Predavanja 8 – Analiza podatkov od začetka do konca

Ogledali si bomo primer celotnega procesa obdelave podatkov in osnovno modeliranje podatkov z linearnim modelom. Predavanje bo zajemalo zajem podatkov, predobdelavo in na koncu modeliranje. Uporabili bomo podatke o oposumih, kjer bomo želeli izvedeti, če lahko s pomočjo informacije o dolžinah oposumovih glav sklepamo o dolžini njihovih teles. Preverili bomo tudi, kako uspešno model napoveduje dolžine teles oposumov iz ne videnih podatkov.

Branje podatkov in osnovna obdelava

Podatke moramo najprej pridobiti. V našem primeru smo podatke našli na spletni strani kaggle. Podatke bi lahko tudi samo pridobili s svojimi meritvami ali raziskavo. Obravnavani podatki so v **.csv** formatu.

Najprej jih naložimo z že znanimi ukazi:

```
pod <- read.table('./data_raw/possum.csv',
                  header= T,
                  sep = ",",
                  dec = ".",
                  quote = "\"")
```

Najprej poglejmo kako izgledajo podatki. Za to uporabimo funkcijo `head()`, ki izpiše začetnih **n** vrstic:

```
head(pod, 5)
```

```
##   case site Pop sex age hdlngth skullw totlngth taill footlgth earconch  eye
## 1    1    1 Vic   m   8    94.1   60.4     89.0  36.0     74.5     54.5 15.2
## 2    2    1 Vic   f   6    92.5   57.6     91.5  36.5     72.5     51.2 16.0
## 3    3    1 Vic   f   6    94.0   60.0     95.5  39.0     75.4     51.9 15.5
## 4    4    1 Vic   f   6    93.2   57.1     92.0  38.0     76.1     52.2 15.2
## 5    5    1 Vic   f   2    91.5   56.3     85.5  36.0     71.0     53.2 15.1
##   chest belly
## 1  28.0    36
## 2  28.5    33
## 3  30.0    34
## 4  28.0    34
## 5  28.5    33
```

Ko vemo, kako so podatki strukturirani, lahko uporabimo funkcijo `summary()`, da pridobimo nekaj osnovnih značilnosti podatkov:

```
summary(pod)
```

```
##       case             site           Pop                sex
##  Min.   :  1.00   Min.   :1.000   Length:104         Length:104
##  1st Qu.: 26.75   1st Qu.:1.000   Class :character   Class :character
##  Median : 52.50   Median :3.000   Mode  :character   Mode  :character
##  Mean   : 52.50   Mean   :3.625
##  3rd Qu.: 78.25   3rd Qu.:6.000
##  Max.   :104.00   Max.   :7.000
##
```

```
##       age           hdlngth           skullw         totlngth
##  Min.   :1.000   Min.   : 82.50   Min.   :50.00   Min.   :75.00
##  1st Qu.:2.250   1st Qu.: 90.67   1st Qu.:54.98   1st Qu.:84.00
##  Median :3.000   Median : 92.80   Median :56.35   Median :88.00
##  Mean   :3.833   Mean   : 92.60   Mean   :56.88   Mean   :87.08
##  3rd Qu.:5.000   3rd Qu.: 94.72   3rd Qu.:58.10   3rd Qu.:90.00
##  Max.   :9.000   Max.   :103.10   Max.   :68.60   Max.   :96.50
##  NA's   :2                                        NA's   :7
##      taill          footlgth        earconch          eye            chest
##  Min.   :32.00   Min.   :60.30   Min.   :40.30   Min.   :12.80   Min.   :22.0
##  1st Qu.:35.88   1st Qu.:64.60   1st Qu.:44.80   1st Qu.:14.40   1st Qu.:25.5
##  Median :37.00   Median :68.00   Median :46.80   Median :14.90   Median :27.0
##  Mean   :37.01   Mean   :68.46   Mean   :48.13   Mean   :15.05   Mean   :27.0
##  3rd Qu.:38.00   3rd Qu.:72.50   3rd Qu.:52.00   3rd Qu.:15.72   3rd Qu.:28.0
##  Max.   :43.00   Max.   :77.90   Max.   :56.20   Max.   :17.80   Max.   :32.0
##                  NA's   :1
##      belly
##  Min.   :25.00
##  1st Qu.:31.00
##  Median :32.50
##  Mean   :32.59
##  3rd Qu.:34.12
##  Max.   :40.00
##
```

Ugotovimo, da imamo v podatkih nekaj manjkajočih vrednosti. Večina stolpcev je numeričnih, razen stolpcev **Pop** in **sex**, ki sta tipa **character**. Sumimo tudi, da spremenljivki **case** in **site** predstavljata kategorijo in jih ne potrebujemo obravnavati kot številske vrednosti. Poglejmo si, kako izgledajo vrednosti v stolpcih **case** in **site** (izpišemo prvih 50 vrednosti).

```
print(pod$site[1:50])
```

```
##  [1] 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2
## [39] 2 2 2 2 2 2 2 2 3 3 3 3
```

```
print(pod$case[1:50])
```

```
##  [1]  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25
## [26] 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45 46 47 48 49 50
```

Spremenljivki vsebujeta le cela števila. V spremenljivki **site** se iste številke večkrat ponavljajo, medtem ko je **case** zaporedje števil. Sklepamo, da **site** ponazarja kraj ujetja oposuma in **case** zaporedno številko ujete živali.

Poglejmo še podrobneje, katere vrednosti zavzemata. Pri tem si pomagamo s funkcijo `unique()`, ki nam izpiše edinstvene vrednosti v vektorju:

```
unique(pod$case)
```

```
##   [1]   1   2   3   4   5   6   7   8   9  10  11  12  13  14  15  16  17  18
##  [19]  19  20  21  22  23  24  25  26  27  28  29  30  31  32  33  34  35  36
##  [37]  37  38  39  40  41  42  43  44  45  46  47  48  49  50  51  52  53  54
##  [55]  55  56  57  58  59  60  61  62  63  64  65  66  67  68  69  70  71  72
##  [73]  73  74  75  76  77  78  79  80  81  82  83  84  85  86  87  88  89  90
##  [91]  91  92  93  94  95  96  97  98  99 100 101 102 103 104
```

```
unique(pod$site)
```

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

Odločimo se, da spremenljivki za našo analizo nista pomembni in ju v nadaljevanju odstranimo. To storimo tako, da naše podatke "prepišemo" s podatki, ki ne vsebujejo stolpcev **case** in **site**.

```
pod <- pod[ ,setdiff(names(pod), c("case","site"))]
```

Poglejmo si še stolpca **Pop** in **sex**, ki vsebujeta nize:

```
pod$Pop
```

```
##   [1] "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"
##  [10] "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"
##  [19] "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"
##  [28] "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"
##  [37] "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"   "Vic"
##  [46] "Vic"   "other" "other" "other" "other" "other" "other" "other" "other"
##  [55] "other" "other" "other" "other" "other" "other" "other" "other" "other"
##  [64] "other" "other" "other" "other" "other" "other" "other" "other" "other"
##  [73] "other" "other" "other" "other" "other" "other" "other" "other" "other"
##  [82] "other" "other" "other" "other" "other" "other" "other" "other" "other"
##  [91] "other" "other" "other" "other" "other" "other" "other" "other" "other"
## [100] "other" "other" "other" "other" "other"
```

```
pod$sex
```

```
##   [1] "m" "f" "f" "f" "f" "f" "m" "f" "f" "f" "f" "f" "m" "m" "m" "m" "f" "m"
##  [19] "f" "f" "f" "m" "f" "m" "m" "m" "f" "m" "f" "f" "m" "f" "m" "m" "m" "m"
##  [37] "f" "m" "f" "f" "f" "m" "f" "m" "m" "m" "m" "m" "m" "f" "f" "m" "f" "m"
##  [55] "m" "m" "f" "m" "m" "f" "m" "f" "f" "f" "f" "f" "m" "m" "m" "f" "m" "m"
##  [73] "m" "f" "m" "m" "m" "m" "m" "m" "m" "f" "f" "m" "m" "f" "m" "f" "m" "m"
##  [91] "m" "m" "m" "m" "m" "m" "m" "m" "f" "m" "m" "f" "m" "f"
```

Stolpec **Pop** ima enako informacijo kot **site**, kjer vrednost *Vic* predstavlja *Victoria* oziroma sta to vrednosti 1 in 2 za stolpec **site**, other pa predstavlja lokaciji *New South Wales* ali *Queensland* oziroma vrednosti od 3 do 7 za stolpec **site**. Ker se informacija le podvaja ta stolpec odstranimo:

```
pod <- pod[ , -which(colnames(pod)=="Pop")]
```

Še enkrat si poglejmo osnovne statistike preostalih izbranih podatkov.

```
summary(pod)
```

```
##      sex                 age           hdlngth           skullw
##  Length:104         Min.   :1.000   Min.   : 82.50   Min.   :50.00
##  Class :character   1st Qu.:2.250   1st Qu.: 90.67   1st Qu.:54.98
##  Mode  :character   Median :3.000   Median : 92.80   Median :56.35
##                     Mean   :3.833   Mean   : 92.60   Mean   :56.88
##                     3rd Qu.:5.000   3rd Qu.: 94.72   3rd Qu.:58.10
##                     Max.   :9.000   Max.   :103.10   Max.   :68.60
##                     NA's   :2
##     totlngth         taill          footlgth        earconch
##  Min.   :75.00   Min.   :32.00   Min.   :60.30   Min.   :40.30
##  1st Qu.:84.00   1st Qu.:35.88   1st Qu.:64.60   1st Qu.:44.80
##  Median :88.00   Median :37.00   Median :68.00   Median :46.80
##  Mean   :87.08   Mean   :37.01   Mean   :68.46   Mean   :48.13
##  3rd Qu.:90.00   3rd Qu.:38.00   3rd Qu.:72.50   3rd Qu.:52.00
##  Max.   :96.50   Max.   :43.00   Max.   :77.90   Max.   :56.20
##  NA's   :7                       NA's   :1
```

```
##       eye             chest           belly
##  Min.   :12.80   Min.   :22.0   Min.   :25.00
##  1st Qu.:14.40   1st Qu.:25.5   1st Qu.:31.00
##  Median :14.90   Median :27.0   Median :32.50
##  Mean   :15.05   Mean   :27.0   Mean   :32.59
##  3rd Qu.:15.72   3rd Qu.:28.0   3rd Qu.:34.12
##  Max.   :17.80   Max.   :32.0   Max.   :40.00
##
```

Stolpec **sex** lahko zavzema dve vrednosti **m** in **f**, to sta edini možni vrednosti v teh podatkih. S pomočjo tipa **faktor** lahko zagotovimo, da ta stolpec vsebuje le vrednosti **m** in **f**.

```
pod$sex <- factor(pod$sex, levels = c("m", "f"))
```

Cilj današnje naloge je modelirati celotno dolžino oposuma (**totlngth**) v odvisnosti od velikosti njegove glave (**hdlngth**). Nekaj vrednosti celotne dolžine manjka, zato vrstice, kjer manjka vrednost za **totlngth** odstranimo. Menimo, da manjkajočih vrednosti v tem primeru ni primerno nadomeščati z povprečjem ali podobnimi tehnikami.

Odstranjevanje vrstic naredimo tako, da izberemo le vrstice, kjer vrednost za **totlngth** ni manjkajoča.

```
pod <- pod[!(is.na(pod$totlngth)), ]
```

Poiščimo še ostale stolpce z manjkajočimi vrednostmi. To lahko naredimo tako, da našo tabelo pretvorimo v logično tabelo z, ki označuje manjkajoče vrednosti.

```
pod_na <- is.na(pod)
```

V logični tabeli poiščemo število manjkajočih vrednosti za vsak stolpec.

```
num_na <- apply(pod_na, 2, sum)
```

Poiščemo indekse stolpcev, ki imajo manjkajoče vrednosti.

```
na_ind <- which(num_na >0)
print(na_ind)
```

```
##      age footlgth
##        2        7
```

Te manjkajoče podatke bomo "imputirali", to pomeni, da jih bomo nadomestili z neko drugo vrednostjo. Numerične podatke ponavadi nadomeščamo s povprečno vrednostjo podatkov v stolpcu, medtem ko kategorične vrednosti nadomeščamo z najpogostejšo vrednostjo v izbranem stolpcu.

Ker so manjkajoče vrednosti v več stolpcih, jih bomo nadomestili kar z zanko. Vsak obhod zanke bo nadomestil vrednosti v enem stolpcu. (Premislite, če bi lahko to storili s funkcijo `apply`.)

Najprej bomo napisali funkcijo, ki bo v podanem stolpcu nadomestila manjkajoče vrednosti s povprečno vrednostjo stolpca. Funkcija bo sprejela `data.frame` in indeks stolpca. Manjkajoče vrednosti v izbranem stolpcu bo nadomestila s povprečno vrednostjo tistega stolpca. Funkcija izgledala tako:

```
nadomesti_manjkajoce <- function(pod, i){
  pod[is.na(pod[ , i]), i] <- mean(pod[ , i], na.rm = T)
  return(pod)
}
```

Manjkajoče vrednosti v različnih stolpcih nadomestimo v telesu `for` zanke. Vsak obhod zanke predstavlja posodbitev manjkajočih vrednosti enega stolpca.

```
for (i in na_ind){
  pod <- nadomesti_manjkajoce(pod, i)
```

```
}
```

Na koncu še enkrat preverimo podatke po vseh opravljenih korakih predobdelave:

```
summary(pod)
```

```
##  sex         age           hdlngth           skullw         totlngth
##  m:56   Min.   :1.000   Min.   : 84.70   Min.   :50.00   Min.   :75.00
##  f:41   1st Qu.:3.000   1st Qu.: 90.70   1st Qu.:55.00   1st Qu.:84.00
##         Median :3.000   Median : 92.80   Median :56.40   Median :88.00
##         Mean   :3.853   Mean   : 92.66   Mean   :56.93   Mean   :87.08
##         3rd Qu.:5.000   3rd Qu.: 94.50   3rd Qu.:58.10   3rd Qu.:90.00
##         Max.   :9.000   Max.   :103.10   Max.   :68.60   Max.   :96.50
##      taill          footlgth        earconch          eye
##  Min.   :32.00   Min.   :60.30   Min.   :40.30   Min.   :12.80
##  1st Qu.:35.50   1st Qu.:64.50   1st Qu.:44.80   1st Qu.:14.40
##  Median :36.50   Median :68.00   Median :46.80   Median :14.90
##  Mean   :36.97   Mean   :68.35   Mean   :48.02   Mean   :15.02
##  3rd Qu.:38.00   3rd Qu.:72.30   3rd Qu.:52.00   3rd Qu.:15.70
##  Max.   :43.00   Max.   :77.90   Max.   :56.20   Max.   :17.80
##      chest           belly
##  Min.   :22.00   Min.   :25.00
##  1st Qu.:25.50   1st Qu.:31.00
##  Median :27.00   Median :32.00
##  Mean   :27.03   Mean   :32.54
##  3rd Qu.:28.00   3rd Qu.:34.00
##  Max.   :32.00   Max.   :40.00
```

Risanje odvisnosti med ciljno spremenljivko in ostalimi spremenljivkami

Sedaj narišimo odvisnosti med ciljno spremenljivko **totlnght** in ostalimi spremenljivkami. To naredimo s pomočjo knjižnice `ggplot2`, tako kot smo se naučili na petem predavanju.

Najprej naložimo knjižnici za risanje podatkov (**ggplot2**) in knjižnico (**tidyr**), ki vsebuje tudi funkcije za pretvarjanje podatkov iz široke v dolgo obliko.

```
library(ggplot2)
```

```
## Warning: package 'ggplot2' was built under R version 4.2.3
```

```
library(tidyr)
```

```
## Warning: package 'tidyr' was built under R version 4.2.3
```

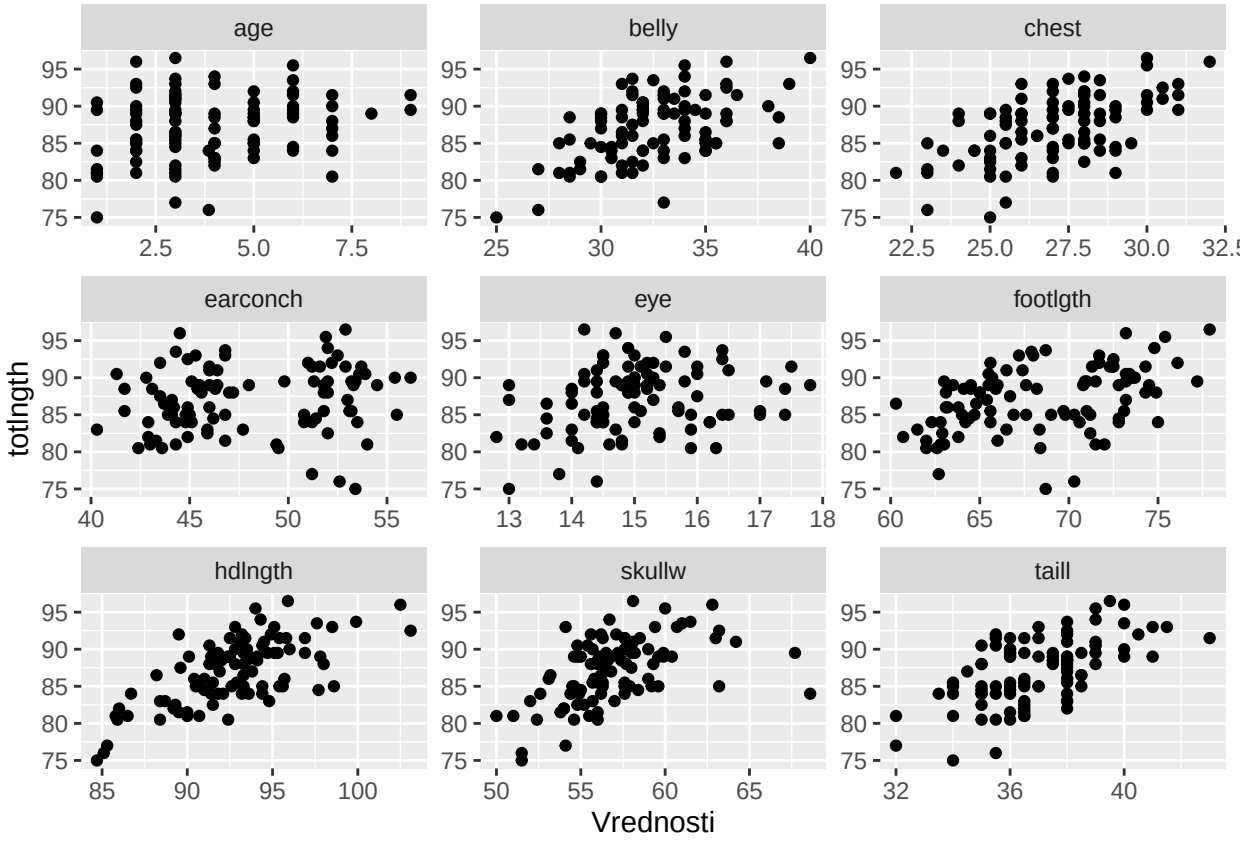
Izberemo le numerične podatke in jih pripravimo za vizualizacijo s paketom **ggplot2**, tako da najprej spremenimo obliko tabele v dolgo obliko s pomočjo paketa **tidy**.

```
pod_n <- pod[ , -which(names(pod) == "sex")]
pod_n <- pivot_longer(pod_n, cols = setdiff(names(pod_n), "totlngth"),
                      names_to = "Spremenljivke", values_to = "Vrednosti")
```

Narišemo odvisnosti s pomočjo razsevnega diagrama. S funkcijo funkcije `facet_wrap()` lahko narišemo vse odvisnosti hkrati. Funkcija `facet_wrap()` ustvari toliko grafov, kolikor je odvisnosti.

```
ggplot(pod_n, aes(Vrednosti, totlngth)) +
  geom_point() +
```

```
  facet_wrap(~Spremenljivke, scales = "free")
```



Opazimo, da **totlnght** izkazuje dokaj linearno relacijo z drugimi spremenljivkami, ki opisujejo velikost (npr. dolžina repa: taill, obseg trebuha: belly, obseg prsi: chest in tudi dolžina glave: hdlngth).

Linearni model

Naš končni cilj je preveriti, če se da oceniti dolžino telesa oposuma iz dolžine njegove glave. Za to bomo uporabili linearni model. Rezultat linearnega modela (linearna regresija) je enačba premice:

```
model <- lm(totlngth ~ hdlngth, data = pod)
```

Več podatkov o modelu dobimo s funkcijo **summary**:

```
summary(model)
```

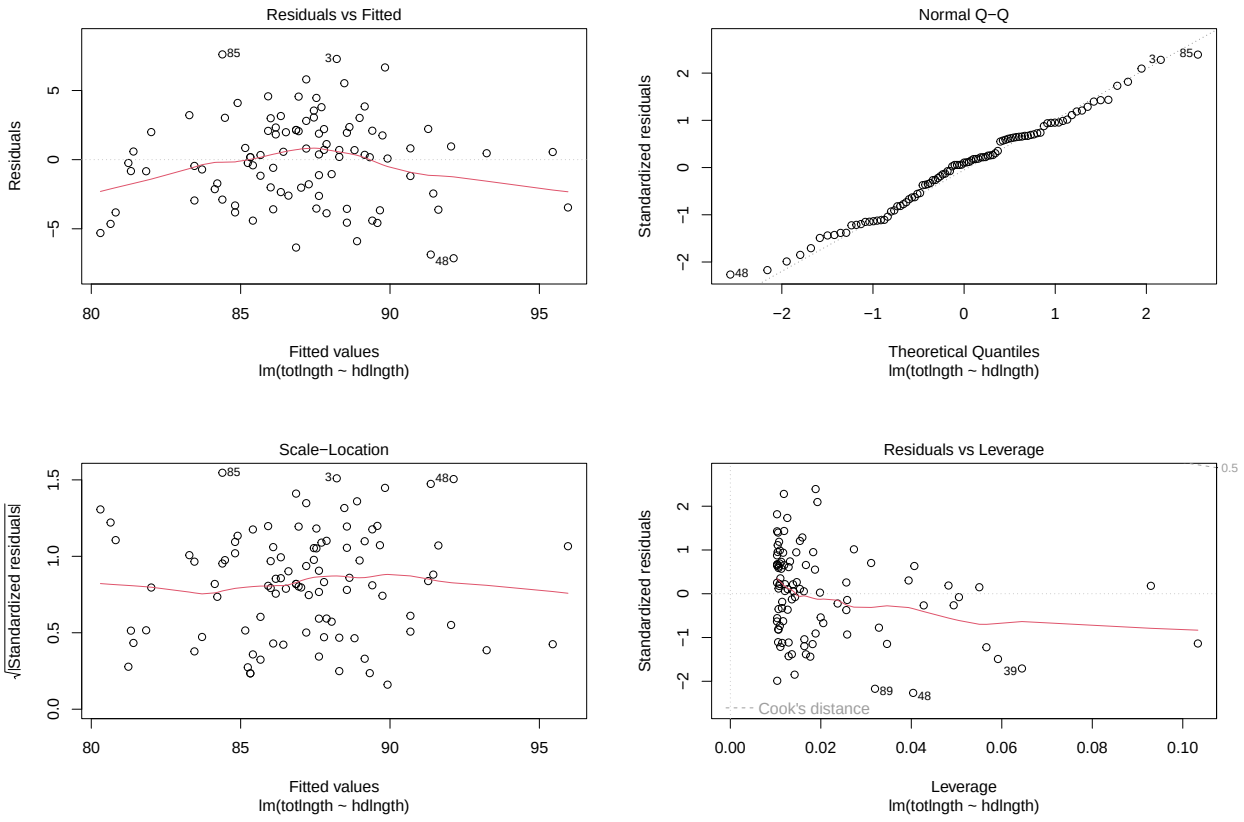
```
##
## Call:
## lm(formula = totlngth ~ hdlngth, data = pod)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -7.1297 -2.4492  0.3351  2.1442  7.6111
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)  8.25758    8.70551   0.949    0.345
```

```
## hdlngth      0.85063    0.09388   9.061 1.68e-14 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 3.213 on 95 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.4636, Adjusted R-squared:  0.4579
## F-statistic: 82.09 on 1 and 95 DF,  p-value: 1.683e-14
```

Funkcija `summary()` nam vrne veliko informacij o dobljenem linearnem modelu. Dolžina glave je označena z `***`, kar nakazuje, da je dolžina glave signifikantno linearno povezana z dolžino celotnega telesa. Vrednost R^2 nam prikazuje, kolikšen del variance v podatkih o dolžini teles razloži naš linearen model.

Različne grafe, ki nam pomagajo diagnosticirati linearno regresijo preprosto dobimo z funkcijo `plot()`:

```
plot(model)
```



Sedaj želimo še pogledati, kako vse ostale spremenljivke skupaj vplivajo na dolžino telesa.

```
model2 <- lm(totlngth ~ ., data = pod)
summary(model2)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = totlngth ~ ., data = pod)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -5.6069 -1.3472  0.2082  1.3499  5.6990
##
```

```
## Coefficients:
##               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) -30.235584   8.413151  -3.594 0.000542 ***
## sexf          1.294747   0.509106   2.543 0.012774 *
## age          -0.082845   0.135356  -0.612 0.542116
## hdlngth       0.504903   0.111654   4.522 1.95e-05 ***
## skullw       -0.007117   0.113281  -0.063 0.950050
## taill         1.143191   0.142866   8.002 5.24e-12 ***
## footlgth      0.158183   0.099327   1.593 0.114929
## earconch      0.178710   0.104360   1.712 0.090421 .
## eye           0.143650   0.252600   0.569 0.571053
## chest         0.187661   0.178487   1.051 0.296021
## belly         0.055761   0.114174   0.488 0.626519
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 2.284 on 86 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.7546, Adjusted R-squared:  0.726
## F-statistic: 26.44 on 10 and 86 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

Ugotovimo, da nam dolžina glave in dolžina repa največ povesta o dolžini celotnega oposuma. Nekaj informacije o dolžini nam pove tudi spol oposuma in kako velika ušesa ima (**earconch**). Tak model razloži veliko več variance v podatkih o dolžini oposuma, saj je R^2 tukaj 0.73.

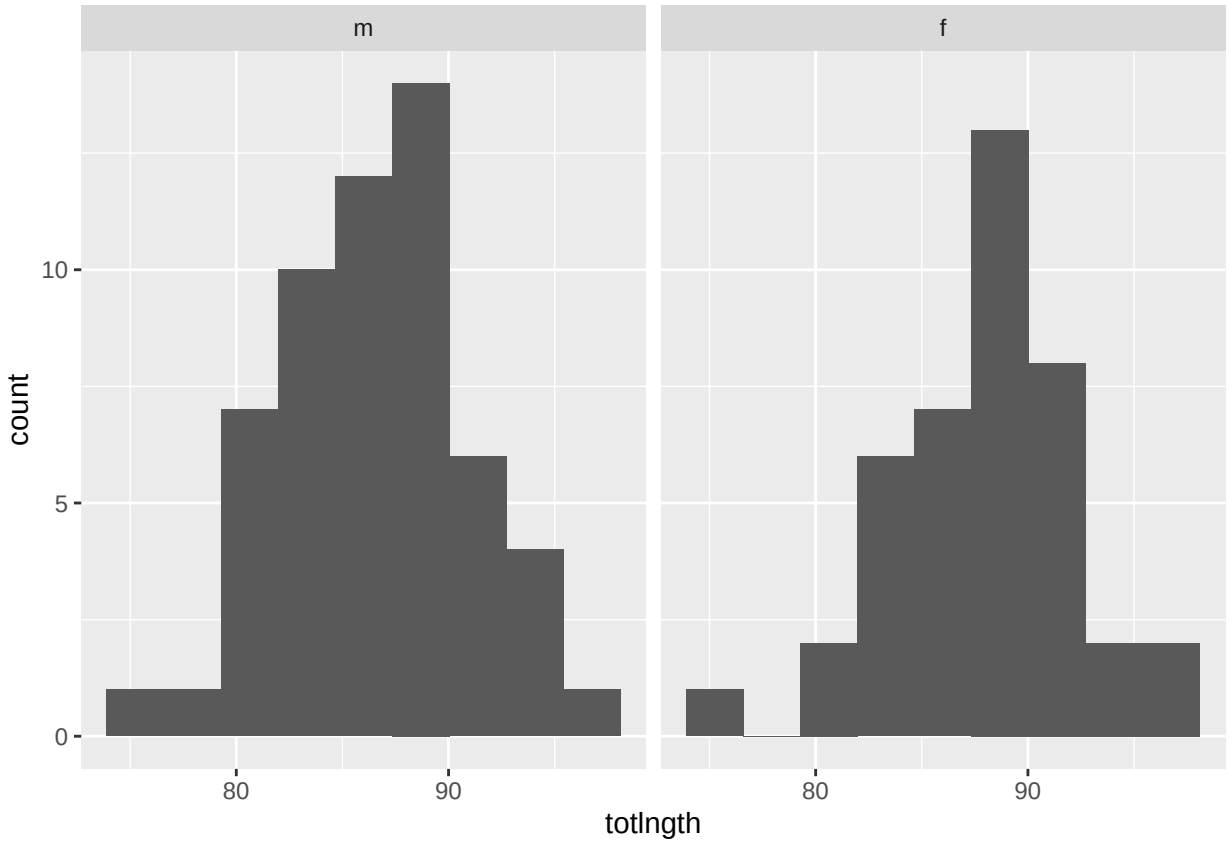
Statistična signifikantnost – p vrednosti

Večkrat želimo preveriti, če je neka razlika v podatkih statistično signifikantna. Za to ponavadi uporabimo t-test, ki predpostavlja normalno porazdelitev. Zato najprej pogledamo kako so podatki celotne velikosti porazdeljeni.

Narišimo histograme dolžin za moške in ženske oposume.

Izberemo podatke o spolu in celotni dolžini in jih pretvorimo v dolgo obliko

```
pod_dolzina <- pod[ , colnames(pod) == 'sex' | colnames(pod) == 'totlngth']
ggplot(pod_dolzina, aes(x=totlngth)) +
  geom_histogram(bins = 9) +
  facet_wrap(~sex)
```



Opazimo, da so podatki normalno porazdeljeni glede na spol. Podatkov imamo sicer malo, ampak na splošno lahko sklepamo, da so podatki o velikosti za posamezen spol normalno porazdeljeni.

Sedaj uporabimo t-test, da preverimo, če so razlike v velikosti oposumov med spoloma statistično signifikantne.

```
dolzine_f <- pod_dolzina[pod_dolzina$sex == "f", ]$totlngth
dolzine_m <- pod_dolzina[pod_dolzina$sex == "m", ]$totlngth
t.test(dolzine_f,
       dolzine_m)
```

```
##
##  Welch Two Sample t-test
##
## data:  dolzine_f and dolzine_m
## t = 1.4161, df = 88.016, p-value = 0.1603
## alternative hypothesis: true difference in means is not equal to 0
## 95 percent confidence interval:
##  -0.5069178  3.0202453
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##  87.80488  86.54821
```

Ugotovimo, da razlike niso statistično signifikantne.