Predavanje 08 – Odgovori na vprašanja

ggplot2 – errorbar

Na statističnih grafih, ki vsebujejo opisne statistike, kot je npr. povprečje, pogosto prikažemo še negotovost v obliki standardnih odklonov ali standardnih napak. S knjižnico ggplot2 to storimo z uporabo geom-a `errorbar`. Pred tem moramo ustrezno pripraviti podatke tako, da dodamo še stolpec s spodnjo in zgornjo mejo napake. Če je napaka simetrična, potrebujemo le en stolpec.

```
data("mtcars")
head(mtcars)
```

```
##                    mpg cyl disp  hp drat    wt  qsec vs am gear carb
## Mazda RX4         21.0   6  160 110 3.90 2.620 16.46  0  1    4    4
## Mazda RX4 Wag     21.0   6  160 110 3.90 2.875 17.02  0  1    4    4
## Datsun 710        22.8   4  108  93 3.85 2.320 18.61  1  1    4    1
## Hornet 4 Drive    21.4   6  258 110 3.08 3.215 19.44  1  0    3    1
## Hornet Sportabout 18.7   8  360 175 3.15 3.440 17.02  0  0    3    2
## Valiant           18.1   6  225 105 2.76 3.460 20.22  1  0    3    1
```

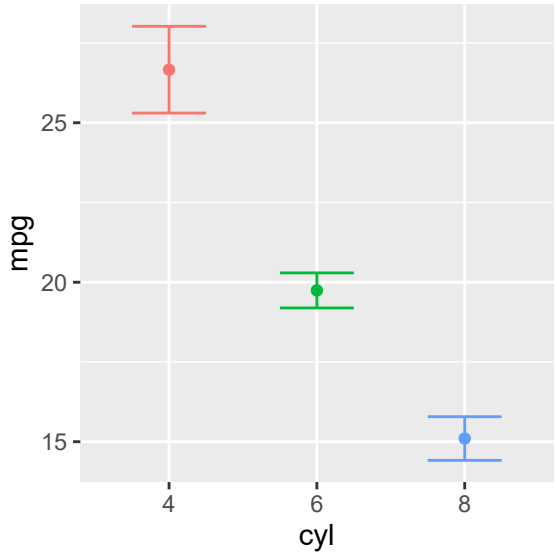
```
mus <- aggregate(mpg ~ cyl, mtcars, FUN = mean)
sds <- aggregate(mpg ~ cyl, mtcars, FUN = function(x) {sd(x) / sqrt(length(x))})
df  <- cbind(mus, SE = sds$mpg)
df$cyl <- as.character(df$cyl)

head(df)
```

```
##   cyl      mpg        SE
## 1   4 26.66364 1.3597642
## 2   6 19.74286 0.5493967
## 3   8 15.10000 0.6842016
```

```
library(ggplot2)
```

```
## Warning: package 'ggplot2' was built under R version 4.0.5
```

```
ggplot(df, aes(x = cyl, y = mpg, colour = cyl)) +
  geom_point() +
  geom_errorbar(aes(ymin = mpg - SE, ymax = mpg + SE), width = 0.5) +
  theme(legend.position = "none")
```

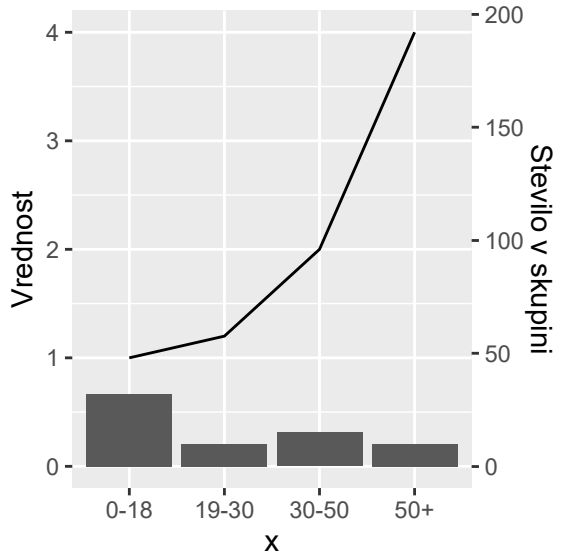


Kako v ggplot2 narediti graf z dvema y-osema?

Predlagamo, da ne uporabljate grafov z dvema y-osema: (https://blog.datawrapper.de/dualaxis/).

V kolikor zadeve ne morete rešiti drugače, pa se lahko poslužite sledečega trika:

```
x  <- c("0-18", "19-30", "30-50", "50+")
y1 <- c(1, 1.2, 2, 4)
y2 <- c(32, 10, 15, 10)
df <- data.frame(x = x, y1 = y1, y2 = y2)

ggplot(df) +
  geom_line(aes(x = x, y = y1, group = 1)) +
  geom_bar(aes(x = x, y = y2 / 8 / 6), stat = "identity") +
  scale_y_continuous(
    name = "Vrednost",
    sec.axis = sec_axis(trans=~. * 8 * 6, name="Stevilo v skupini")
  )
```



Kar smo naredili je, da smo drugo spremenljivko `y2` transformirali, da je bila na enakem razponu, kot prva spremenljivka `y` (deljenje z 8). Potem smo jo še nekoliko zmanjšali, da smo dobili škatle pod črto, za lepši izgled (deljenje s 6, ta korak bi lahko preskočili). Potem moramo samo še dodati drugo os, kjer definiramo obratno transformacijo z `sec_axis(trans=~. * 8 * 6)`. Torej, če želite imeti dve osi, je najprej potrebno drugo spremenljivko ustrezno transformirati in nato dodati obratno transformacijo v argument `sec.axis` funkcije `scale_y_continuous`.

Statistični testi

Večina klasičnih statističnih testov in modelov je vgrajenih že v osnovni R. Poglejmo si uporabo treh izmed najbolj popularnih, t-testa, ANOVE in linearne regresije.

```
# modelirajmo porabo goriva, pri cemer kot neodvisne spremenljivke uporabimo:
# stevilo cilindrov, konjsko moc in tezo
lr <- lm(mpg ~ cyl + hp + wt, data = mtcars)
summary(lr)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = mpg ~ cyl + hp + wt, data = mtcars)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -3.9290 -1.5598 -0.5311  1.1850  5.8986
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 38.75179    1.78686  21.687  < 2e-16 ***
## cyl         -0.94162    0.55092  -1.709 0.098480 .
## hp          -0.01804    0.01188  -1.519 0.140015
## wt          -3.16697    0.74058  -4.276 0.000199 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
##
## Residual standard error: 2.512 on 28 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.8431, Adjusted R-squared:  0.8263
## F-statistic: 50.17 on 3 and 28 DF,  p-value: 2.184e-11
```

```
# t-test uporabimo za statisticno primerjavo pricakovane sirine listov
# dveh vrst perunike

x_vir <- iris$Sepal.Width[iris$Species == "virginica"]
x_ver <- iris$Sepal.Width[iris$Species == "versicolor"]

t.test(x_vir, x_ver)
```

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  x_vir and x_ver
## t = 3.2058, df = 97.927, p-value = 0.001819
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  0.07771636 0.33028364
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##     2.974     2.770
```

```
# ANOVO uporabimo za statisticno primerjavo dolzine listov treh vrst perunike.
# Primerjamo, ali vrsta perunike vpliva na dolzino listov.
my_anova <- aov(Sepal.Length ~ Species, data = iris)
summary(my_anova)
```

```
##              Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## Species       2  63.21  31.606   119.3 <2e-16 ***
## Residuals   147  38.96   0.265
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

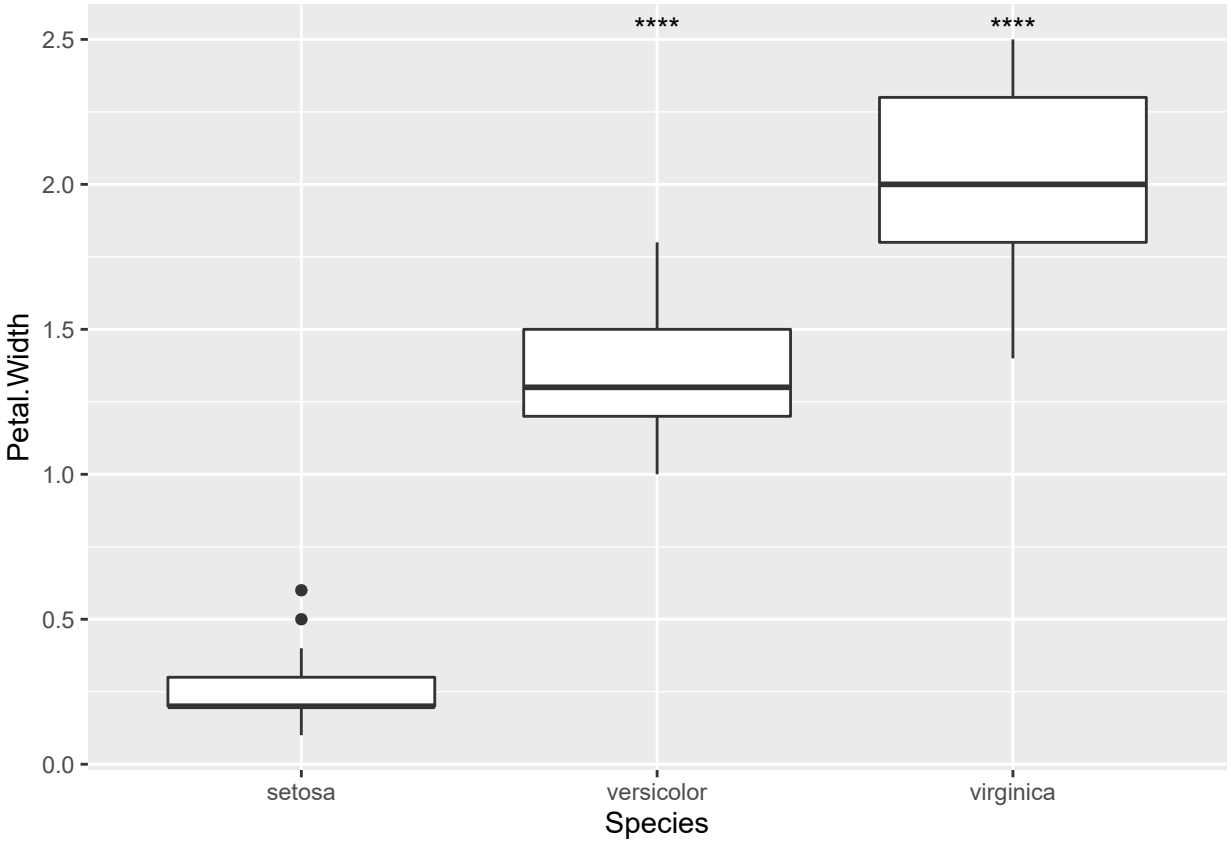
ggplot2 – statistična signifikantnost

Včasih želimo rezultate statističnega testa prikazati kar na grafu. Poglejmo si sedaj primer t-testa v ggplot2. Za to bomo potrebovali še en paket **ggpubr** in funkcijo iz tega paketa `stat_compare_means`. Tej funkciji bomo poda

```
library(ggplot2)
library(ggpubr)
```

```
## Warning: package 'ggpubr' was built under R version 4.0.5
```

```
ggplot(iris, aes(x = Species, y = Petal.Width)) +
  geom_boxplot() +
  stat_compare_means(label = "p.signif", method = "t.test",
                     ref.group = "setosa")
```



Prikaz točk in povprečja na grafu

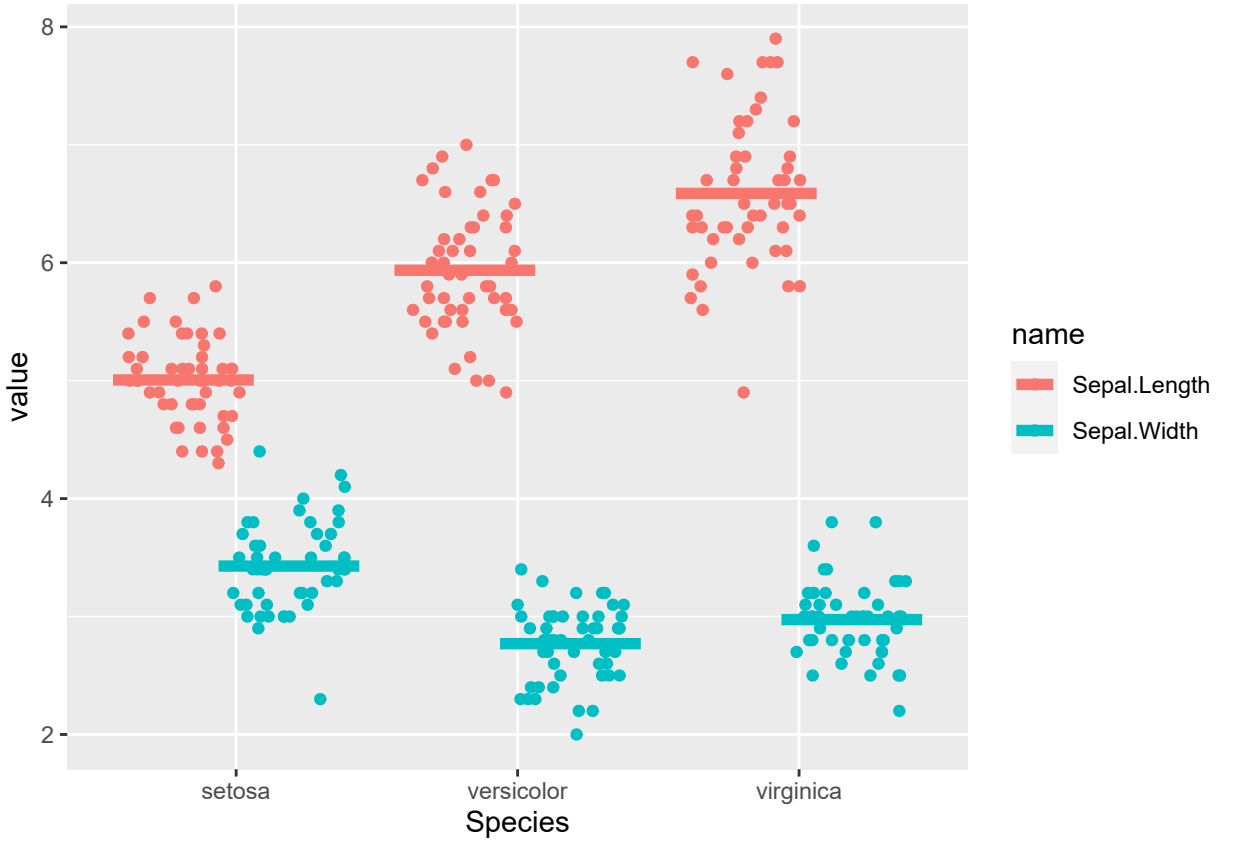
Poglejmo si še en zanimiv graf, kjer bomo prikazali točke in povprečja na istem grafu. Pogledali si bomo porazdelitve dolžin in širin listov različnih perunik. Najprej si pripravimo `data.frame`.

```
library(tidyr)
iris_longer <- iris[ , c("Sepal.Length", "Sepal.Width", "Species")]
iris_longer <- pivot_longer(iris_longer, Sepal.Length:Sepal.Width)
head(iris_longer)
```

```
## # A tibble: 6 x 3
##   Species name         value
##   <fct>   <chr>        <dbl>
## 1 setosa  Sepal.Length   5.1
## 2 setosa  Sepal.Width    3.5
## 3 setosa  Sepal.Length   4.9
## 4 setosa  Sepal.Width    3
## 5 setosa  Sepal.Length   4.7
## 6 setosa  Sepal.Width    3.2
```

Za izris povprečij s črto bomo potrebovali geom `hpline` iz paketa **ungeviz** (https://wilkelab.org/ungeviz/index.html). Za izris točk uporabimo pri `geom_point` argument `position = position_jitterdodge()`. To najprej loči dolžine in širine listov (dodge) in potem še nekoliko raztrosi točke (jitter), da je bolj pregledno, kje imamo več točk. Če ne bi uporabili tega, bi enostavno dobili prikazane vse točke v isti liniji.

```
library(ungeviz)
ggplot(iris_longer, aes(x = Species, y = value, color = name)) +
  geom_point(position = position_jitterdodge()) +
  stat_summary(
    fun = "mean",
    position = position_dodge(width = 0.75),
    geom = "hpline"
  )
```



Urejanje `data.frame`, izpis števila vrstic, ki ustreza pogoju

Zgoraj smo naložili podatke o avtih. Pa si poglejmo, kako urediti `data.frame` glede na neko spremenljivko. Recimo, da nas zanima 10 avtomobilov z najmanj konjskimi močmi.

```
cars_decreasing <- mtcars[order(mtcars$hp), ]
cars_decreasing[1:10, ]
```

```
##                 mpg cyl  disp  hp drat    wt  qsec vs am gear carb
## Honda Civic    30.4   4  75.7  52 4.93 1.615 18.52  1  1    4    2
## Merc 240D      24.4   4 146.7  62 3.69 3.190 20.00  1  0    4    2
## Toyota Corolla 33.9   4  71.1  65 4.22 1.835 19.90  1  1    4    1
## Fiat 128       32.4   4  78.7  66 4.08 2.200 19.47  1  1    4    1
## Fiat X1-9      27.3   4  79.0  66 4.08 1.935 18.90  1  1    4    1
```

```
## Porsche 914-2  26.0   4 120.3  91 4.43 2.140 16.70  0  1    5    2
## Datsun 710     22.8   4 108.0  93 3.85 2.320 18.61  1  1    4    1
## Merc 230       22.8   4 140.8  95 3.92 3.150 22.90  1  0    4    2
## Toyota Corona  21.5   4 120.1  97 3.70 2.465 20.01  1  0    3    1
## Valiant        18.1   6 225.0 105 2.76 3.460 20.22  1  0    3    1
```

Kar smo naredili je, da smo najprej uredili `mtcars` glede na stolpec `hp`, ki predstavlja konjske moči. To smo naredili tako, da smo uporabili funkcijo `order`, ki nam vrne urejeno permutacijo indeksov. Na primer

```
order(c(5, 2, 3, 1))
```

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

Najmanjše število (1) je na četrtem mestu, torej je prva vrednost, ki jo vrne `order` 4. Drugo najmanjše število (2) je na drugem mestu, torej je druga vrednost, ki jo vrne `order` 2. Če želimo naraščajočo permutacijo, uporabimo argument `decreasing = FALSE`. Poglejmo si sedaj 10 avtomobilov z največ konjskimi močmi.

```
cars_increasing <- mtcars[order(mtcars$hp, decreasing = FALSE), ]
cars_increasing[1:10, ]
```

```
##                 mpg cyl  disp  hp drat    wt  qsec vs am gear carb
## Honda Civic    30.4   4  75.7  52 4.93 1.615 18.52  1  1    4    2
## Merc 240D      24.4   4 146.7  62 3.69 3.190 20.00  1  0    4    2
## Toyota Corolla 33.9   4  71.1  65 4.22 1.835 19.90  1  1    4    1
## Fiat 128       32.4   4  78.7  66 4.08 2.200 19.47  1  1    4    1
## Fiat X1-9      27.3   4  79.0  66 4.08 1.935 18.90  1  1    4    1
## Porsche 914-2  26.0   4 120.3  91 4.43 2.140 16.70  0  1    5    2
## Datsun 710     22.8   4 108.0  93 3.85 2.320 18.61  1  1    4    1
## Merc 230       22.8   4 140.8  95 3.92 3.150 22.90  1  0    4    2
## Toyota Corona  21.5   4 120.1  97 3.70 2.465 20.01  1  0    3    1
## Valiant        18.1   6 225.0 105 2.76 3.460 20.22  1  0    3    1
```

Velikokrat želimo neko podmnožico podatkov, ki ustreza nekemu pogoju. Na primer, želimo vse avtomobile, ki imajo več manj kot 100 konjskih moči.

```
cars_subset <- mtcars[mtcars$hp < 100, ]
```

Če nas zanima samo število takih vrstic, to dobimo tako, da najprej ustvarimo ustrezno podmnožico in nato preštejemo vrstice:

```
nrow(mtcars[mtcars$hp < 100, ])
```

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

Manjkajoče vrednosti

Velikokrat se pri delu z realnimi podatki srečamo z manjkajočimi vrednostmi. V R so manjkajoče vrednosti označene z `NA` (not available). Poglejmo si vektor, ki vsebuje manjkajoče vrednosti.

```
x <- c(4, 6, 1, NA, 5, NA, 6)
```

Ali vektor (enako za stolpce v `data.frame` na primer) vsebuje manjkajoče vrednosti lahko preverimo s funkcijo `anyNA`.

```
anyNA(x)
```

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

Za posamezno vrednost preverimo ali je enaka `NA` z `is.na`.

```
is.na(x[1])
```

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

```
is.na(x[4])
```

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

Kaj se zgodi, če poizkusimo izračunati povprečje `x`?

```
mean(x)
```

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

Vrne `NA`. Če želimo, da nam R vseeno vrne povprečje vseh vrednosti, ki niso enake `NA` uporabimo argument `na.rm = TRUE`. Večina funkcij ki povzemajo številske vrednosti ima možnost podati ta argument. Alternativno bi lahko ročno izbrali podmnožico `x` kjer vrednosti niso `NA` in izračunali povprečje.

```
mean(x, na.rm = TRUE)
```

```
## [1] 4.4
```

```
mean(x[!is.na(x)])
```

```
## [1] 4.4
```

Nekonsistentni podatki

Poleg manjkajočih vrednosti se pogosto v podatkih pojavijo tudi nekonsistentnosti zaradi ročnega vnašanja. Na primer v numeričnem stolpcu se pojavijo števila ki imajo decimalno piko ali vejico, ali pa se pojavijo celo besede. V takem primeru je potrebnega nekaj ročnega dela s takšnimi stolpci. Poglejmo si datoteko **nekonsistentni_podatki.csv**, ki je v mapi *data_raw*.

```
podatki <- read.table("./data_raw/nekonsistentni_podatki.csv", dec = ",", sep = ";",
                      quote = "", header = TRUE)
```

Z ukazom `str` lahko preverimo tipe stolpcev.

```
str(podatki)
```

```
## 'data.frame':    8 obs. of  2 variables:
##  $ ime     : chr  "Miha" "Mojca" "Matej" "Matjaz" ...
##  $ vrednost: chr  "4,6" "3.8" "b" "6" ...
```

Opazimo, da je R prebral oba stolpca kot besede (character). Če želimo stolpec `vrednost` spremeniti v numeričen, bomo morali narediti 2 stvari:

1) Ustrezno popraviti decimalne vejice v decimalne pike (saj R uporablja decimalno piko).
2) Pretvoriti stolpec v numeričnega.

Decimalne vejice bomo spremenili v decimalne pike z ukazom `gsub`. Ta funkcija se uporablja za zamenjavo dela besede z neko drugo besedo. Na primer:

```
beseda <- "Ne maram R!"
gsub(pattern = "Ne maram", replacement = "Obozujem", x = beseda)
```

```
## [1] "Obozujem R!"
```

S tem bomo sedaj zamenjali vejice s pikami v stolpcu `vrednost`:

```
podatki$vrednost <- gsub(pattern = ",", replacement = ".", x = podatki$vrednost)
```

Sedaj moramo samo še pretvoriti podatke v numerične s funkcijo `as.numeric`.

```
podatki$vrednost <- as.numeric(podatki$vrednost)
```

```
## Warning: NAs introduced by coercion
```

```
head(podatki)
```

```
##      ime vrednost
## 1   Miha      4.6
## 2  Mojca      3.8
## 3  Matej       NA
## 4 Matjaz      6.0
## 5    Tom      7.0
## 6   Anja      2.0
```

Opazimo, da je R vrstice, ki jih ne zna pretvoriti v številke (na primer tretjo vrstico, kjer imamo besedo v tem stolpcu), avtomatsko pretvoril v `NA` (manjkajoče vrednosti).

Branje podatkov v excelu za določene vrstice in stolpce

Velikokrat se srečamo z večimi tabelami na enem Excelovem listu. Kako preberemo točno določeno tabelo? V datoteki **podatki_premaknjeni.xlsx** imamo takšen list. Recimo, da želimo prebrati samo drugo tabelo, ki se nahaja v 14. vrstici in stolpcu E. To naredimo tako, da uporabimo argument `startRow = 14`. S tem bo `read.xlsx` začel brati podatke v 14. vrstici. Prebral bo vse podatke, do konca podatkov.

```
library(openxlsx)
```

```
## Warning: package 'openxlsx' was built under R version 4.0.4
```

```
podatki <- read.xlsx("./data_raw/podatki_premaknjeni.xlsx", startRow = 14)
head(podatki)
```

```
##   artikel kolicina cena
## 1    zoga        1   10
## 2    kolo        5  100
## 3   rolka        2   30
```

Poglejmo si še datoteko **podatki_premaknjeni2.xlsx**, kjer imamo 2 tabeli v 14. vrstici. Recimo, da želimo prebrati samo drugo. Žal v tem primeru funkcija `read.xlsx` ne dopušča samo nastavitve prvega stolpca, v katerem začeti branje, ampak moramo funkciji ročno podati vse indekse stolpcev, katere želimo prebrati. Te podamo v argument `cols`. Enako lahko naredimo tudi za vrstice z argumentom `rows`.

```
podatki <- read.xlsx("./data_raw/podatki_premaknjeni2.xlsx", startRow = 14, cols = 9:10)
head(podatki)
```

```
##   delavec delovna_doba
## 1     Tim           10
## 2    Nina            5
## 3  Mateja            2
## 4  Zlatko           10
```

Paket dplyr

Na tej delavnici smo se naučili kako izbrati podmnožico vrstic in stolpcev `data.frame`, kako dodati stolpce in kako povzeti rezultate glede na kategorije. Vendar pa je osnovna različica R relativno toga pri izvajanju teh manipulacij. Za lažje in bolj pregledno delo z `data.frame` predlagamo uporabo paketa **dplyr**. Pogledali si bomo 4 najbolj pogoste funkcije iz tega paketa:

1) `filter`. Izberemo podmnožico vrstic.
2) `select`. Izberemo podmnožico stolpcev.
3) `mutate`. Dodamo stolpec.
4) `summarize`. Numerični povzetek preko kategorij.

Najbolje, da si ogledamo te funkcije v uporabi. Hkrati bomo prikazali uporabo z **dplyr** in osnovno različico R. `filter` izbere podmnožico vrstic:

```
library(dplyr)
```

```
##
## Attaching package: 'dplyr'
```

```
## The following objects are masked from 'package:stats':
##
##     filter, lag
```

```
## The following objects are masked from 'package:base':
##
##     intersect, setdiff, setequal, union
```

```
head(filter(mtcars, hp > 90)) # dplyr
```

```
##                   mpg cyl disp  hp drat    wt  qsec vs am gear carb
## Mazda RX4         21.0   6  160 110 3.90 2.620 16.46  0  1    4    4
## Mazda RX4 Wag     21.0   6  160 110 3.90 2.875 17.02  0  1    4    4
## Datsun 710        22.8   4  108  93 3.85 2.320 18.61  1  1    4    1
## Hornet 4 Drive    21.4   6  258 110 3.08 3.215 19.44  1  0    3    1
## Hornet Sportabout 18.7   8  360 175 3.15 3.440 17.02  0  0    3    2
## Valiant           18.1   6  225 105 2.76 3.460 20.22  1  0    3    1
```

```
head(mtcars[mtcars$hp > 90, ]) # base R
```

```
##                   mpg cyl disp  hp drat    wt  qsec vs am gear carb
## Mazda RX4         21.0   6  160 110 3.90 2.620 16.46  0  1    4    4
## Mazda RX4 Wag     21.0   6  160 110 3.90 2.875 17.02  0  1    4    4
## Datsun 710        22.8   4  108  93 3.85 2.320 18.61  1  1    4    1
## Hornet 4 Drive    21.4   6  258 110 3.08 3.215 19.44  1  0    3    1
## Hornet Sportabout 18.7   8  360 175 3.15 3.440 17.02  0  0    3    2
## Valiant           18.1   6  225 105 2.76 3.460 20.22  1  0    3    1
```

`select` izbere podmnožico stolpcev:

```
head(select(mtcars, mpg, cyl, hp)) # dplyr
```

```
##                   mpg cyl  hp
## Mazda RX4         21.0   6 110
## Mazda RX4 Wag     21.0   6 110
## Datsun 710        22.8   4  93
## Hornet 4 Drive    21.4   6 110
## Hornet Sportabout 18.7   8 175
## Valiant           18.1   6 105
```

```
head(mtcars[ , c("mpg", "cyl", "hp")]) # base R
```

```
##                   mpg cyl  hp
## Mazda RX4         21.0   6 110
## Mazda RX4 Wag     21.0   6 110
## Datsun 710        22.8   4  93
## Hornet 4 Drive    21.4   6 110
## Hornet Sportabout 18.7   8 175
## Valiant           18.1   6 105
```

`mutate` doda stolpec:

```
head(mutate(mtcars, nov_stolpec = mpg + cyl * hp)) # dplyr
```

```
##    mpg cyl disp  hp drat    wt  qsec vs am gear carb nov_stolpec
## 1 21.0   6  160 110 3.90 2.620 16.46  0  1    4    4       681.0
## 2 21.0   6  160 110 3.90 2.875 17.02  0  1    4    4       681.0
## 3 22.8   4  108  93 3.85 2.320 18.61  1  1    4    1       394.8
## 4 21.4   6  258 110 3.08 3.215 19.44  1  0    3    1       681.4
## 5 18.7   8  360 175 3.15 3.440 17.02  0  0    3    2      1418.7
## 6 18.1   6  225 105 2.76 3.460 20.22  1  0    3    1       648.1
```

```
tmp <- mtcars # base R
tmp$nov_stolpec <- tmp$mpg + tmp$cyl * tmp$hp
head(tmp)
```

```
##                   mpg cyl disp  hp drat    wt  qsec vs am gear carb
## Mazda RX4         21.0   6  160 110 3.90 2.620 16.46  0  1    4    4
## Mazda RX4 Wag     21.0   6  160 110 3.90 2.875 17.02  0  1    4    4
## Datsun 710        22.8   4  108  93 3.85 2.320 18.61  1  1    4    1
## Hornet 4 Drive    21.4   6  258 110 3.08 3.215 19.44  1  0    3    1
## Hornet Sportabout 18.7   8  360 175 3.15 3.440 17.02  0  0    3    2
## Valiant           18.1   6  225 105 2.76 3.460 20.22  1  0    3    1
##                   nov_stolpec
## Mazda RX4               681.0
## Mazda RX4 Wag           681.0
## Datsun 710              394.8
## Hornet 4 Drive          681.4
## Hornet Sportabout      1418.7
## Valiant                 648.1
```

`summarize` deluje podobno kot `aggregate` torej povzame numerične vrednosti, glede na neke kategorije. Pri tem moramo paziti, da ga uporabimo v kombinaciji z `group_by`, kjer podamo kateri stolpci predstavljajo kategorije.

```
summarize(group_by(mtcars, cyl), mean_hp = mean(hp))
```

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

```
## # A tibble: 3 x 2
##     cyl mean_hp
##   <dbl>   <dbl>
## 1     4    82.6
## 2     6   122.
## 3     8   209.
```

```
aggregate(mtcars$hp, by = list(mtcars$cyl), FUN = mean)
```

```
##   Group.1         x
## 1       4  82.63636
## 2       6 122.28571
## 3       8 209.21429
```

Pripenjanje `data.frame` z različnimi stolpci

Včasih želimo združiti več `data.frame`, ki pa imajo enake samo nekatere stolpce. V tem primeru lahko uporabimo funkcijo `bind_rows` iz paketa dplyr.

```
library(dplyr)
height1 <- c(171, 185, 165)
weight1 <- c(70, 78, 64)
name1   <- c("Alen", "Bojan", "Cvetka")
height2 <- c(190, 152)
name2   <- c("Dejan", "Eva")
df1     <- data.frame(height = height1, weight = weight1, name = name1)
df2     <- data.frame(name = name2, height = height2)
df      <- bind_rows(df1, df2)
```

Razhroščevanje (debugging) znotraj zanke

Omenili smo že, da lahko opazujemo dogajanje v zanki tako, da si z ukazom `print` sproti izpisujemo vrednosti spremenljivk v telesu zanke. Obstaja pa še en ukaz, ki nam omogoča zaustaviti delovanje zanke in pogledati vrednosti v zanki v določeni ponovitvi. To je ukaz `browser`, ki ga pokličemo znotraj zanke. Na primer:

```
for (i in 1:10) {
  x <- 2 * i
  y <- x + 5
  if (y > 10) {
    browser()
  }
}
```

Ko tako zaustavimo zanko, se znajdemo v okolju browserja, in lahko dostopamo do spremenljivk, ki so znotraj zanke. V kolikor browserju v konzoli podamo vrednost `n` se browser pomakne na naslednjo ponovitev zanke. Z ukazom `c` mu povemo naj izvede celotno zanko do konca. Iz browserja lahko prekinemo izvajanje zanke in se vrnemo v osnovno konzolo s tipko **escape**.

ggplot2

V tem poglavju bomo predelali več vprašanj v povezavi z ggplot2.

Več `data.frame` kot vhodni podatek

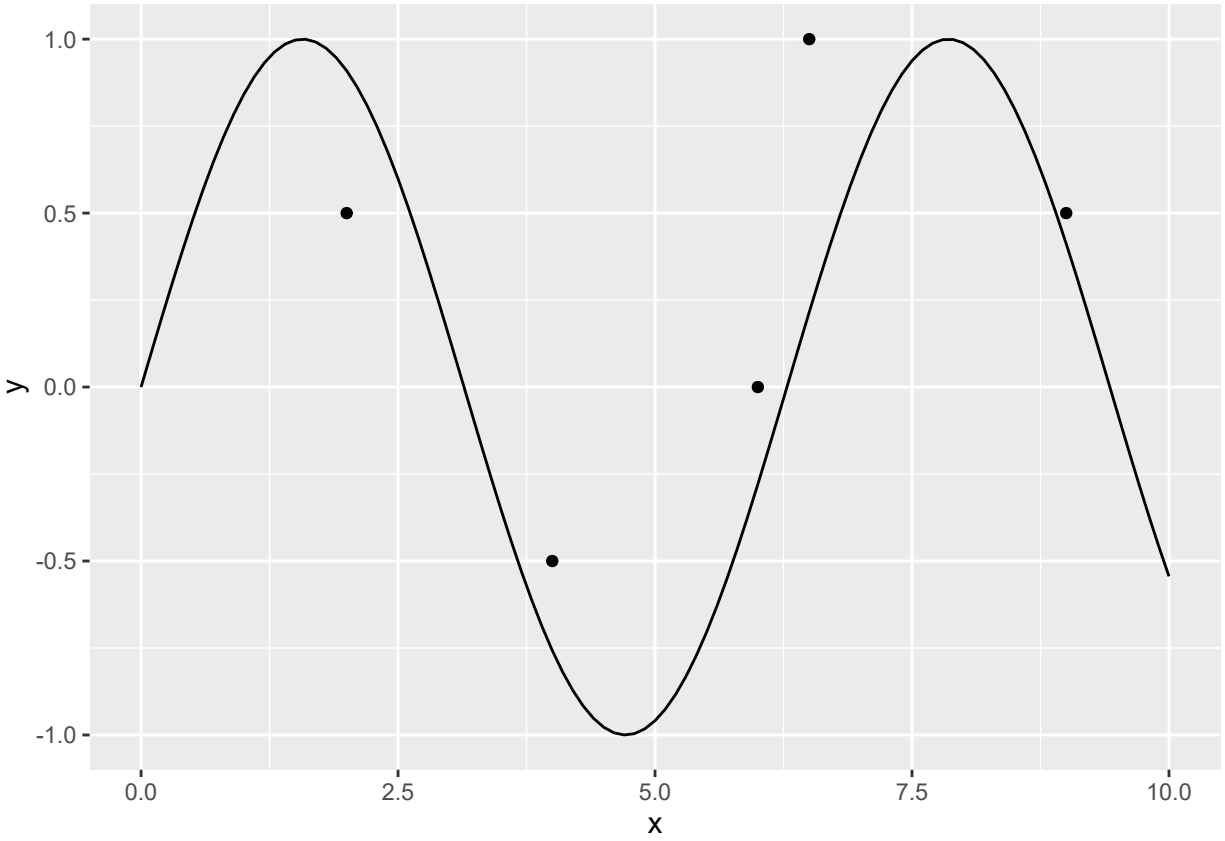
Včasih pridemo do situacije, kjer bi radi uporabili več različnih `data.frame` na enem grafu. Recimo, da imamo podatke o nekem pojavu v času, ki bi ga radi prikazali kot krivuljo, in podatke o nekih vzorcih iz tega pojava, ki bi jih radi predstavili kot točke. Generirajmo podatke, kjer bo pojav sinus vrednosti na osi x.

```
pojav_x  <- seq(0, 10, by = 0.1)
pojav_y  <- sin(pojav_x)
vzorci_x <- c(2, 4, 6, 6.5, 9)
vzorci_y <- c(0.5, -0.5, 0, 1, 0.5)
```

```
df1 <- data.frame(x = pojav_x, y = pojav_y)
df2 <- data.frame(x = vzorci_x, y = vzorci_y)
```

Sedaj imamo 2 `data.frame` enega za pojav in enega za vzorce. Namesto, da podamo podatke in estetike v funkcijo `ggplot`, jih v tem primeru podamo naravnost v **geome**. Torej bomo podali *df1* v geom `geom_line` in *df2* v geom `geom_point`.

```
ggplot() +
  geom_line(data = df1, mapping = aes(x = x, y = y)) +
  geom_point(data = df2, mapping = aes(x = x, y = y))
```



Pri tem moramo biti pozorni, da podamo argumente z imeni, ali pa v pravilnem vrstnem redu. Vrstni red je obraten kot pri argumentih, ki jih prejme `ggplot`, torej najprej estetike in potem podatki. Če uporabimo imena argumentov, potem to ne predstavlja težave.

Frekvenčno vzorčenje na isti časovni osi

Včasih imamo na voljo podatke, pri katerih vzorčimo vrednosti v določenih intervalih. Na primer 4Hz vzorčenje naredi 4 vzorce v eni sekundi. Podatki v tem primeru bi bili

1) Časovni zapis začetka vzorčenja.
2) Frekvenca vzorčenja (kolikokrat v sekundi vzorčimo).
3) Vektor vzorcev.

Lahko se zgodi, da različne vrednosti vzorčimo na različnih frekvencah. Če jih vse želimo pokazati na istem grafu z isto časovno osjo, moramo najprej ustvariti `data.frame` v katerem so vzorci in njihovi časovni zamiki od začetka vzorčenja. Na primer pri 4Hz vzorčenju bi ti bili 0.25, 0.5, 0.75, 1, 1.25 sekunde in tako naprej.

Poglejmo si to na konkretnem primeru, kjer imamo 2 vrednosti, recimo A in B. Obe smo začeli vzorčiti ob istem času, pri vrednosti A smo uporabili 64Hz vzorčenje, pri vrednosti B pa 4Hz vzorčenje. Podatki so v obliki csv (A.csv in B.csv). Prva vrstica predstavlja zakodiran čas začetka vzorčenja, druga vrstica frekvenco vzorčenja. Preostale vrstice predstavljajo vzorce. V takem primeru, bomo potrebovali 3 spremenljivke: čas začetka, frekvenco in vektor vzorcev.

Najprej preberemo samo prvo vrstico in shranimo v spremenljivko, ki predstavlja začetek vzorčenja. Da preberemo samo 1 vrstico csv datoteke uporabimo arguent `nrows = 1`.

```
timestamp_A <- read.table(file = './data_raw/A.csv', header = F, nrows = 1)
```

Izpustimo prvo vrstico (argument `skip = 1`), preberemo 1 vrstico in shranimo v spremenljivko, ki predstavlja frekvenco.

```
frequency_A <- read.table(file = './data_raw/A.csv', header = F, nrows = 1, skip = 1)
```

Preberemo preostale podatke (vzorce) od 3. vrstice naprej (`skip = 2`).

```
y_A         <- read.table(file = './data_raw/A.csv', header = F, skip = 2)
```

Pretvorimo frekvenco v časovni interval med vzorcema (`step_size_A`) in ustvarimo vektor časovnih zamikov vzorčenj od začetka vzorčenja (`t_A`). 1 sekundo torej delimo s frekvenco (dobimo razdaljo med vzorcema v deležih sekunde), nato pa naredimo časovno sekvenco od prvega vzorca do zadnjega vzorca, pri čemer je razlika med zaporednima številoma enaka časovnemu intervalu med vzorcema. Tukaj predpostavimo, da je prvi vzorec oddaljen od začetka za 1 frekvenco. V kolikor prvi vzorec dobimo na času 0, bi morali to ustrezno upoštevati pri kreairanju spremenljivke `t_A`:

```
step_size_A <- as.numeric(1 / frequency_A)
n_y_A       <- nrow(y_A)
t_A         <- seq(step_size_A, n_y_A * step_size_A, by = step_size_A)
```

S tem sedaj ustvarimo `data.frame`:

```
df1 <- data.frame(x = t_A, y = y_A, type = "A")
colnames(df1)   <- c("seconds", "measurement", "type")
# Standardiziramo, da so vrednosti A in B na isti skali.
df1$measurement <- scale(df1$measurement)
```

Enako ponovimo še za vrednost B:

```
timestamp_B <- read.table(file = './data_raw/B.csv', header = F, nrows = 1)
frequency_B <- read.table(file = './data_raw/B.csv', header = F, nrows = 1, skip = 1)
y_B         <- read.table(file = './data_raw/B.csv', header = F, skip = 2)
step_size_B <- as.numeric(1 / frequency_B)
n_y_B       <- nrow(y_B)
t_B         <- seq(step_size_B, n_y_B * step_size_B, by = step_size_B)
df2 <- data.frame(x = t_B, y = y_B, type = "B")
colnames(df2)   <- c("seconds", "measurement", "type")
# Standardiziramo, da so vrednosti A in B na isti skali.
df2$measurement <- scale(df2$measurement)
```

Združimo `data.frame` in izrišemo vrednosti:

```
df <- rbind(df1, df2)
ggplot(df, aes(x = seconds, y = measurement, color = type)) + geom_line()
```