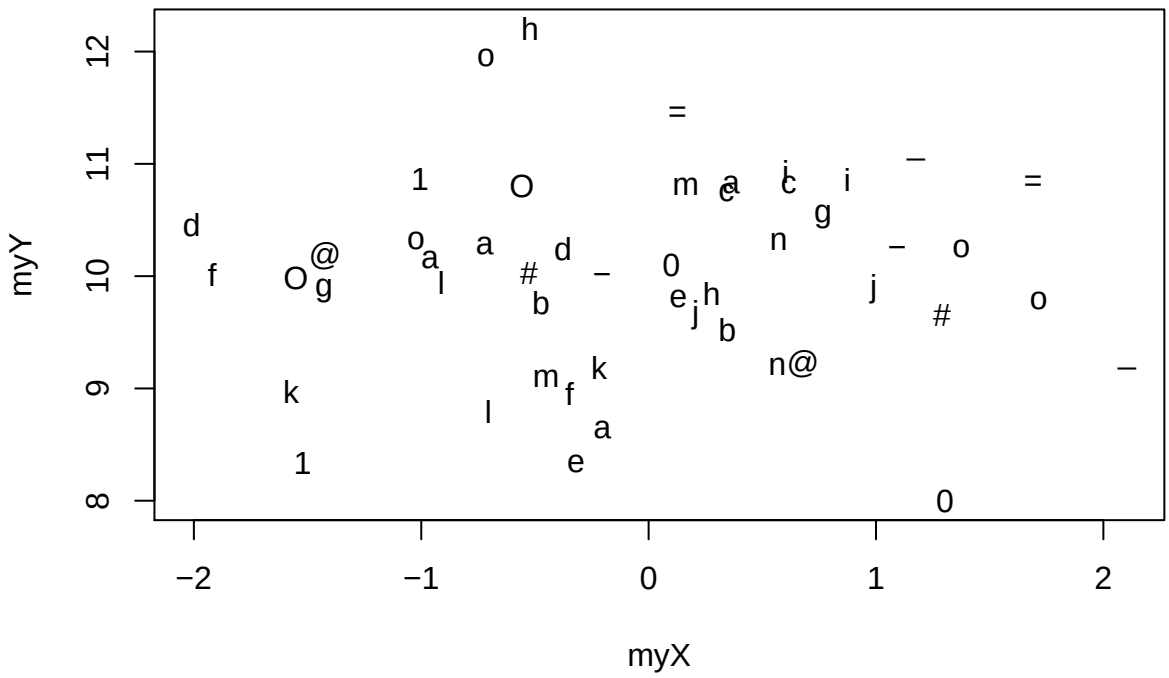


Le type de point peut être défini avec l'argument `pch` qui peut prendre un caratère ou un chiffre de 1 à 25.

```
plot(x = rep(seq(1:5), 5), y = rep(seq(1:5), each = 5),
  pch = 1:25)
```

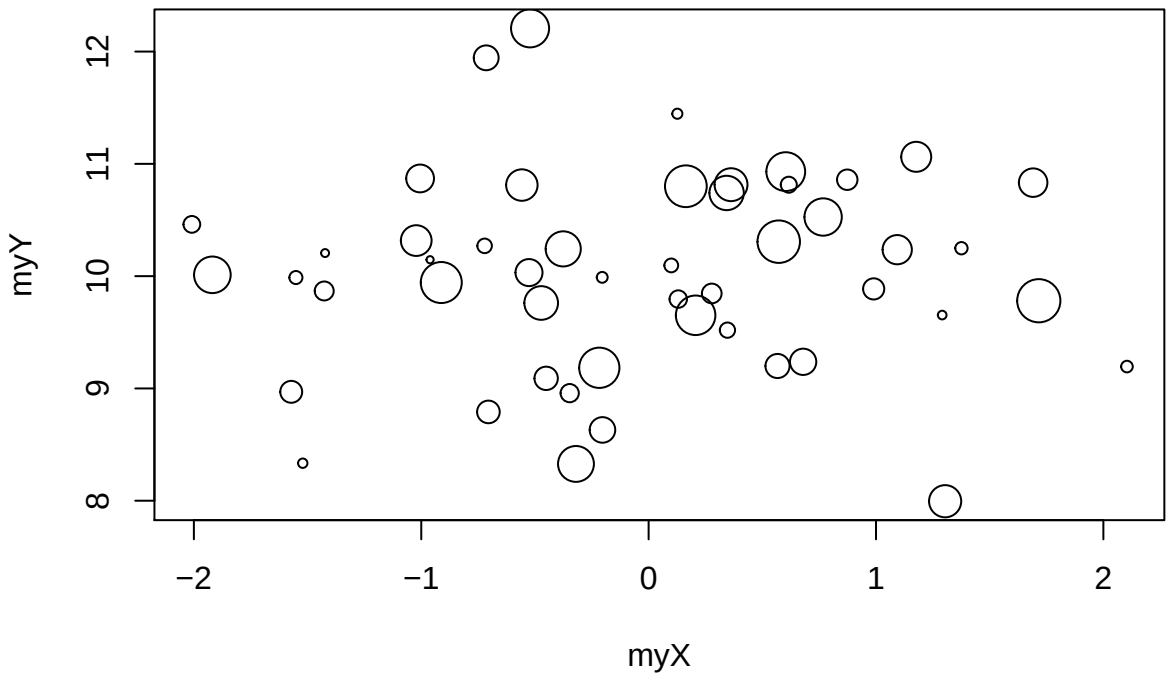



```
plot(x = myX, y = myY,
  pch = c("a", "@", "#", "1", "=", "-", "_", "o", "O", "0", letters[1:15]))
```



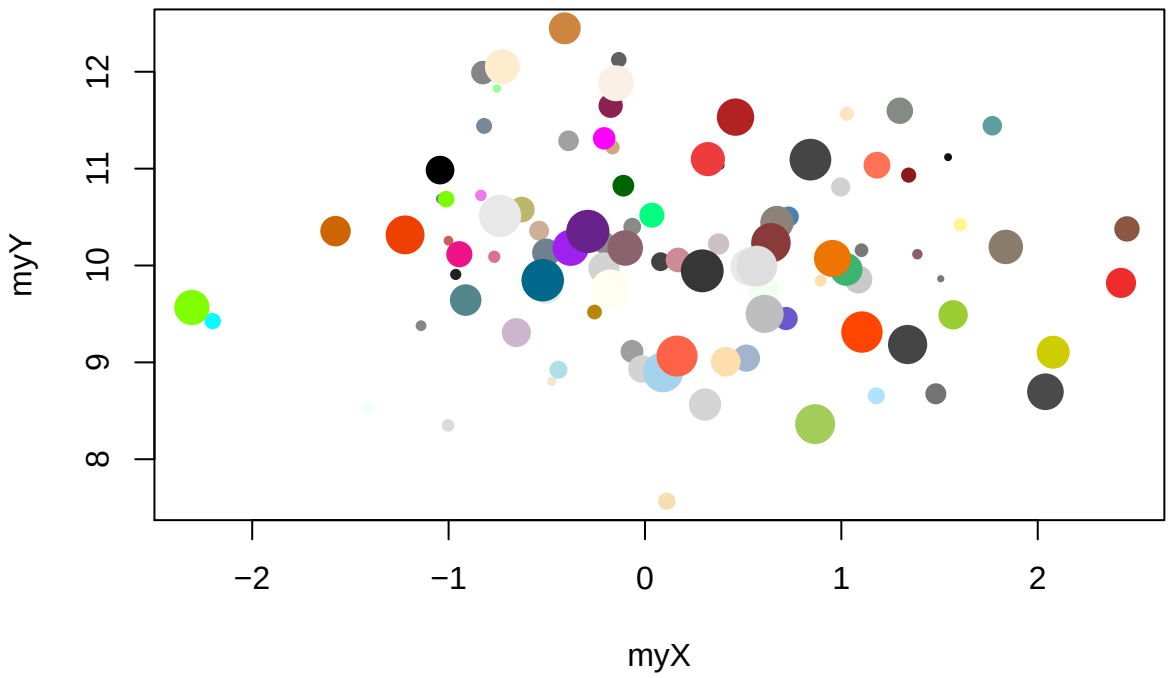
La taille des points peut se définir avec l'argument `cex`.

```
plot(x = myX, y = myY,
  cex = seq(from = 0.5, to = 3, length.out = 50))
```



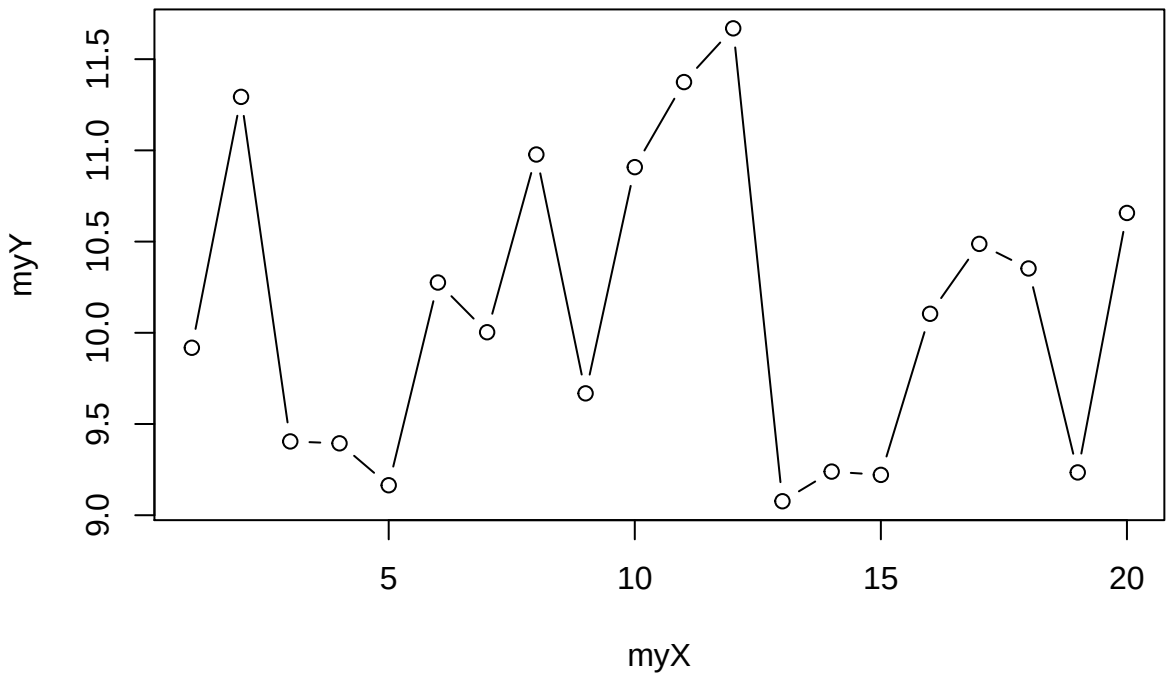
La couleur des points peut se définir avec l'argument `col`. Nous reviendrons sur les couleurs dans un prochain chapitre.

```
myX <- rnorm(100, mean = 0, sd = 1)
myY <- rnorm(100, mean = 10, sd = 1)
plot(x = myX, y = myY,
  cex = seq(from = 0.5, to = 3, length.out = 100),
  pch = 16,
  col = sample(colors(), 100))
```



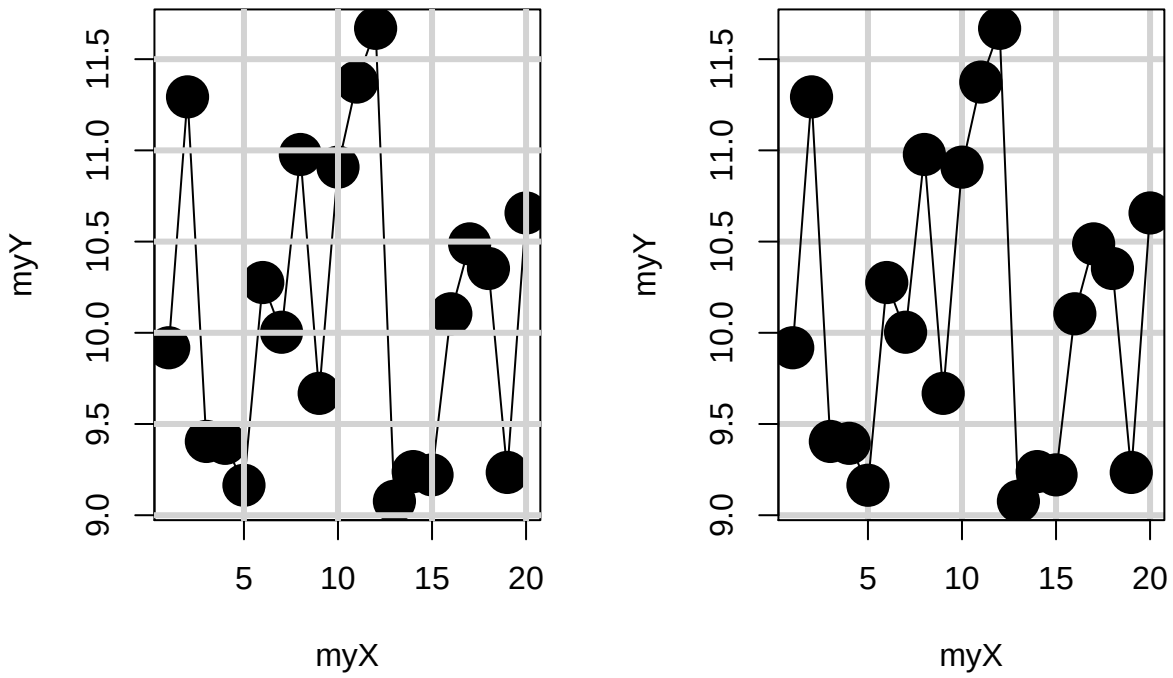
R offre la possibilité de relier les points des nuages de points de différentes façons. Les différentes options sont disponibles dans l'aide de la fonction `plot()` et `plot.default()`.

```
myX <- 1:20
myY <- rnorm(20, mean = 10, sd = 1)
plot(x = myX, y = myY,
  type = 'b') # 'p', 'l', 'b', 'c', 'o', 'h', 's', 'S', 'n'
```



Une dernière option très utile est l'argument `panel.first` qui permet de réaliser une opération graphique sur une couche située en dessous de notre graphique. Voici un exemple illustratif avec une grille réalisée avec et sans `panel.first`. La grille se fait grâce à la fonction `grid()`. Pour mettre les graphiques côte à côte nous allons utiliser `mfrow`.

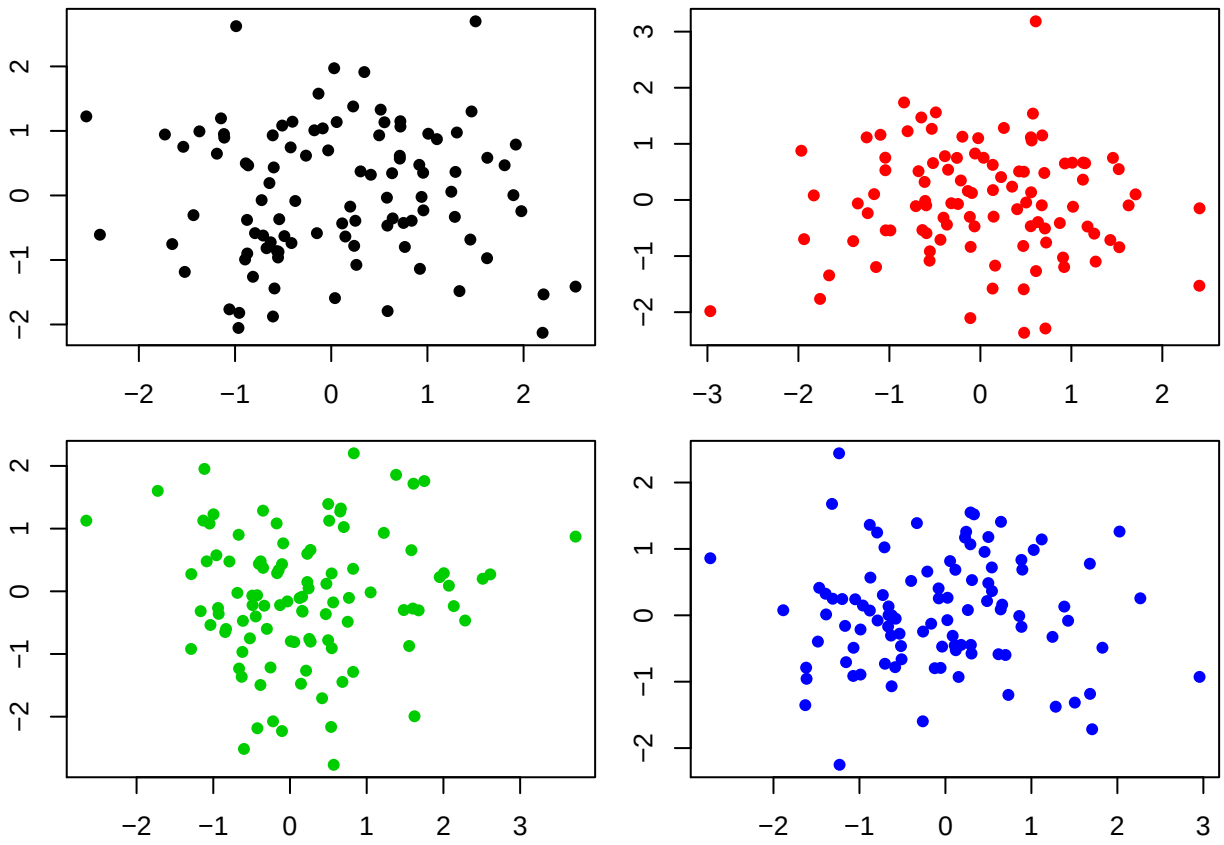
```
par(mfrow = c(1, 2))
plot(x = myX, y = myY,
  type = 'b', pch = 16, cex = 3)
grid(lwd = 3, lty = 1)
plot(x = myX, y = myY,
  type = 'b', pch = 16, cex = 3,
  panel.first = grid(lwd = 3, lty = 1))
```




```
par(mfrow = c(1, 1))
```

La fonction `par()` permet d'accéder aux paramètres graphiques. Parmi ces paramètres il y a `mfrow` qui permet de diviser l'espace graphique comme une matrice. `mfrow` prend comme arguments un vecteur numérique de taille 2 : le premier élément correspond au nombre de lignes et le deuxième élément au nombre de colonnes. Le paramètre `mar` permet de contrôler les marges en bas, à gauche, en haut et à droite, respectivement, au moyen d'un vecteur numérique de taille 4. Après avoir modifié les paramètres graphiques par défaut il est recommandé de les réinitialiser pour que cela n'affecte pas les graphiques à venir. Les valeurs par défaut de `mfrow` sont `c(1, 1)` et `mar = c(4, 4, 4, 4)`. Nous pouvons remettre ces valeurs par défaut comme ci-dessus en redéfinissant chacun des paramètres. Nous pouvons également enregistrer au préalable les valeurs courantes (dans un objet `op`), puis les modifier pour les besoins de nos graphiques, puis ensuite rappeler les valeurs contenues dans l'objet `op`. Ici nous utilisons `lapply` pour réaliser rapidement quatre graphiques.

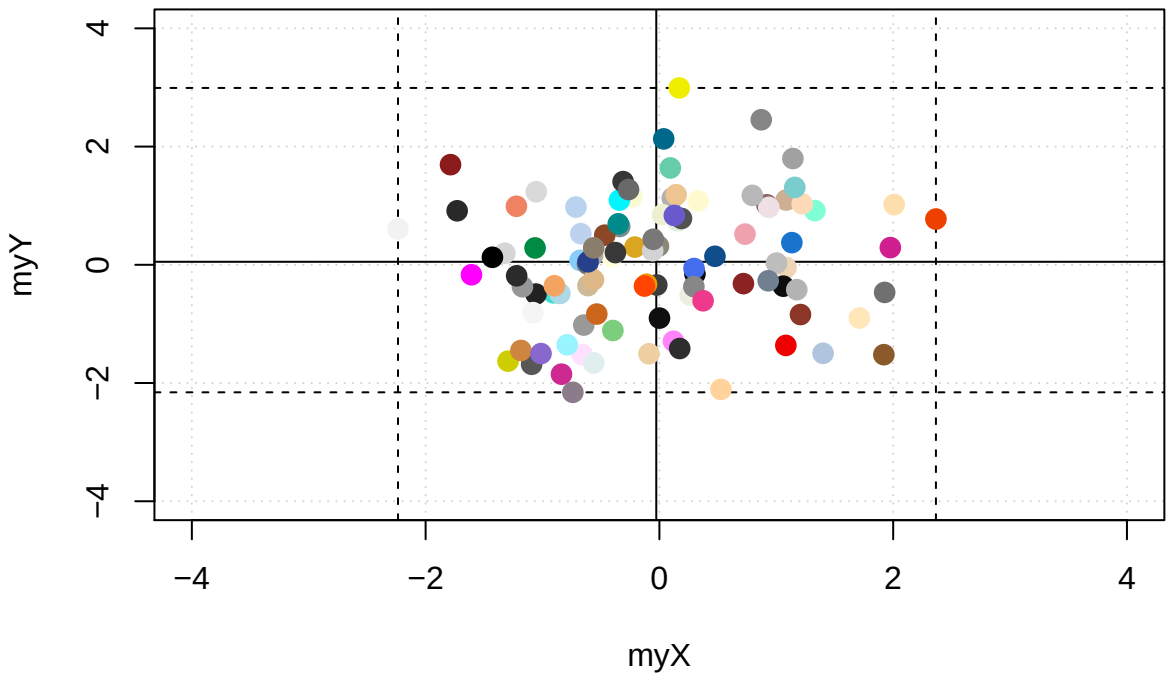
```
op <- par(no.readonly = TRUE)
par(mfrow = c(2, 2), mar = c(2, 2, 1, 1))
graph4 <- lapply(1:4, function(i){
  plot(x = rnorm(100),
    y = rnorm(100),
    col = i, pch = 16)
})
```



```
par(op)
```

Il est souvent utile de faire figurer des lignes verticales ou horizontales pour représenter des valeurs particulières. Ces lignes peuvent être ajoutées avec la fonction `abline()`.

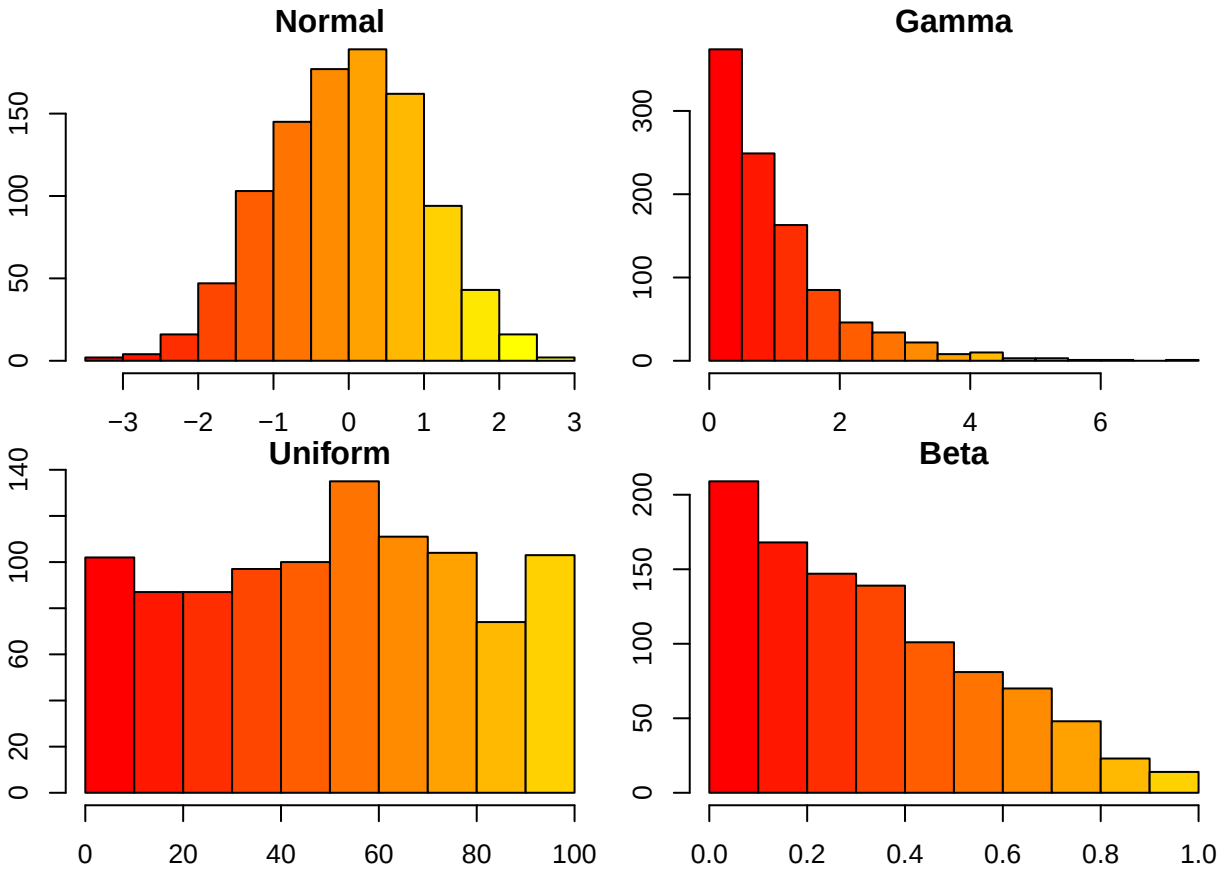
```
myX <- rnorm(100)
myY <- rnorm(100)
plot(x = myX, y = myY,
  xlim = c(-4, 4), ylim = c(-4, 4),
  pch = 16, cex = 1.5,
  col = sample(colors(), size = 100),
  panel.first = {
    grid()
    abline(v = c(min(myX), max(myX)), lty = 2)
    abline(h = c(min(myY), max(myY)), lty = 2)
    abline(v = mean(myX), lty = 1)
    abline(h = mean(myY), lty = 1)
})
```



13.2 hist

Pour faire un histogramme nous utilisons la fonction `hist()`. C'est une fonction graphique utile pour visualiser rapidement la distribution d'un jeu de données.

```
op <- par(no.readonly = TRUE)
par(mfrow = c(2, 2), mar = c(2, 2, 1, 1))
myX <- list(
  rnorm(1000),
  rgamma(1000, shape = 1),
  sample(1:100, size = 1000, replace = TRUE),
  rbeta(1000, shape1 = 1, shape2 = 2)
)
myTitle <- c("Normal", "Gamma", "Uniform", "Beta")
tr <- lapply(1:4, function(i){
  hist(myX[[i]],
    col = heat.colors(15),
    main = myTitle[i]
  )
})
```

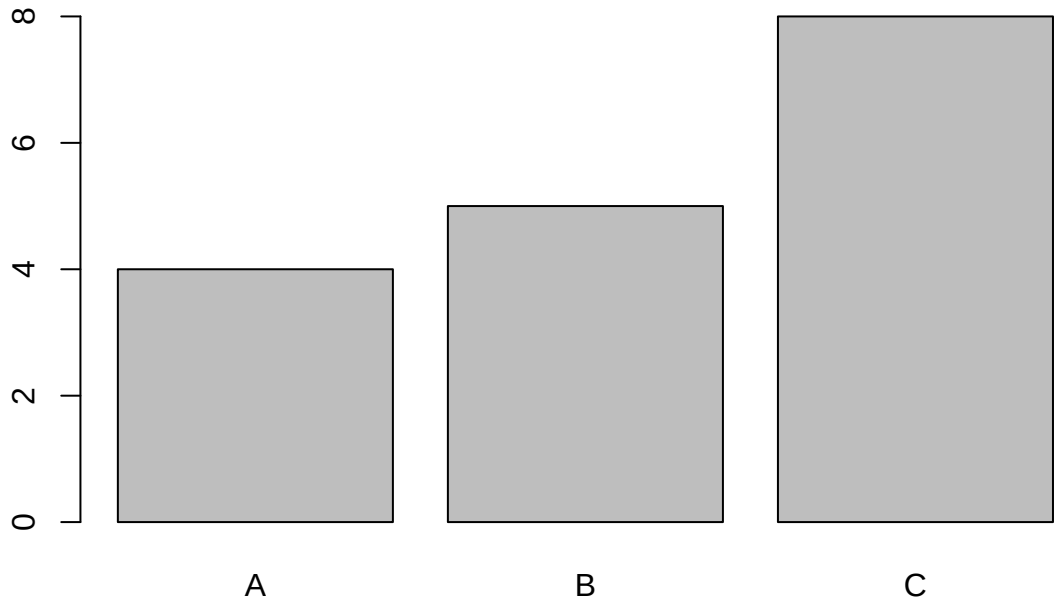



```
par(op)
```

13.3 barplot

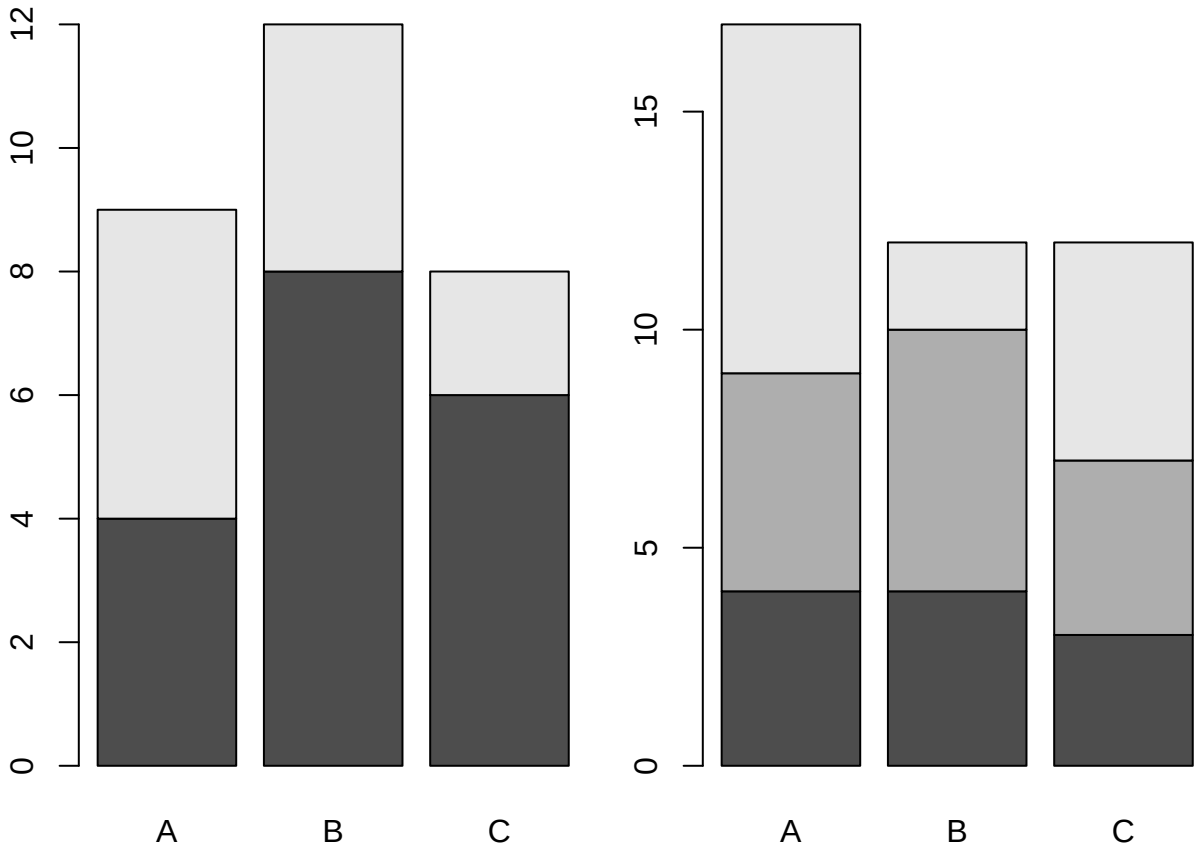
Le graphique en barres se fait au moyen de la fonction `barplot()`.

```
myX <- c(4, 5, 8)
barplot(myX, names.arg = c("A", "B", "C"))
```



Quand l'objet envoyé à cette fonction est un `vector()` alors la fonction `barplot()` renvoie un graphique en barres simples. Quand c'est une `matrix()` alors les barres sont multiples.

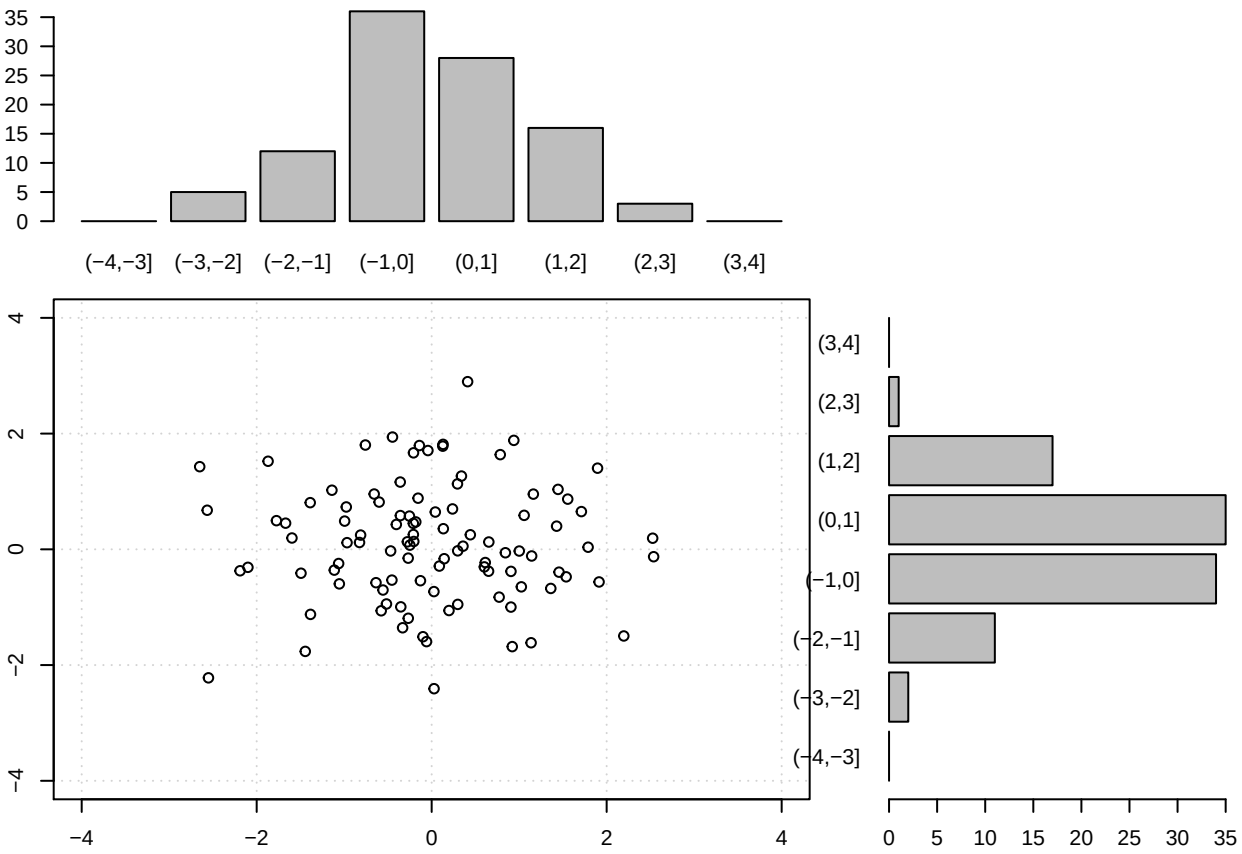
```
op <- par(no.readonly = TRUE)
par(mfrow = c(1, 2), mar = c(2, 2, 1, 1))
myX <- matrix(c(4, 5, 8, 4, 6, 2), nrow = 2)
barplot(myX, names.arg = c("A", "B", "C"))
myX <- matrix(c(4, 5, 8, 4, 6, 2, 3, 4, 5), nrow = 3)
barplot(myX, names.arg = c("A", "B", "C"))
```




```
par(op)
```

xxx

```
op <- par(no.readonly = TRUE)
par(mar = c(2, 2, 1, 1))
myX <- rnorm(100)
myY <- rnorm(100)
myYCut <- table(cut(myY, breaks = -4:4))
myXCut <- table(cut(myX, breaks = -4:4))
layout(matrix(c(1, 1, 0,
                2, 2, 3,
                2, 2, 3), ncol = 3, byrow = TRUE))

barplot(myXCut, las = 1)
plot(x = myX, y = myY,
     xlim = c(-4, 4), ylim = c(-4, 4),
     panel.first = {grid()})
barplot(myYCut, las = 1, horiz = TRUE)
```


35
30
25
20
15
10
5
0
(−4,−3]
(−3,−2]
(−2,−1]
(−1,0]
(0,1]
(1,2]
(2,3]
(3,4]
4
2
0
−2
−4
−4
−2
0
2
4
(3,4]
(2,3]
(1,2]
(0,1]
(−1,0]
(−2,−1]
(−3,−2]
(−4,−3]
0
5
10
15
20
25
30
35

```
par(op)
```

Part III

Etude de cas

Chapter 14

Analyser des données de datalogger de température

Dans les études de biologie, d'écologie ou d'agronomie, nous utilisons fréquemment des données de température provenant de dataloggers. Dans cette étude de cas, nous verrons comment analyser ces données en utilisant les données de température de l'altiplano bolivien près de la ville de El Alto. La première étape consiste à transformer les données du datalogger en un format facile à lire pour R. Nous utiliserons un fichier CSV et la fonction `read.table()`. Le fichier peut être téléchargé à partir du site Web du livre sur GitHub (`https://github.com/frareb/myRBook_FR/blob/master/myFiles/E05C13.csv` ; cliquez avec le bouton droit sur le lien et sélectionnez "Enregistrer la cible du lien sous…").

```
bdd <- read.table("myFiles/E05C13.csv", skip = 1, header = TRUE,
  sep = ",", dec = ".", stringsAsFactors = FALSE)
colnames(bdd) <- c("id", "date", "temp")
head(bdd)
```

```
##   id             date  temp
## 1  1 11/12/15 23:00:00 4.973
## 2  2 11/12/15 23:30:00 4.766
## 3  3 11/13/15 00:00:00 4.844
## 4  4 11/13/15 00:30:00 4.844
## 5  5 11/13/15 01:00:00 5.076
## 6  6 11/13/15 01:30:00 5.282
```

```
tail(bdd)
```

```
##          id             date  temp
## 32781 32781 09/25/17 21:00:00 7.091
## 32782 32782 09/25/17 21:30:00 6.914
## 32783 32783 09/25/17 22:00:00 6.813
## 32784 32784 09/25/17 22:30:00 6.611
## 32785 32785 09/25/17 23:00:00 6.331
## 32786 32786 09/25/17 23:30:00 5.385
```

```
str(bdd)
```

```
## 'data.frame':    32786 obs. of  3 variables:
##  $ id  : int  1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...
##  $ date: chr  "11/12/15 23:00:00" "11/12/15 23:30:00" "11/13/15 00:00:00" "11/13/15 00:30:00" ...
```

```
##  $ temp: num  4.97 4.77 4.84 4.84 5.08 ...
```

Nous pouvons voir que la date est au format `character` et qu'elle contient la date avec le mois, le jour et l'année séparés par `/`, puis vient un espace et l'heure avec des heures de 0 à 24, minutes et secondes, séparés par `:` (exemple: `11/12/15 23:00:00` pour le 12 novembre 2015 à 11 heures du soir). Nous allons séparer les informations en plusieurs objets. Séparons d'abord la date de l'heure. Pour cela, nous utiliserons la fonction `strsplit()` en utilisant l'espace entre la date et l'heure comme séparateur.

```
strsplit("11/12/15 23:00:00", split = " ")
```

```
## [[1]]
## [1] "11/12/15" "23:00:00"
```

Comme l'indiquent les doubles crochets, la fonction `strsplit()` renvoie un objet au format `list`. Nous voulons le vecteur qui correspond au premier élément de la liste, donc nous allons ajouter `[[1]]`.

```
strsplit("11/12/15 23:00:00", split = " ")[[1]]
```

```
## [1] "11/12/15" "23:00:00"
```

Le premier élément du `vector` est la date. Pour avoir toutes les dates, nous allons faire une boucle avec la fonction `sapply()`.

```
bddDay <- sapply(strsplit(bdd[, 2], split = " "), "[[", 1)
head(bddDay)
```

```
## [1] "11/12/15" "11/12/15" "11/13/15" "11/13/15" "11/13/15" "11/13/15"
```

Ensuite, nous aurons besoin des dates dans le format `factor` (fonction `aggregate()` pour obtenir les informations par jour). Nous devons donc transformer l'objet dans le format `factor` avec la fonction `as.factor()`.

```
bddDay <- as.factor(sapply(strsplit(bdd[, 2], split = " "), "[[", 1))
head(bddDay)
```

```
## [1] 11/12/15 11/12/15 11/13/15 11/13/15 11/13/15 11/13/15
## 684 Levels: 01/01/16 01/01/17 01/02/16 01/02/17 01/03/16 ... 12/31/16
```

En effectuant la transformation vers le format `factor`, les différents facteurs de notre objet sont classés par ordre alphabétique comme si les dates correspondaient à du simple texte. C'est problématique car l'ordre des facteurs doit correspondre à l'ordre des dates. Pour cela, nous allons créer un `vector` avec toutes les dates uniques avec la fonction `unique()`, puis trier les dates avec la fonction `sort.list()` en utilisant les dates avec la fonction `as.POSIXct()`. Le résultat sera l'objet `lev`. Nous allons utiliser le vecteur `lev` pour spécifier comment les facteurs de nos dates devraient être classées. Le travail avec les dates est souvent fastidieux, c'est pourquoi il existe des packages spécialisés dans leur gestion. Ici nous avons préféré utiliser les fonctions de base de R dans un objectif pédagogique.

```
bddDay <- as.factor(sapply(strsplit(bdd[, 2], split = " "), "[[", 1))
udate <- unique(bddDay)
lev <- udate[sort.list(as.POSIXct(strptime(udate, "%m/%d/%y")))]
bddDay <- factor(bddDay, levels = lev)
head(bddDay)
```

```
## [1] 11/12/15 11/12/15 11/13/15 11/13/15 11/13/15 11/13/15
## 684 Levels: 11/12/15 11/13/15 11/14/15 11/15/15 11/16/15 ... 09/25/17
```

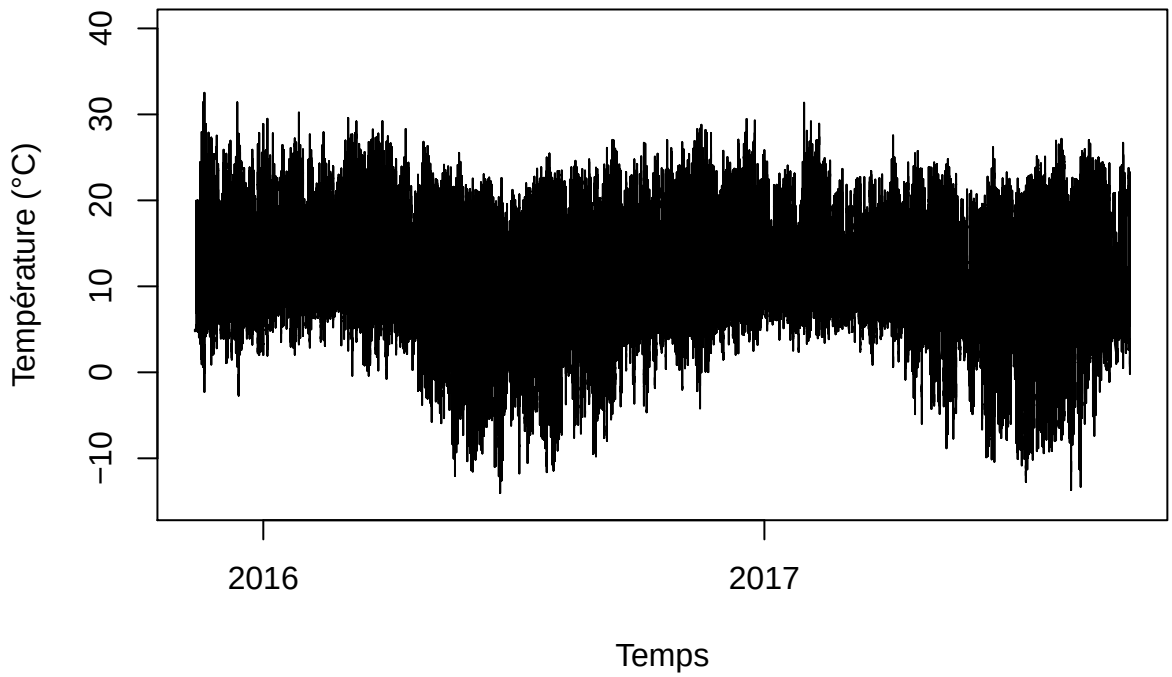
Maintenant, nous pouvons ajouter les dates comme nouvelle colonne de l'objet `bdd` et faire la même chose pour les heures (il n'est pas nécessaire de réorganiser les niveaux de l'haure car l'ordre par défaut correspond à ce que nous voulons).

```
bdd$bddDay <- bddDay
bdd$bddHour <- as.factor(sapply(strsplit(bdd[, 2], split = " "), "[[", 2))
head(bdd)
```

```
##   id             date  temp   bddDay  bddHour
## 1  1 11/12/15 23:00:00 4.973 11/12/15 23:00:00
## 2  2 11/12/15 23:30:00 4.766 11/12/15 23:30:00
## 3  3 11/13/15 00:00:00 4.844 11/13/15 00:00:00
## 4  4 11/13/15 00:30:00 4.844 11/13/15 00:30:00
## 5  5 11/13/15 01:00:00 5.076 11/13/15 01:00:00
## 6  6 11/13/15 01:30:00 5.282 11/13/15 01:30:00
```

Nous pouvons visualiser les données avec la fonction `plot()`, en spécifiant le format des dates avec la fonction `as.Date()`

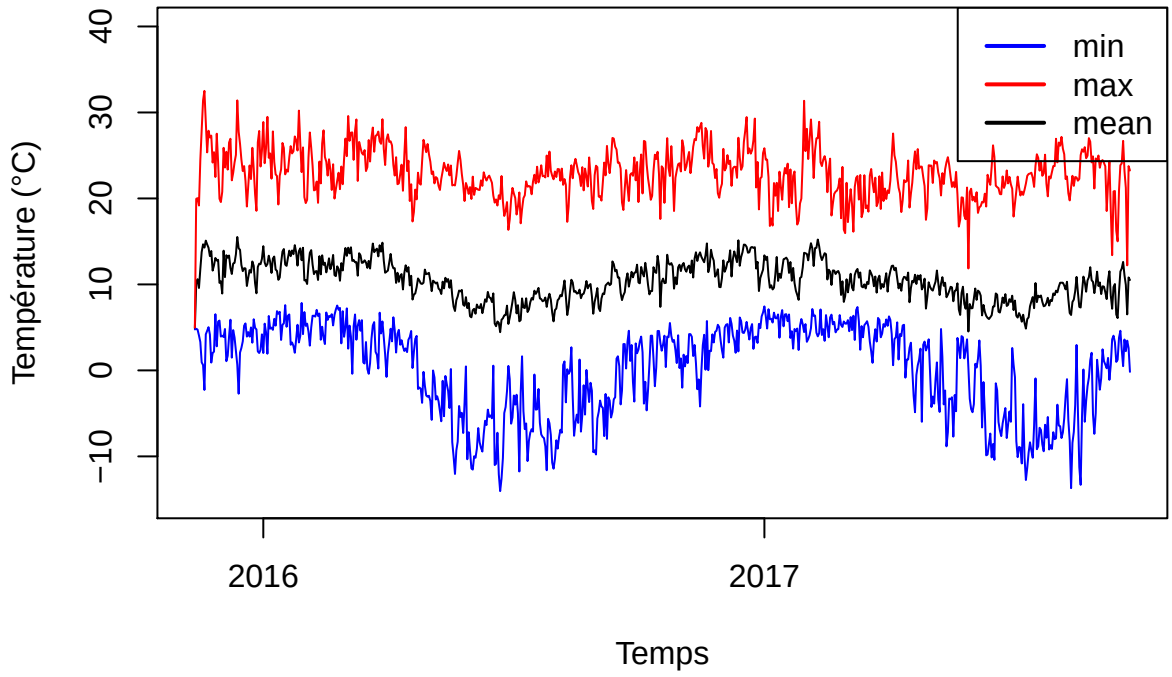
```
plot(x = as.Date(bdd$bddDay, format = "%m/%d/%y"), y = bdd$temp,
    type = 'l', ylim = c(-15, 40),
    xlab = "Temps", ylab = "Température (°C)")
```



Nous pouvons simplifier les informations en ne calculant que les températures minimales, moyennes et maximales avec la fonction `aggregate()`.

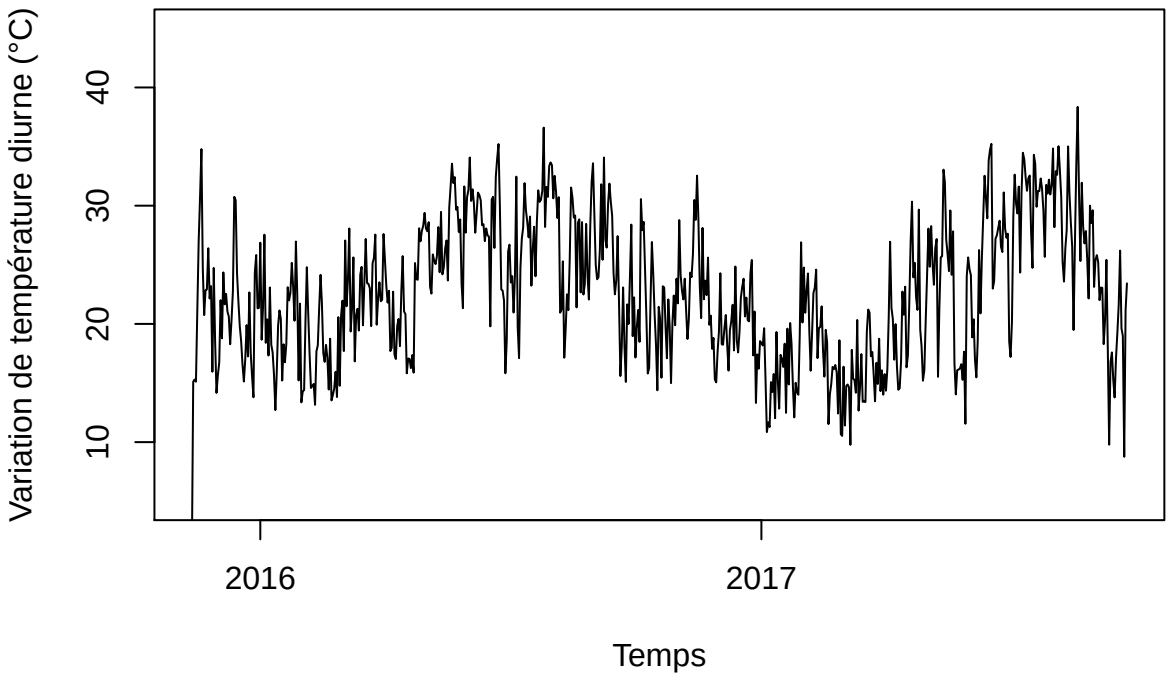
```
tempDayMean <- aggregate(x = bdd[, 3], by = list(bdd[, 4]), FUN = mean)
tempDayMin <- aggregate(x = bdd[, 3], by = list(bdd[, 4]), FUN = min)
tempDayMax <- aggregate(x = bdd[, 3], by = list(bdd[, 4]), FUN = max)
plot(x = as.Date(tempDayMean[, 1], format = "%m/%d/%y"),
```

```
    y = tempDayMean[, 2], type = 'l', ylim = c(-15, 40),
    xlab = "Temps", ylab = "Température (°C)")
points(x = as.Date(tempDayMin[, 1], format = "%m/%d/%y"),
    y = tempDayMin[, 2], type = 'l', col = 4)
points(x = as.Date(tempDayMax[, 1], format = "%m/%d/%y"),
    y = tempDayMax[, 2], type = 'l', col = 2)
legend("topright", legend = c("min", "max", "mean"),
  lty = 1, lwd = 2, col = c(4, 2, 1))
```



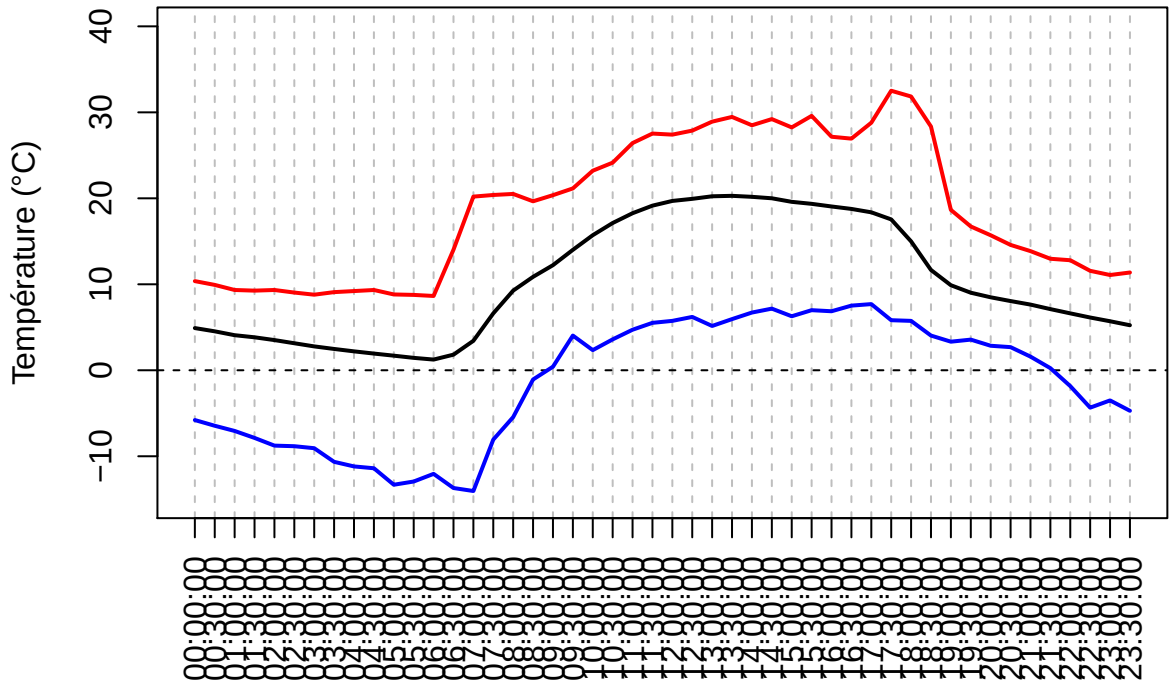
Nous pouvons également calculer la différence entre la température maximale et la température minimale (variation de la température diurne).

```
tempDayTR <- tempDayMax[, 2] - tempDayMin[, 2]
plot(x = as.Date(tempDayMean[, 1], format = "%m/%d/%y"),
    y = tempDayTR, type = 'l', ylim = c(5, 45),
    xlab = "Temps", ylab = "Variation de température diurne (°C)")
```



Une autre possibilité est de regrouper les données pour avoir la température moyenne des heures de la journée avec la fonction `aggregate()`.

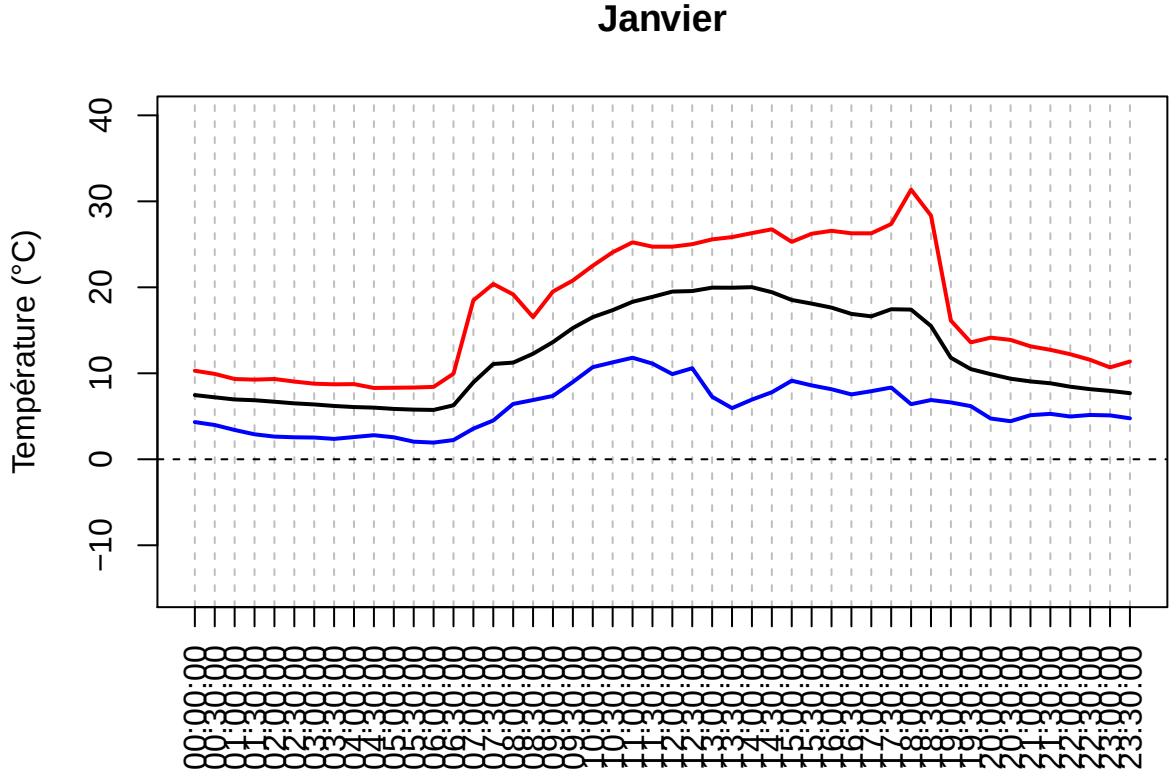
```
tempHourMean <- aggregate(x = bdd[, 3], by = list(bdd[, 5]), FUN = mean)
tempHourMin <- aggregate(x = bdd[, 3], by = list(bdd[, 5]), FUN = min)
tempHourMax <- aggregate(x = bdd[, 3], by = list(bdd[, 5]), FUN = max)
hours <- seq(from = 0, to = 23.5, by = 0.5)
plot(x = hours,
    y = tempHourMean[, 2], type = 'l', ylim = c(-15, 40),
    xlab = "", ylab = "Température (°C)", lwd = 2,
    xaxt = "n", panel.first = {
        abline(v = hours, col = "gray", lty = 2)
        abline(h = 0, lty = 2)
    })
axis(side = 1, at = hours, labels = tempHourMean[, 1], las = 2)
points(x = hours, y = tempHourMin[, 2], type = 'l', col = 4, lwd = 2)
points(x = hours, y = tempHourMax[, 2], type = 'l', col = 2, lwd = 2)
```

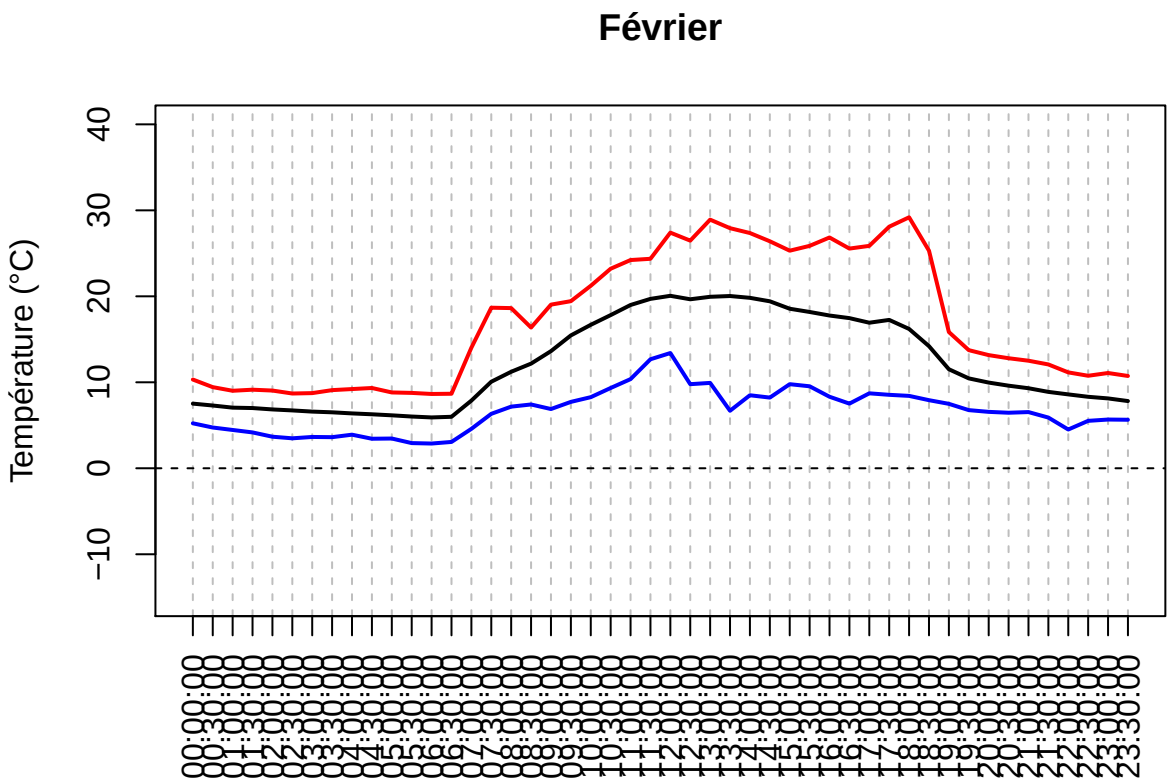


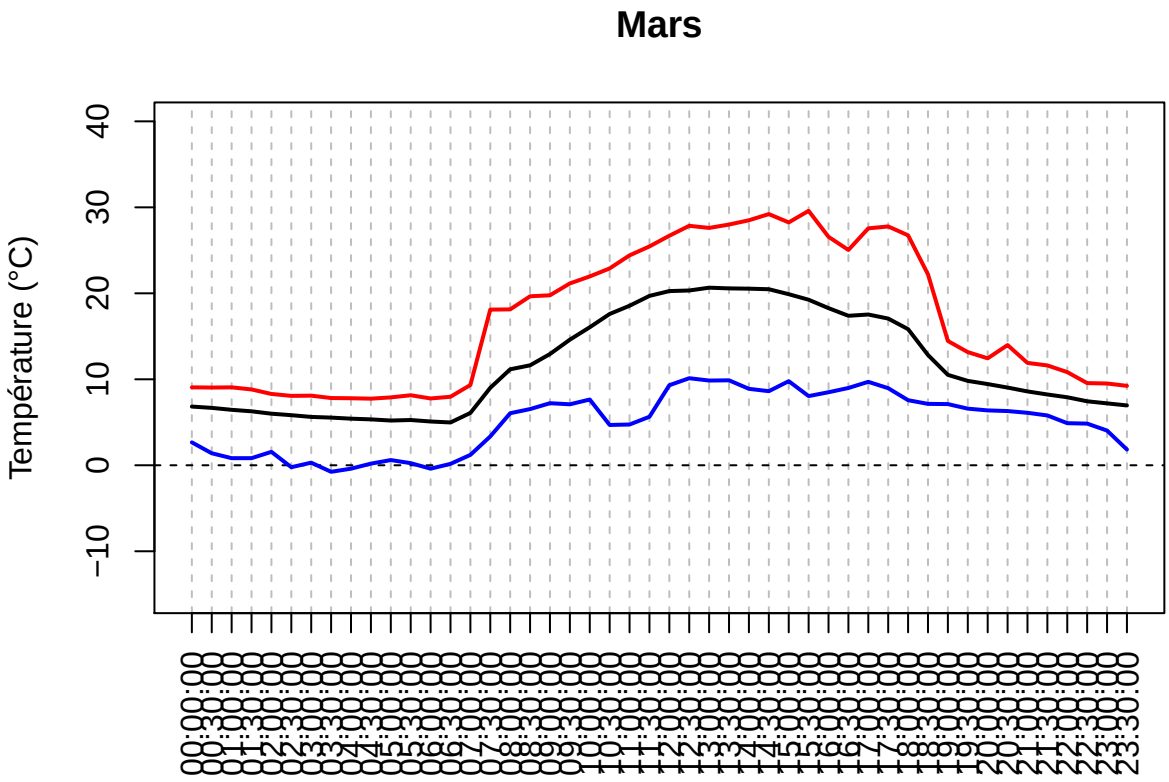
Nous pouvons également calculer les températures des heures de la journée pour chaque mois.

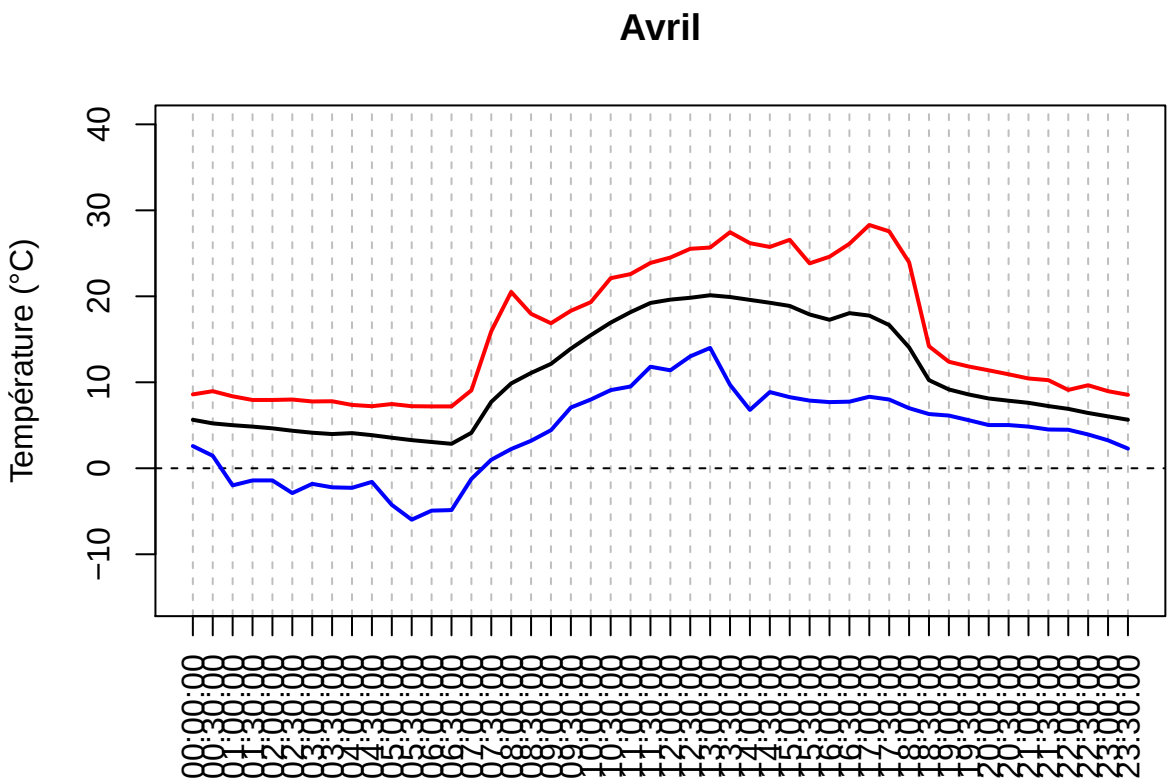
```
meses <- c("Janvier", "Février", "Mars", "Avril", "Mai", "Juin",
    "Juillet", "Août", "Septembre", "Octobre", "Novembre", "Décembre")
hours <- seq(from = 0, to = 23.5, by = 0.5)
bddMonth <- sapply(strsplit(as.character(bdd$bddDay), split = "/"), "[[", 1)
tempDayEachMonth <- lapply(sort(unique(bddMonth)), function(myMonth){
    bddX <- bdd[bddMonth == myMonth, ]
    tempHourMean <- aggregate(x = bddX[, 3], by = list(bddX[, 5]), FUN = mean)
    tempHourMin <- aggregate(x = bddX[, 3], by = list(bddX[, 5]), FUN = min)
    tempHourMax <- aggregate(x = bddX[, 3], by = list(bddX[, 5]), FUN = max)
    return(data.frame(tempHourMean, tempHourMin, tempHourMax))
})

for (i in seq_along(tempDayEachMonth)){
    plot(x = hours, y = tempDayEachMonth[[i]][, 2],
        type = 'l', ylim = c(-15, 40),
        xlab = "", ylab = "Température (°C)", lwd = 2,
        main = meses[i],
        xaxt = "n", panel.first = {
            abline(v = hours, col = "gray", lty = 2)
            abline(h = 0, lty = 2)
        })
    axis(side = 1, at = hours, labels = tempHourMean[, 1], las = 2)
    points(x = hours, y = tempDayEachMonth[[i]][, 4],
        type = 'l', col = 4, lwd = 2)
```

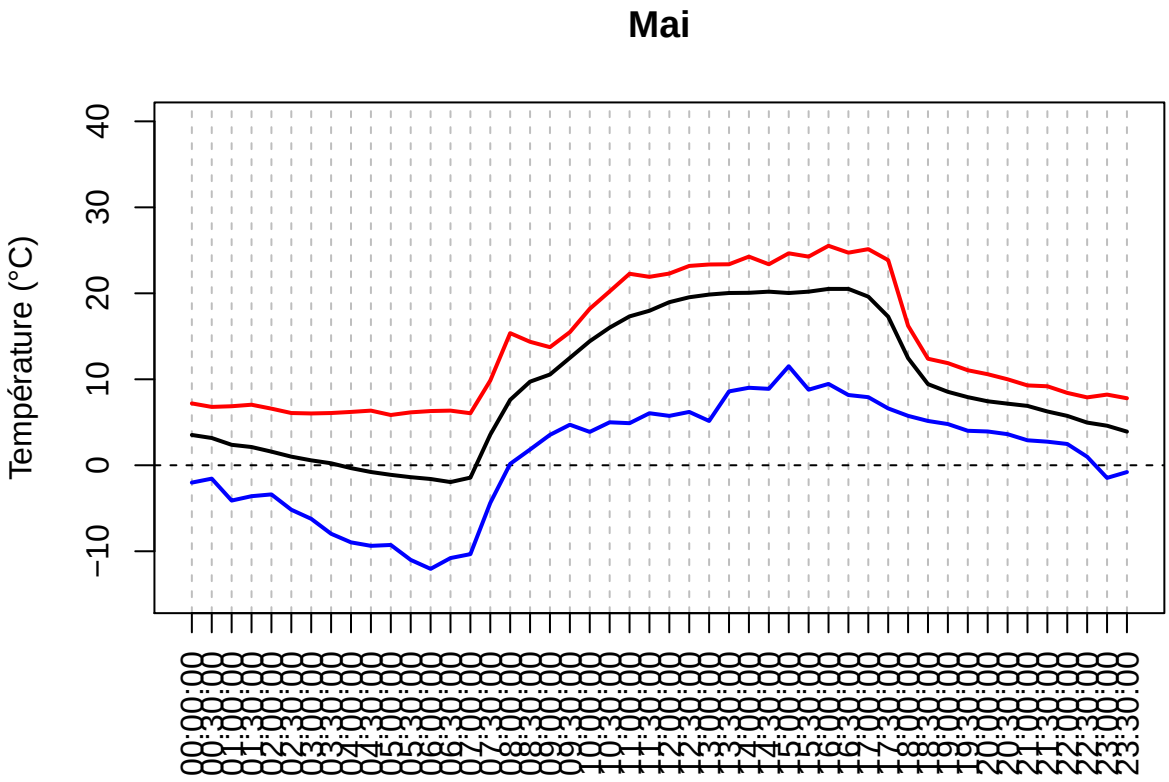
```
    points(x = hours, y = tempDayEachMonth[[i]][, 6],
        type = 'l', col = 2, lwd = 2)
}
```

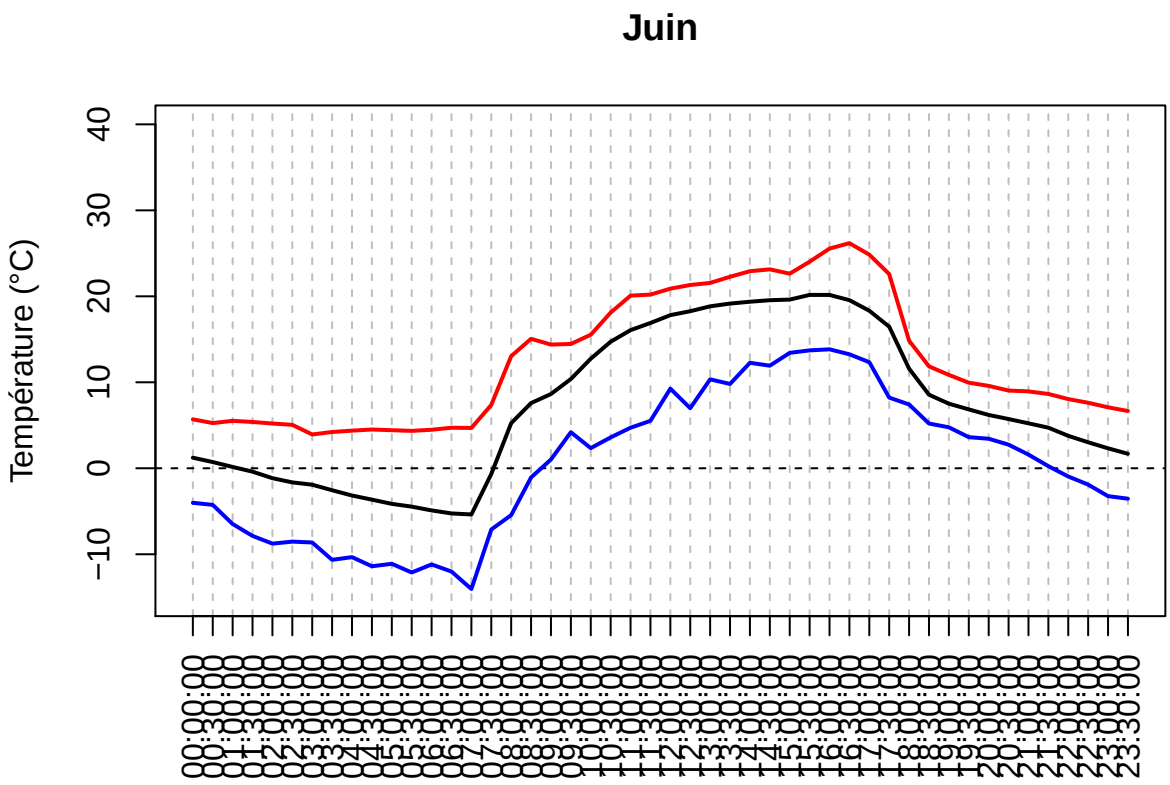


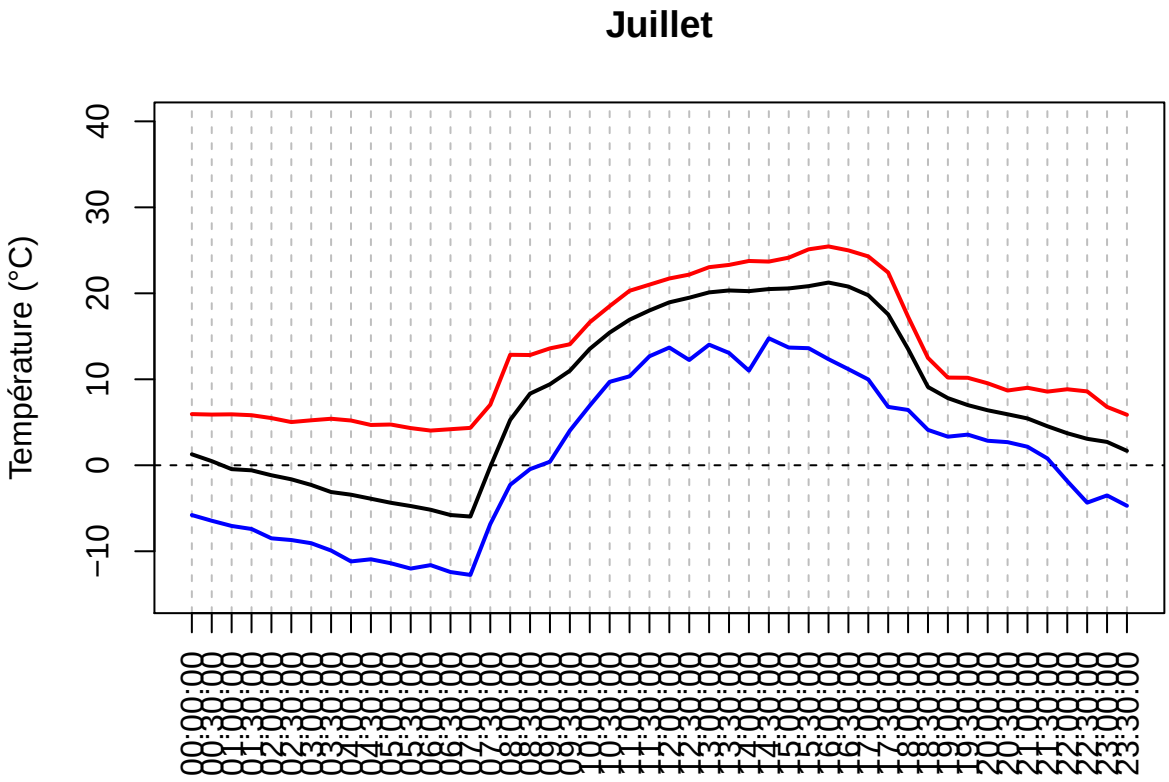

Février
Température (°C)
40
30
20
10
0
−10

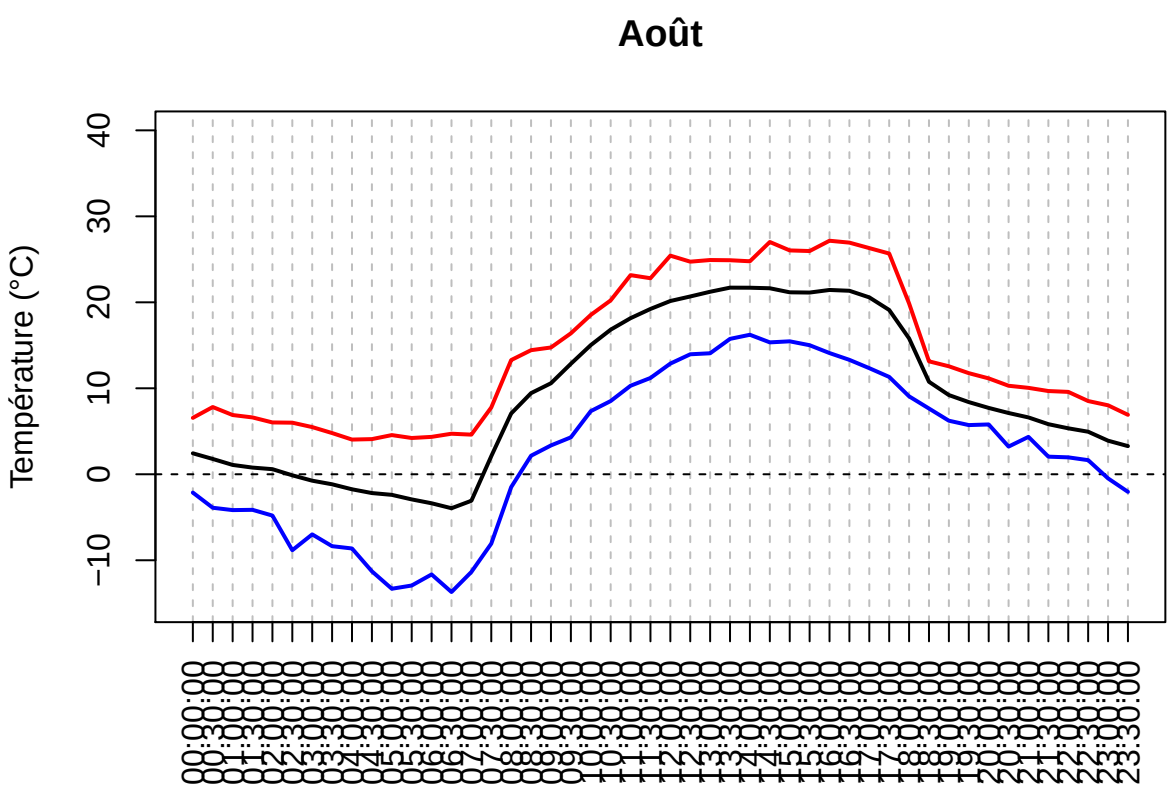

Mars
Température (°C)
40
30
20
10
0
−10
00
01
02
03
04
05
06
07
08
09
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23

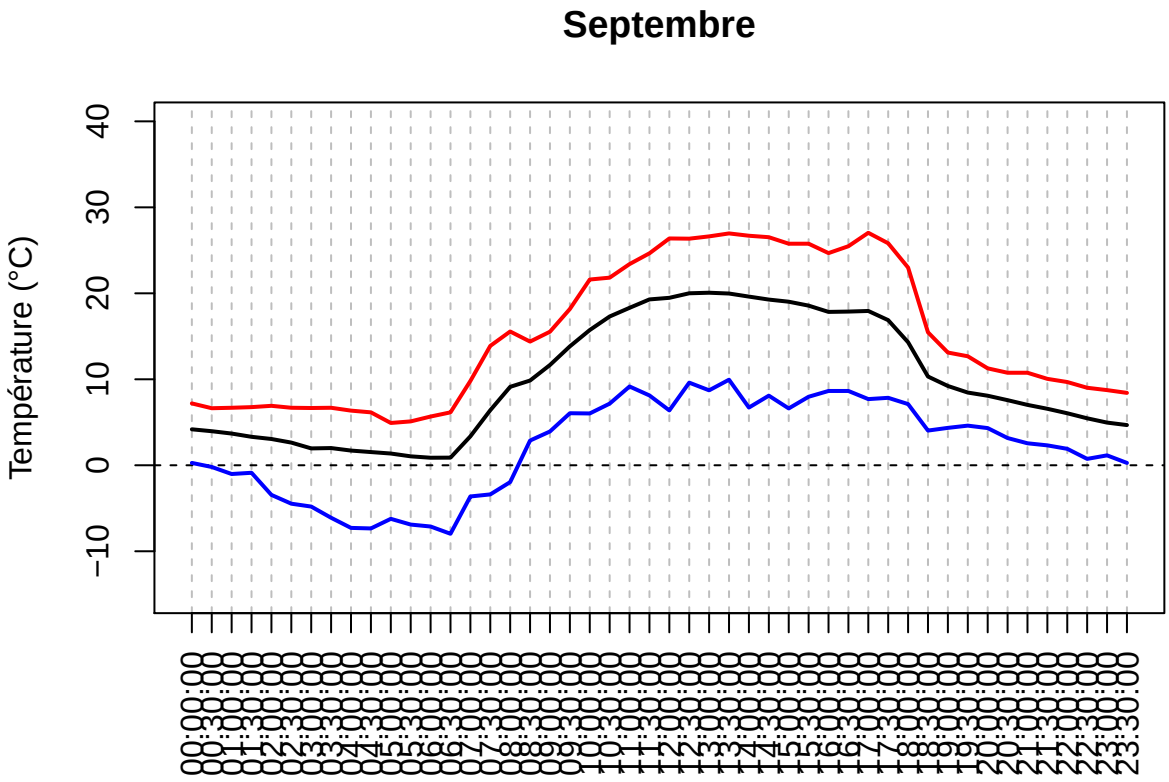

Avril
Température (°C)
40
30
20
10
0
−10

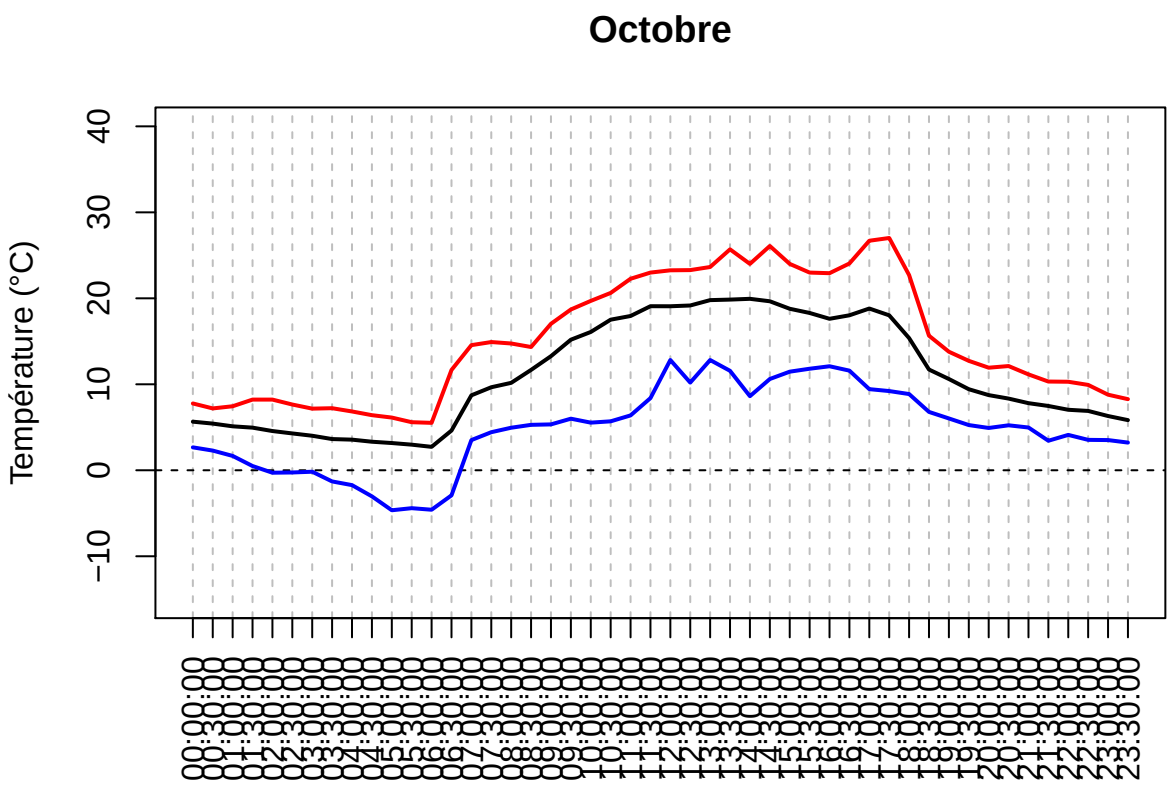

Mai
Température (°C)
40
30
20
10
0
−10


Juin
Température (°C)
40
30
20
10
0
−10

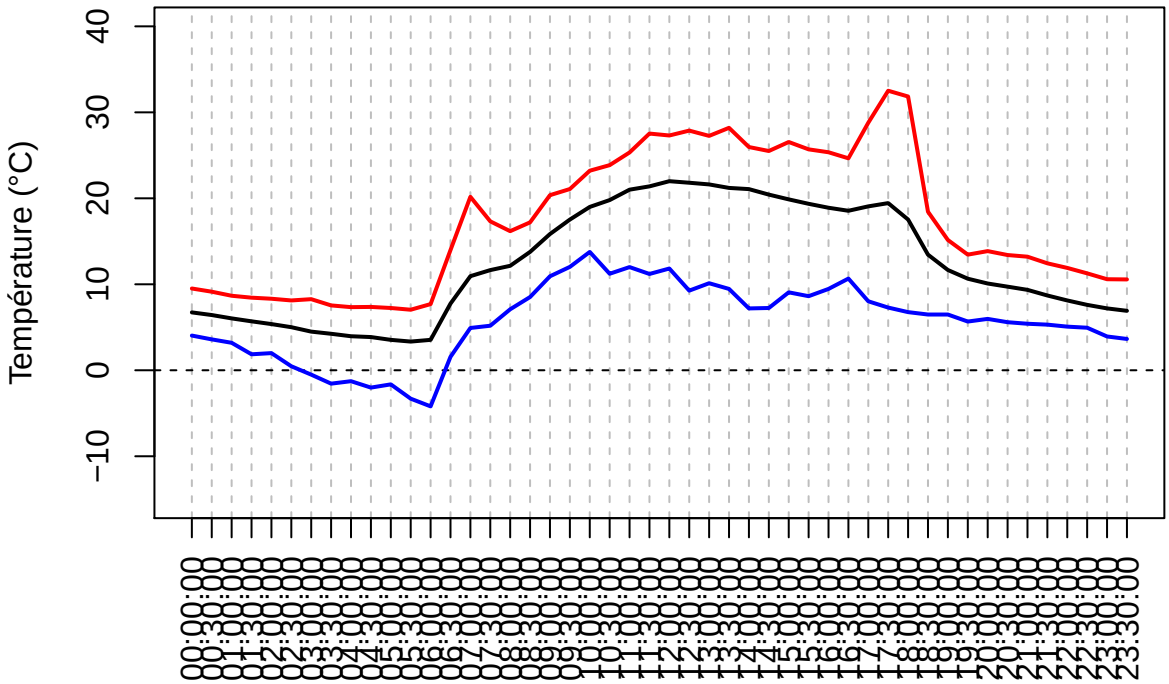

Juillet
Température (°C)
40
30
20
10
0
−10
00 01 02 03 04 05 06 07 08 09 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23

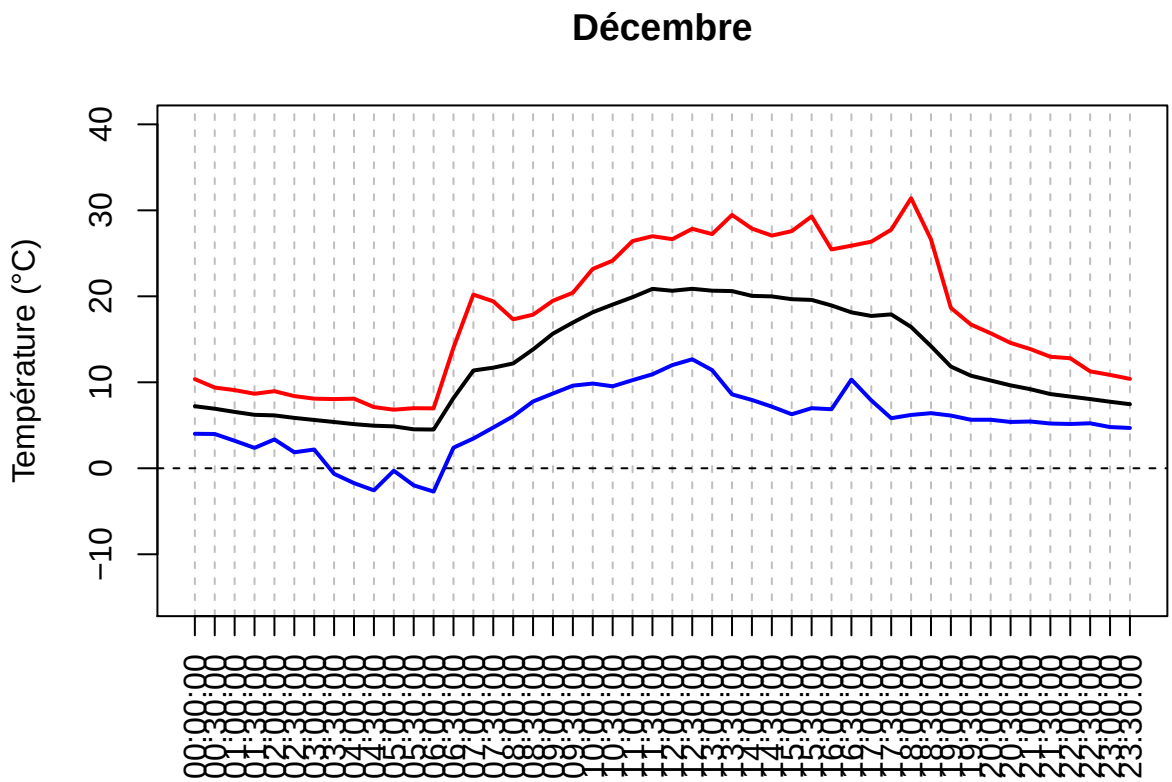

Août
Température (°C)
40
30
20
10
0
−10


Septembre
Température (°C)
40
30
20
10
0
−10


Octobre
Température (°C)
40
30
20
10
0
−10

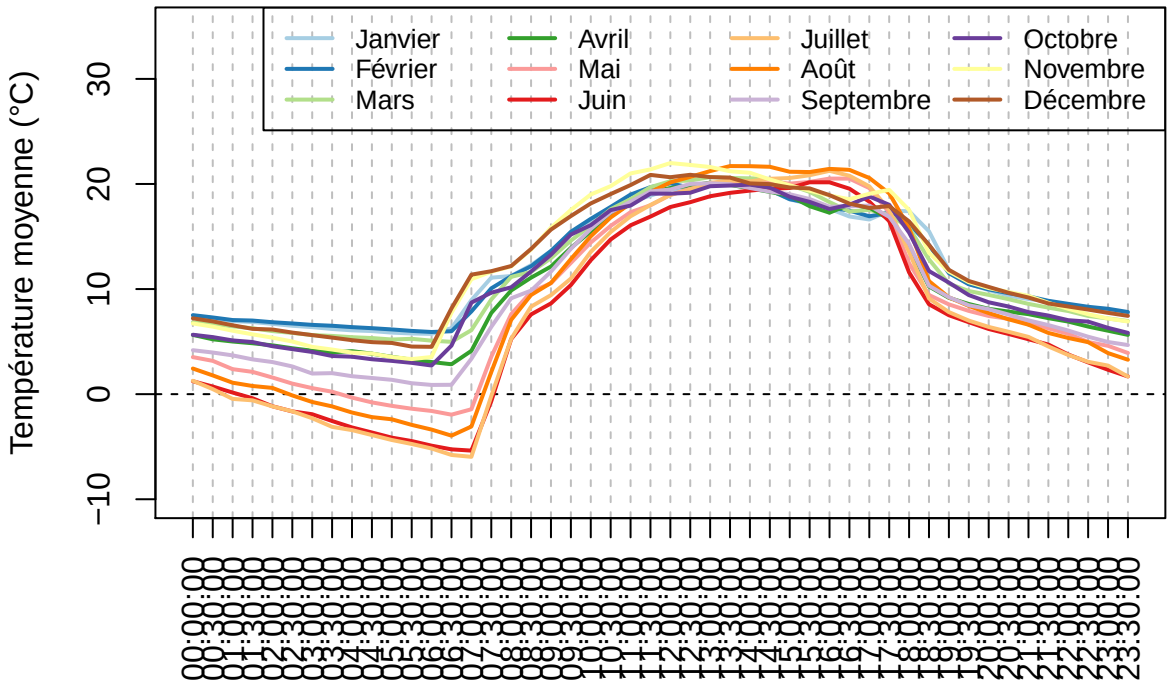
Novembre



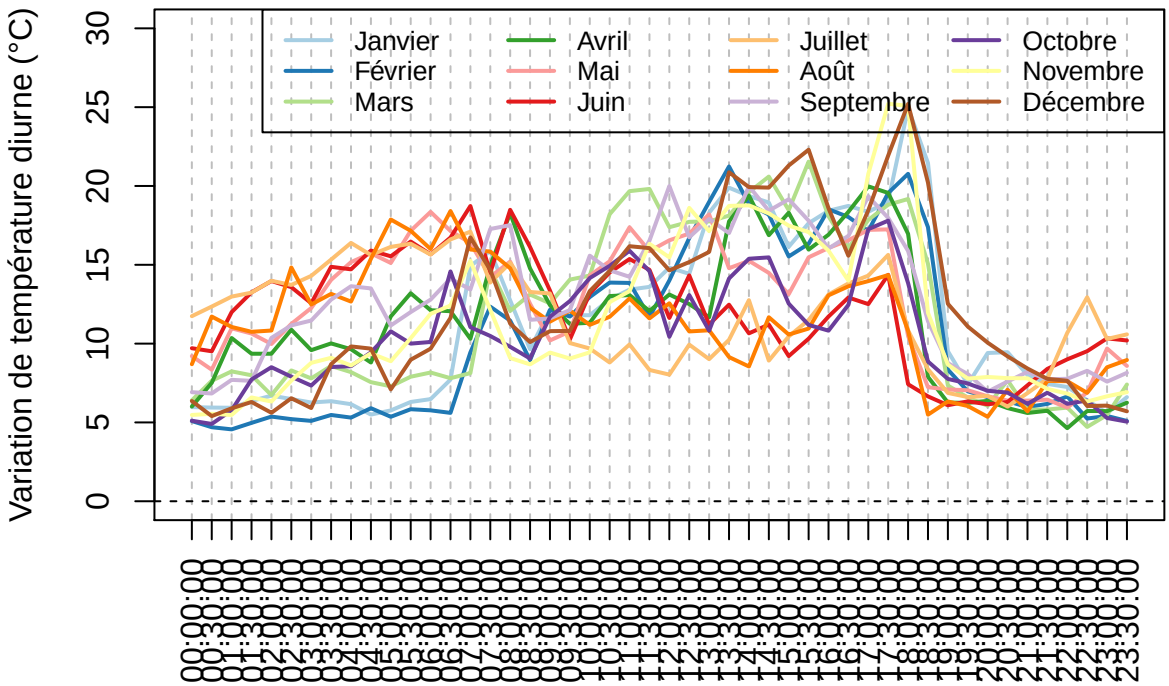


Ou les regrouper dans un même graphique, ainsi que la variation diurne des températures pour chaque mois.

```
plot(x = hours, y = tempDayEachMonth[[1]][, 2], type = 'n', ylim = c(-10, 35),
    xlab = "", ylab = "Température moyenne (°C)",
    xaxt = "n",
    panel.first = {
        abline(v = hours, col = "gray", lty = 2)
        abline(h = 0, lty = 2)
    })
axis(side = 1, at = hours, labels = tempHourMean[, 1], las = 2)
myColors <- c("#A6CEE3", "#1F78B4", "#B2DF8A", "#33A02C", "#FB9A99",
    "#E31A1C", "#FDBF6F", "#FF7F00", "#CAB2D6", "#6A3D9A", "#FFFF99",
    "#B15928")
for (i in seq_along(tempDayEachMonth)){
    points(x = hours,
        y = tempDayEachMonth[[i]][, 2],
        type = 'l', col = myColors[i], lwd = 2)
}
legend("topright", ncol = 4, legend = meses, col = myColors,
    lty = 1, lwd = 2, cex = 0.8)
```




```
plot(x = hours, y = tempDayEachMonth[[1]][, 2], type = 'n', ylim = c(0, 30),
    xlab = "", ylab = "Variation de température diurne (°C)",
    xaxt = "n",
    panel.first = {
        abline(v = hours, col = "gray", lty = 2)
        abline(h = 0, lty = 2)
    })
axis(side = 1, at = hours, labels = tempHourMean[, 1], las = 2)
myColors <- c("#A6CEE3", "#1F78B4", "#B2DF8A", "#33A02C", "#FB9A99",
    "#E31A1C", "#FDBF6F", "#FF7F00", "#CAB2D6", "#6A3D9A", "#FFFF99",
    "#B15928")
for (i in seq_along(tempDayEachMonth)){
    points(x = hours,
        y = tempDayEachMonth[[i]][, 6] - tempDayEachMonth[[i]][, 4],
        type = 'l', col = myColors[i], lwd = 2)
}
legend("topright", ncol = 4, legend = meses, col = myColors,
    lty = 1, lwd = 2, cex = 0.8)
```


Variation de température diurne (°C)
0
5
10
15
20
25
30
Janvier
Février
Mars
Avril
Mai
Juin
Juillet
Août
Septembre
Octobre
Novembre
Décembre

Chapter 15

Obtenir le numéro WOS d'un article scientifique à partir de son numéro DOI

Il peut être intéressant d'obtenir le numéro WOS d'un article scientifique. Ce numéro est cependant fastidieux à obtenir, d'autant plus si nous souhaitons le récupérer pour une liste d'articles ! Par chance *The Kitchin Research Group* dans leur blog de juin 2015 (`http://kitchingroup.cheme.cmu.edu/blog/2015/06/08/Getting-a-WOS-Accession-number-from-a-DOI/`) propose une méthode pour récupérer le numéro WOS à partir du numéro DOI. C'est cette méthode que nous allons utiliser avec R et le package `httr`. En bref, cette méthode consite à interroger le site web du WOS à partir du numéro DOI. Le site web du WOS va répondre en spécifiant qu'il faut se connecter pour accéder à l'article. Il y a pour cela une redirection vers une page web dont l'URL contient le numéro WOS. Il suffit alors d'extraire le numéro WOS de l'URL de la page web. **Si nous utilisons un proxy pour accéder au site web du WOS, il faut donc le désactiver pour que la méthode fonctionne**.

Tout d'abord si cela n'est pas déjà fait il faut installer le package `httr` avec `install.packages("httr")`, puis le charger avec `library("httr")`. Une autre solution consiste à utiliser la fonction suivante qui va vérifier si le package est installé puis le charger (il existe de nombreuses déclinaisons de cette fonction sur internet, il s'agit ici d'un mélange de multiples sources).

```
pkgCheck <- function(packages){
    for(x in packages){
        try(if (!require(x, character.only = TRUE)){
            install.packages(x, dependencies = TRUE)
            if(!require(x, character.only = TRUE)) {
                stop()
            }
        })
    }
}
pkgCheck("httr")
```

La liste des numéros DOI est la suivante (contenu dans un `vector`) :

```
myDOIs <- c("10.1111/2041-210X.12935", "10.1007/s13355-017-0480-5")
print(myDOIs)
```

```
## [1] "10.1111/2041-210X.12935"   "10.1007/s13355-017-0480-5"
```

Pour chaque DOI, nous allons interroger le site web du WOS, récupérer l'URL de redirection, puis récupérer le numéro WOS. Nous allons donc faire une boucle sur notre `vector` contenant les DOI. Nous utilisons la fonction `seq_along()` qui va prendre comme valeurs les éléments d'une séquence de 1 à la taille de l'objet `myDOIs`, soit : `i = 1`, puis `i = 2`.

```
for(i in seq_along(myDOIs)){
  # ...
}
```

Dans la boucle, le DOI que nous allons traiter est donc `myDOIs[i]` que nous allons appeler `myDOI`. La page d'interrogation du WOS correspond à la concaténation de l'URL du WOS avec le numéro WOS (l'URL est présentée sur plusieurs lignes pour respecter la largeur de page de ce livre).

```
for(i in seq_along(myDOIs)){
  myDOI <- myDOIs[i]
  myWebPage <- paste0(
    "http://ws.isiknowledge.com/",
    "cps/openurl/service?url_ver=Z39.88-2004",
    "&rft_id=info:doi/", myDOI)
}
```

Maintenant nous allons utiliser la fonction `GET()` du package `httr` pour récupérer l'URL.

```
for(i in seq_along(myDOIs)){
  myDOI <- myDOIs[i]
  myWebPage <- paste0(
    "http://ws.isiknowledge.com/",
    "cps/openurl/service?url_ver=Z39.88-2004",
    "&rft_id=info:doi/", myDOI)
  r <- GET(myWebPage)
  urlWOS <- r[[1]]
}
```

Il se peut que pour un article, il n'y ait pas de numéro WOS correspondant. Pour que notre script ne soit pas arrêté en cas d'erreur il faut donc **gérer cette exception**. Nous allons créer un objet `tryExtract` qui va prendre comme valeur une chaîne de caractères vide `""`. Ensuite nous allons essayer avec la fonction `try()` d'extraire le numéro WOS avec la fonction `substr()`. Le numéro WOS se situe depuis le caractère numéro 117 jusqu'au caractère numéro 131 de l'URL.

```
for(i in seq_along(myDOIs)){
  myDOI <- myDOIs[i]
  myWebPage <- paste0(
    "http://ws.isiknowledge.com/",
    "cps/openurl/service?url_ver=Z39.88-2004",
    "&rft_id=info:doi/", myDOI)
  r <- GET(myWebPage)
  urlWOS <- r[[1]]
  tryExtract <- ""
  try(tryExtract <- substr(x = urlWOS, start = 117, stop = 131), silent = TRUE)
}
```

Nous pouvons ensuite vérifier que l'extraction correspond bien à un numéro en utilisant une **expression régulière**. Ici nous allons simplement vérifier que l'extraction ne contient que des chiffres. Dans le cas contraire `tryExtract` reprendra sa valeur initiale `""`.

```
for(i in seq_along(myDOIs)){
  myDOI <- myDOIs[i]
  myWebPage <- paste0(
```

```
    "http://ws.isiknowledge.com/",
    "cps/openurl/service?url_ver=Z39.88-2004",
    "&rft_id=info:doi/", myDOI)
  r <- GET(myWebPage)
  urlWOS <- r[[1]]
  tryExtract <- ""
  try(tryExtract <- substr(x = urlWOS, start = 117, stop = 131), silent = TRUE)
  if(!grepl(pattern = '^[0-9]*$', x = tryExtract)){tryExtract <- ""}
}
```

Le résultat est ensuite stocké dans un `vector` créé au préalable et appelé `vecWOS`.

```
vecWOS <- vector()
for(i in seq_along(myDOIs)){
  myDOI <- myDOIs[i]
  myWebPage <- paste0(
    "http://ws.isiknowledge.com/",
    "cps/openurl/service?url_ver=Z39.88-2004",
    "&rft_id=info:doi/", myDOI)
  r <- GET(myWebPage)
  urlWOS <- r[[1]]
  tryExtract <- ""
  try(tryExtract <- substr(x = urlWOS, start = 117, stop = 131), silent = TRUE)
  if(!grepl(pattern = '^[0-9]*$', x = tryExtract)){tryExtract <- ""}
  vecWOS <- append(vecWOS, tryExtract)
}
```

Nous pouvons alors créer un objet de type `data.frame` qui va contenir les numéros DOI et les numéros WOS, et éventuellement l'exporter dans un fichier CSV.

```
dfDOIWOS <- data.frame(DOI = myDOIs, WOS = vecWOS)
write.csv(dfDOIWOS, file = "dfDOIWOS.csv", row.names = FALSE)
```

Le résultat est le suivant (non exécuté car la procédure d'interrogation avec la fonction `GET()` est très lente : **si nous souhaitons travailler sur un liste de plusieurs dizaines ou centaines d'articles, plusieurs heures seront nécessaires** avant d'obtenir le résultat).

```
#                          DOI             WOS
# 1   10.1111/2041-210X.12935 000429421800031
# 2 10.1007/s13355-017-0480-5 000400381400016
```

Voici le code complet :

```
pkgCheck <- function(packages){
    for(x in packages){
        try(if (!require(x, character.only = TRUE)){
            install.packages(x, dependencies = TRUE)
            if(!require(x, character.only = TRUE)) {
                stop()
            }
        })
    }
```

```
}
pkgCheck("httr")

myDOIs <- c("10.1111/2041-210X.12935", "10.1007/s13355-017-0480-5")

vecWOS <- vector()
for(i in seq_along(myDOIs)){
  myDOI <- myDOIs[i]
  myWebPage <- paste0(
    "http://ws.isiknowledge.com/",
    "cps/openurl/service?url_ver=Z39.88-2004",
    "&rft_id=info:doi/", myDOI)
  r <- GET(myWebPage)
  urlWOS <- r[[1]]
  tryExtract <- ""
  try(tryExtract <- substr(x = urlWOS, start = 117, stop = 131), silent = TRUE)
  if(!grepl(pattern = '^[0-9]*$', x = tryExtract)){tryExtract <- ""}
  vecWOS <- append(vecWOS, tryExtract)
}

dfDOIWOS <- data.frame(DOI = myDOIs, WOS = vecWOS)
write.csv(dfDOIWOS, file = "dfDOIWOS.csv", row.names = FALSE)
```

La boucle `for()` pourrait être remplacée par une boucle `sapply()` pour gagner en temps d'exécution. Un gain serait également possible en effectuant une parallélisation sur cette boucle. Pour information, voici un exemple de temps d'exécution renvoyé par la fonction `system.time()` et `microbenchmark::microbenchmark()` :

```
# system.time()
#   user  system elapsed
#   0.10    0.01   35.00

# microbenchmark()
# Unit: seconds
#     expr      min       lq     mean   median       uq      max neval
#  myFun() 36.58966 36.58966 36.58966 36.58966 36.58966 36.58966     1
```

Nous venons de faire un script qui permet à partir d'une liste de numéros DOI d'obtenir automatiquement les numéros WOS.