

## Predavanje 08 – Odgovori na vprašanja

### 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 čemer kot neodvisne spremenljivke uporabimo:  
# število cilindrov, konjsko moč in težo.  
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 statistično primerjavo pričakovane širine 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
```

```
# ANOVA uporabimo za statistično primerjavo dolžine listov treh vrst perunike.
# Primerjamo, ali vrsta perunike vpliva na dolžino 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
```

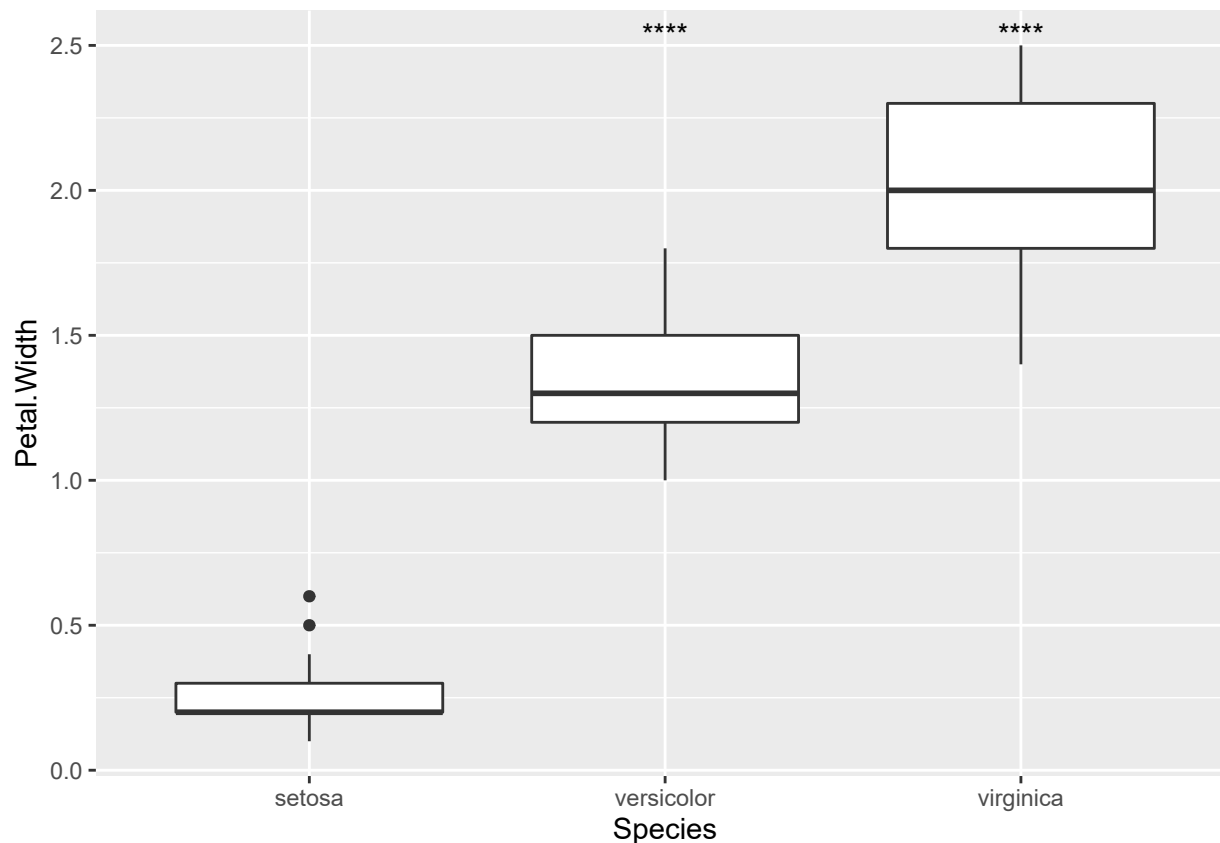
## ggplot2 – statistična signifikantnost

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**. Poleg statističnega testa bomo izrisali tudi boxplot (Diagram s škatlami in brčicami).

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

```
## Warning: package 'ggpubr' was built under R version 3.6.3
```

```
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

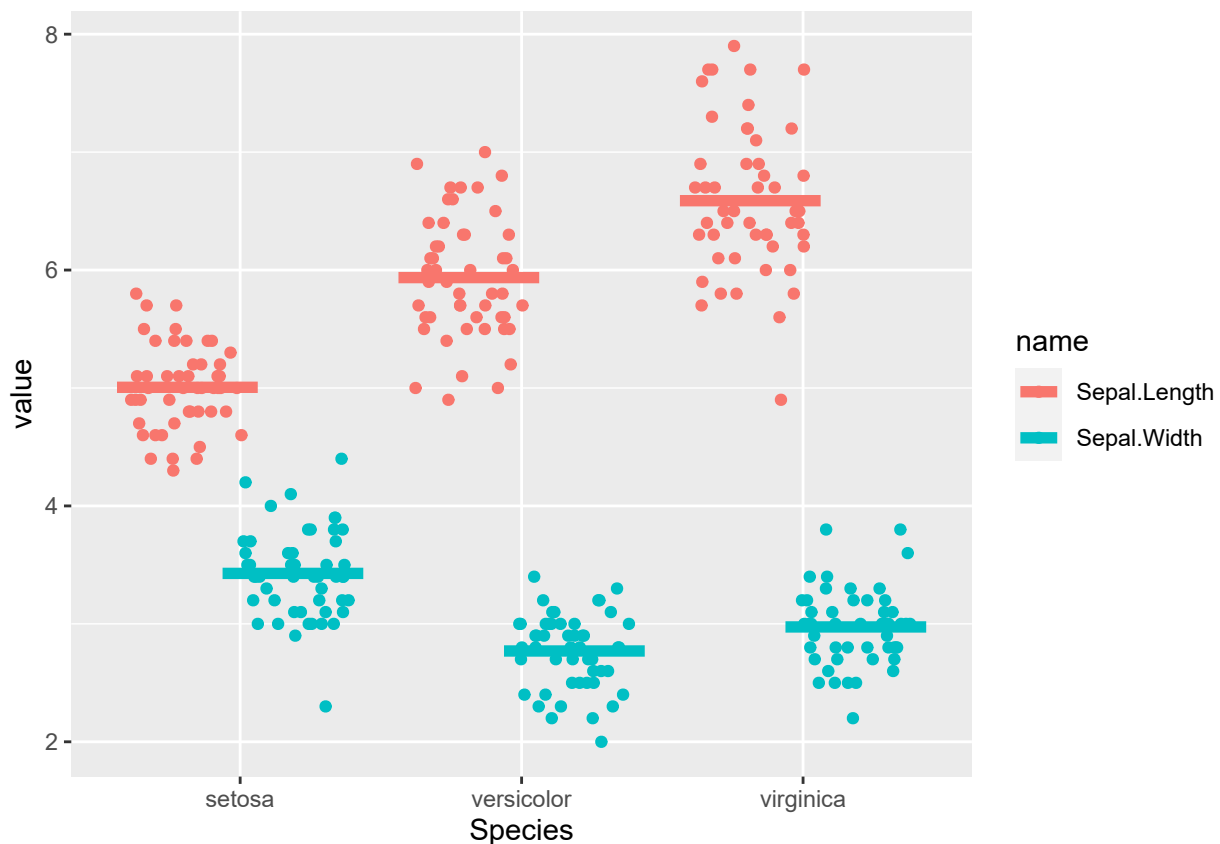
Poglejmo si še en zanimiv graf, kjer bomo prikazali točke in povprečja na istem grafu. Pogledali si bomo porazdelitve dolžin in širin čašnih listov različnih perunik. Najprej si pripravimo `data.frame`.

```
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, kjer imamo več točk. Če ne bi uporabili tega, bi enostavno dobili prikazane vse točke v isti liniji.

```
library(ungeviz)
pl_means <-
  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"
  )
pl_means
```



# 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. Poglejmo si odvisnost milj na galono (mpg) od števila cilindrov.

```
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
```

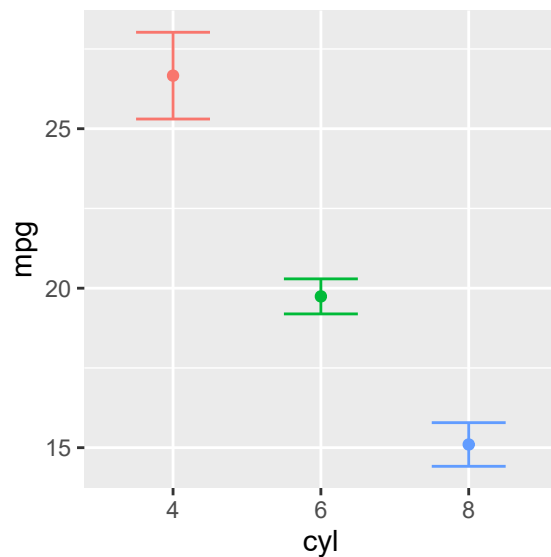
```
## Datsun 710      22.8   4  108  93 3.85 2.320 18.61  1  1   4   1
## Hornet 4 Drive  21.4   6  258 110 3.08 3.215 19.44  1  0   3   1
## Hornet Sportabout 18.7   8  360 175 3.15 3.440 17.02  0  0   3   2
## Valiant        18.1   6  225 105 2.76 3.460 20.22  1  0   3   1
```

```
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)
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")
```



## Tortni diagram

Kako narišemo tortni diagram s pomočjo paketa ggplot2? Poglejmo si kako izrišemo delež covid okužb po starostnih skupinah na dan 23.11.

```
covid <- data.frame(Starosti = c("0-4", "5-14", "15-24", "25-34", "35-44",
                                "45-54", "55-64", "65-76", "75-84", "85+"),
                    Stevilo = c(80, 725, 334, 426, 637, 504, 352, 197, 91, 48))
#Starost mora biti faktor, da ohranimo zaporedje
```

```

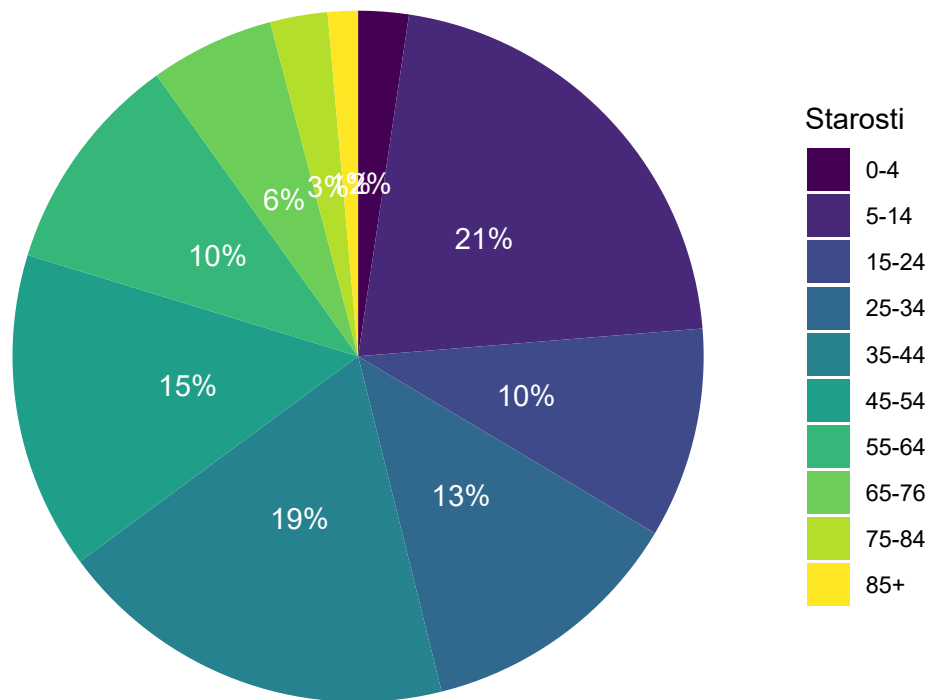
covid$Starosti <- factor(covid$Starosti, levels = covid$Starosti, ordered = T)

#Izračunamo procente
#Za prikaz procentov števila zaokrožimo na cela števila
covid$Procenti <- round(100*covid$Stevilo/sum(covid$Stevilo),0)

#Pripišemo znak za procent
covid$Procenti <- paste(covid$Procenti, '%', sep = '')

ggplot(covid, aes(x="", y = Stevilo, fill=Starosti)) +
  geom_bar(stat="identity", width=1, position = position_stack(reverse = TRUE)) +
  coord_polar("y", start=0) + theme_void() +
  geom_text(aes(label = Procenti),
            position = position_stack(vjust = 0.5, reverse=TRUE),
            color = "white")

```



V R je tortni diagram kar `geom_bar()` z vrednostjo Starost na eni osi in Procenti na drugi osi. Ker si želimo okrogli prikaz, uporabimo polarni koordinatski sistem namesto kartezijskega. Z ukazom `position_stack(reverse = TRUE)` zagotovim, da so skupine urejene v smeri urinega kazalca (privzeto so v nasprotni smeri). Starosti moramo definirati kot faktorje, če ne, nam R uredi deleže po velikosti.

Z uporabo funkcije `theme_void` odstranimo koordinatni sistem. V tem primeru vidimo, da je tortni diagram slab prikaz, ko opazujemo večje število razredov.

Prikažemo samo deleže večje od 5%.

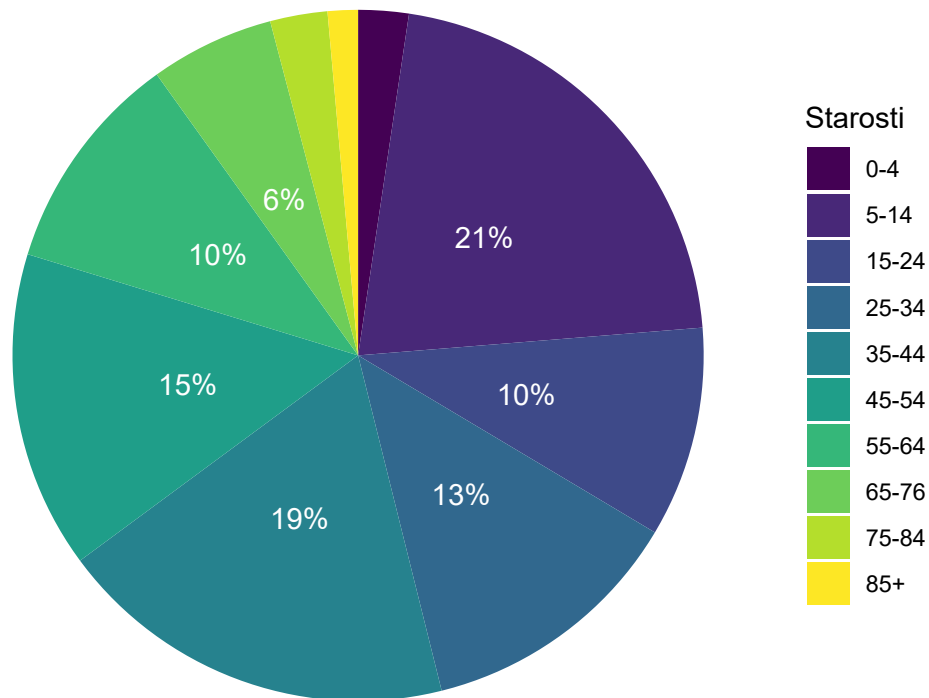
```

covid$Procenti <- round(100*covid$Stevilo/sum(covid$Stevilo),0)
covid$Procenti_label <- covid$Procenti
#Oblikujemo izpis
covid$Procenti_label <- paste(covid$Procenti, '%', sep = '')

#Izberemo podatke, ki ustrezajo več kot 5% deležu, ostale pobrišemo
covid$Procenti_label[covid$Procenti < 5] <- ""

ggplot(covid, aes(x="", y = Stevilo, fill=Starosti)) +
  geom_bar(stat="identity", width=1, position = position_stack(reverse = TRUE)) +
  coord_polar("y", start=0) + theme_void() +
  geom_text(aes(label = Procenti_label,
                position = position_stack(vjust = 0.5, reverse=TRUE),
                color = "white"))

```



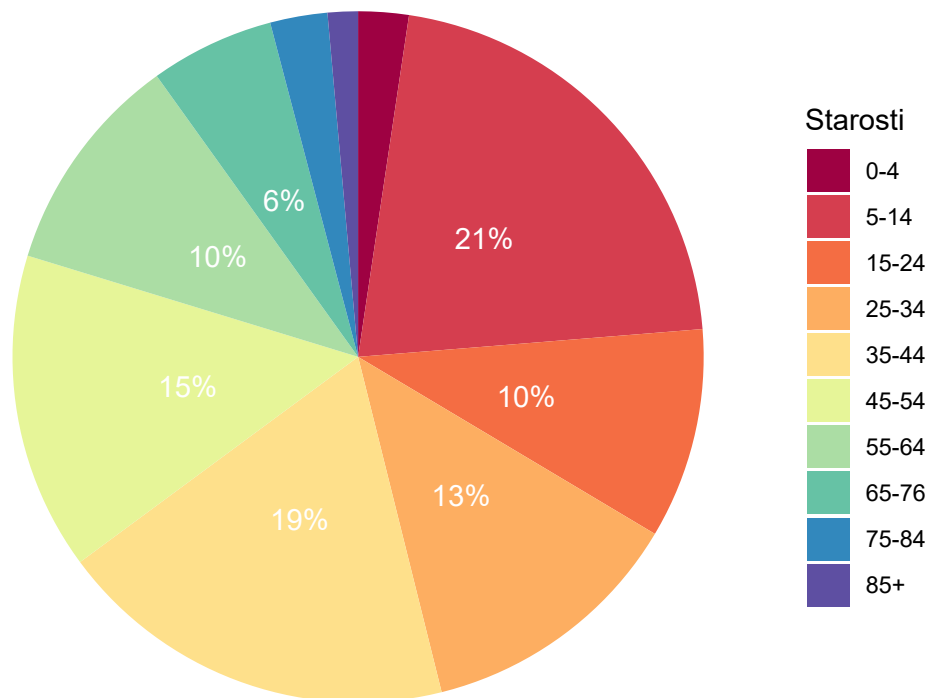
## Spreminjanje barv in oblikovanje grafov

Paket ggplot privzeto uporabi barvno paletto, ki se mu zdi najbolj primerna. Če želimo barve na grafu spremeniti lahko uporabimo eno od že privzetih palet, ki so na voljo že v osnovnih paketih ali pa dodamo barvne sheme iz paketa *RColorBrewer*.

```
library(RColorBrewer)
covid$Procenti <- round(100*covid$Stevilo/sum(covid$Stevilo),0)
covid$Procenti_label <- covid$Procenti
#Oblikujemo izpis
covid$Procenti_label <- paste(covid$Procenti, '%', sep = '')

#Izberemo podatke, ki ustrezalo več kot 5% deležu, ostale pobrišemo
covid$Procenti_label[covid$Procenti < 5] <- ""

ggplot(covid, aes(x="", y = Stevilo, fill=Starosti)) +
  geom_bar(stat="identity", width=1, position = position_stack(reverse = TRUE)) +
  coord_polar("y", start=0) + theme_void() +
  geom_text(aes(label = Procenti_label),
            position = position_stack(vjust = 0.5, reverse=TRUE),
            color = "white") +
  scale_fill_brewer(palette="Spectral")
```



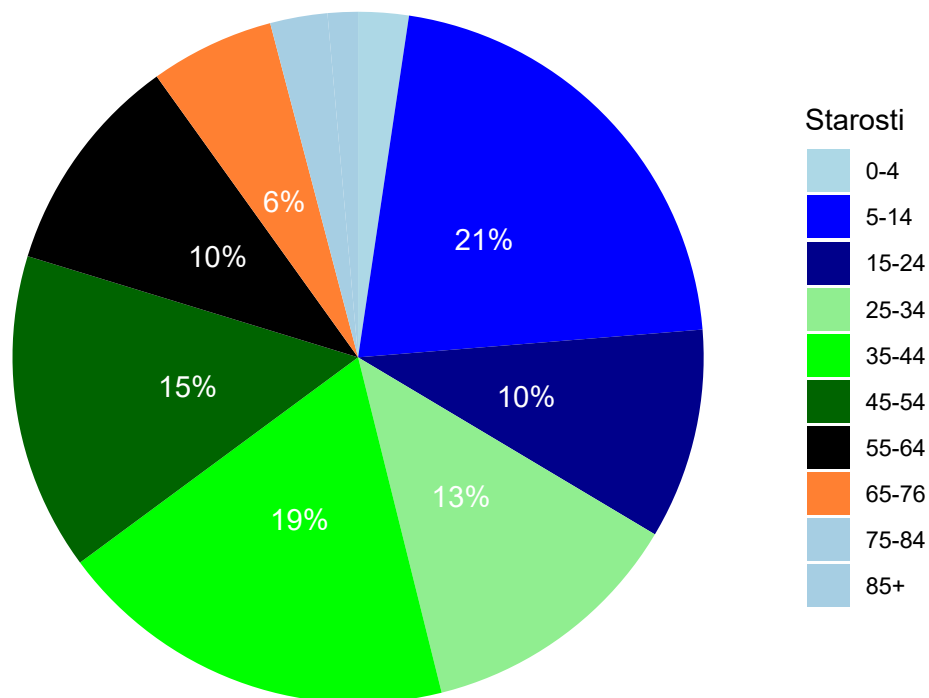
Funkcije za menjavo barv se začnejo z `scale_`, nato sledi objekt v našem primeru barva za označitev območji (fill) `scale_fill_` in nazadnje povemo še uporabljeno metodo, v našem primeru že pripravljeno paleto `scale_fill_brewer`. Poglejmo kako si barve lahko nastavimo še ročno.

```
library(RColorBrewer)
covid$Procenti <- round(100*covid$Stevilo/sum(covid$Stevilo),0)
covid$Procenti_label <- covid$Procenti
#Oblikujemo izpis
covid$Procenti_label <- paste(covid$Procenti, '%', sep = '')
```



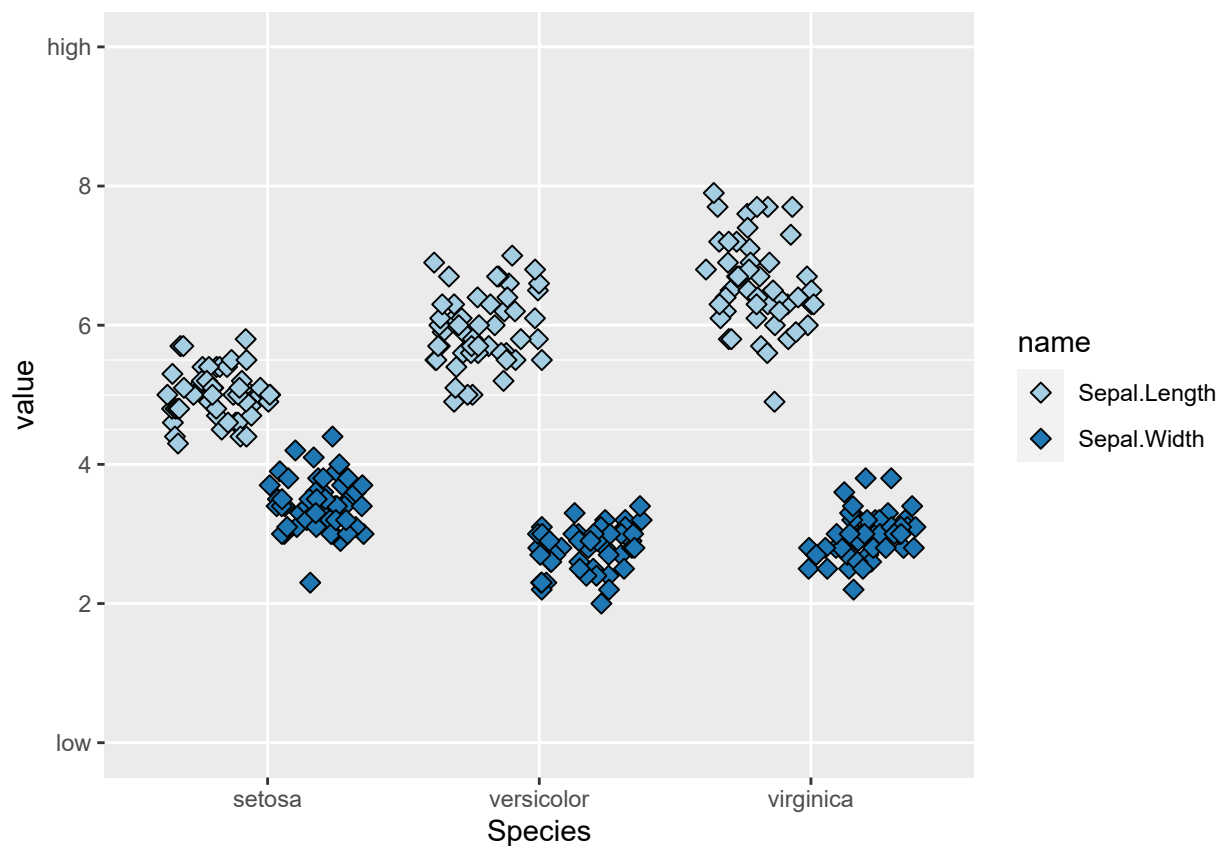
```
#Izberemo podatke, ki ustrezajo več kot 5% deležu, ostale pobrišemo
covid$Procenti_label[covid$Procenti < 5] <- ""

ggplot(covid, aes(x="", y = Stevilo, fill=Starosti)) +
  geom_bar(stat="identity", width=1, position = position_stack(reverse = TRUE)) +
  coord_polar("y", start=0) + theme_void() +
  geom_text(aes(label = Procenti_label),
            position = position_stack(vjust = 0.5, reverse=TRUE),
            color = "white") +
  scale_fill_manual(values = c("LightBlue",
                                "Blue",
                                "DarkBlue",
                                "LightGreen",
                                "Green",
                                "DarkGreen",
                                "Black",
                                rgb(255, 128, 50, maxColorValue = 255),
                                "#A6CEE3",
                                "#A6CEE3"))
```



V spodnjem primeru lahko vidimo, da atribut `fill` določa le indeks barve, dejansko barvo pa podamo z `scale_fill_brewer`. S funkcijo `scale_y_continuous` lahko poljubno kontroliramo izris y osi. V `geom_point` smo dodali tudi oblike, ki jih želimo, da jih uporabljajo vse točke (`shape`, `color`, `size`). Pri večjih točkah je `color` barva obrobe točke, `fill` pa barva znotraj obrobe.

```
ggplot(iris_longer, aes(x = Species, y = value, fill = name)) +
  geom_point(position = position_jitterdodge(),
            shape=23,
            color="black",
            size=2.5) +
  scale_fill_brewer(palette = "Paired") +
  scale_y_continuous(breaks=c(0, 2, 4, 6, 8, 10),
                    labels=c("low", "2", "4", "6", "8", "high"),
                    minor_breaks = c(4.5, 5, 5.5),
                    limits = c(0,10))
```



## 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
```

Velikokrat, ko imamo manjkajoče podatke želimo te vrstice obravnavati drugače. Poglejmo si na primer že vgrajene podatke *airquality*, ki imajo manjkajoče vrednosti.

```
head(airquality)
```

```
##   Ozone Solar.R Wind Temp Month Day
## 1    41     190  7.4   67     5    1
## 2    36     118  8.0   72     5    2
## 3    12     149 12.6   74     5    3
## 4    18     313 11.5   62     5    4
## 5    NA      NA 14.3   56     5    5
## 6    28      NA 14.9   66     5    6
```

Vrstice z manjkajočimi vrednostimi lahko preprosto odstranimo.

```
head(na.omit(airquality))
```

```
##      Ozone Solar.R Wind Temp Month Day
## 1      41      190  7.4   67     5   1
## 2      36      118  8.0   72     5   2
## 3      12      149 12.6   74     5   3
## 4      18      313 11.5   62     5   4
## 7      23      299  8.6   65     5   7
## 8      19       99 13.8   59     5   8
```

Lahko pa recimo manjkajoče vrednosti zamenjamo s povprečnimi.

```
df <- airquality
for(i in 1:ncol(df)){
  df[is.na(df[,i]), i] <- mean(df[,i], na.rm = TRUE)
}
head(df)
```

```
##      Ozone  Solar.R Wind Temp Month Day
## 1 41.00000 190.0000  7.4   67     5   1
## 2 36.00000 118.0000  8.0   72     5   2
## 3 12.00000 149.0000 12.6   74     5   3
## 4 18.00000 313.0000 11.5   62     5   4
## 5 42.12931 185.9315 14.3   56     5   5
## 6 28.00000 185.9315 14.9   66     5   6
```

## 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)
head(podatki)
```

```
##      ime vrednost
## 1   Miha      4,6
## 2  Mojca      3.8
## 3  Matej       b
## 4 Matjaz       6
## 5    Tom       7
## 6   Anja       2
```

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 niza znakov (beseda, stavek, ...) z nekim drugim nizom. Na primer:

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

```
## [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).

## Avtomatsko generiranje poročil in shranjevanje tabel v Word

V tem poglavju bomo potrebovali paketa **rmarkdown** in **knitr**. Predlagamo, da tabelo v Word prenesemo s pomočjo Rmd datotek. Seveda pa se lahko poslužimo tudi bolj preprostih, ampak manj sistematičnih pristopov, kot je na primer shranjevanje tabele v Excel in potem ročno kopiranje v Word. Rmd datoteke so datoteke v katerih lahko združujemo tekst in R, kot izhod pa dobimo dokumente v pdf, docx ali html oblikah. S tem so tudi zelo primerni za avtomatsko generiranje poročil. Da v poročilu izpišemo tabelo, ki jo imamo shranjeno v R, lahko uporabimo ukaz `kable(<ime-tabele-v-R>)` (glej *Predavanje\_08 - Porocilo.Rmd*). Da poženemo Rmd datoteko znotraj R skripte, lahko uporabimo klic

```
rmarkdown::render("<ime-Rmd-datoteke>",
  output_file = "<ime-izhodne-datoteke-s-koncnico>",
  output_format = "<format-izhodne-datoteke>")
```

Za uporabo tega klica glej *Predavanje\_08 - Porocilo.R*. Kadar generiramo datoteko s tem klicem lahko Rmd datoteka, ki jo generiramo, dostopa do vseh spremenljivk, ki jih imamo v trenutni R seji. S tem lahko potem generiramo več poročil znotraj zanke, kot lahko vidimo v prej omenjeni skripti.

Če bi se želeli poglobiti v dinamična poročila z R Markdown-om, predlagamo, da si v mapi *test\_script* preberete datoteko *Uvod-v-R-markdown-skripte.pdf*. Nato vam svetujemo, da poskusite R Markdown tutorial, ki ga najdete na povezavi.

## Dvojna glava (header)

Včasih dobimo podatke v kakšnih posebnih oblikah, na primer z dvema headerjema. Takšni podatki se na primer nahajajo v datoteki *dvojni\_header.csv*. Kako te podatke pretvorimo v dolgo obliko? Najprej bomo prebrali vsak header posebej in jih združili v enoten header. Nato bomo prebrali podatke in jim priredili skupen header. Takšne podatke potem znamo pretvoriti v dolgo obliko. Na koncu moramo samo še razdružiti oba headerja. Potrebovali bomo tudi funkcijo `na.locf` iz paketa `zoo`, ki vse NA vrednosti v vektorju nadomesti z zadnjo vrednostjo, ki ni bila enaka NA.

```
library(zoo)
```

```
## Warning: package 'zoo' was built under R version 3.6.3
```

```
##
## Attaching package: 'zoo'
```

```
## The following objects are masked from 'package:base':
##
##      as.Date, as.Date.numeric
```

```
# Preberemo samo prvo vrstico (nrow = 1), ki ima prvi header. Funkcija unlist
# data.frame spremeni v vektor.
head1 <- unlist(read.table("./data_raw/dvojni_header.csv", sep = ";",
  quote = "", nrow = 1))
```

```
head1
```

```
##      V1      V2      V3      V4      V5
##      NA 2018      NA 2019      NA
```

```
# Preberemo samo drugo vrstico (izpustimo prvo -- skip = 1).
head2 <- unlist(read.table("./data_raw/dvojni_header.csv", sep = ";",
  quote = "", nrow = 1, skip = 1))
```

```
head2
```

```
##      V1      V2      V3      V4      V5
## "kraj" "m"    "f"    "m"    "f"
```

```
# Nadomestimo NA vrednosti v head2.
tmp <- na.locf(unlist(head1), na.rm = FALSE)
tmp
```

```
##   V1   V2   V3   V4   V5
##   NA 2018 2018 2019 2019
```

```
# Združimo oba headerja.
my_header <- paste(head2, tmp, sep = "_")
my_header
```

```
## [1] "kraj_NA" "m_2018" "f_2018" "m_2019" "f_2019"
```

```
# Preberemo vrednosti v podatkih, jim priredimo nova imena in pretvorimo v
# dolgo obliko.
podatki <- read.table("./data_raw/dvojni_header.csv", sep = ";", quote = "", skip = 2,
                      header = FALSE)
colnames(podatki) <- my_header
podatki_long <- pivot_longer(podatki, m_2018:f_2019)
head(podatki_long)
```

```
## # A tibble: 6 x 3
##   kraj_NA name   value
##   <chr>   <chr> <int>
## 1 LJ     m_2018     8
## 2 LJ     f_2018     4
## 3 LJ     m_2019     2
## 4 LJ     f_2019     1
## 5 KR     m_2018    22
## 6 KR     f_2018    21
```

```
# Dodamo nova stolpca za spol in leto, tako da razdružimo stolpec name. To
# naredim os funkcijo gsub, ki v besedi nadomesti nek vzorec, v našem primeru
# vse znake za "_" (spol) ali pred "_" (leto). Na koncu izbrišemo še stolpec
# ime.
podatki_long$spol <- gsub("\\_.*", "", podatki_long$name)
podatki_long$leto <- gsub(".*\\_", "", podatki_long$name)
podatki_long$name <- NULL
head(podatki_long)
```

```
## # A tibble: 6 x 4
##   kraj_NA value spol leto
##   <chr>   <int> <chr> <chr>
## 1 LJ         8 m    2018
## 2 LJ         4 f    2018
## 3 LJ         2 m    2019
## 4 LJ         1 f    2019
## 5 KR        22 m    2018
## 6 KR        21 f    2018
```

## Vizualizacija zemljevidov

Uporabljali bomo knjižnico `maps`. Z uporabo knjižnice `ggmap` lahko dostopamo do zemljevidov “Google maps”, ki izgledajo res lepo, ampak je samo določeno število dostopov brezplačno. Google Maps zahteva registrirajo in številko kreditne kartice. Knjižnica `maps` pa je v celoti brezplačna.

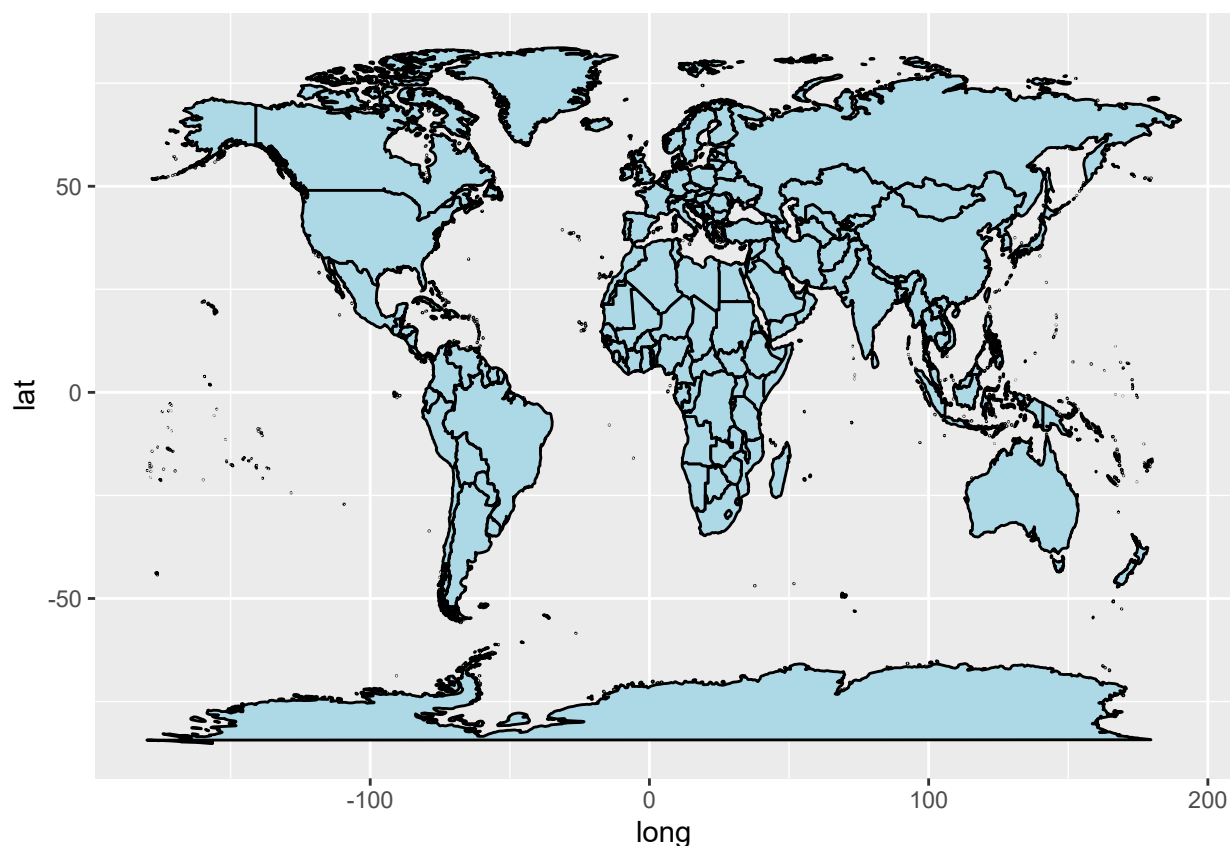
Lahko izrišemo zemlevid sveta:

```
library(maps)
```

```
svet <- map_data('world')  
print(head(svet))
```

```
##      long      lat group order region subregion  
## 1 -69.89912 12.45200     1     1  Aruba      <NA>  
## 2 -69.89571 12.42300     1     2  Aruba      <NA>  
## 3 -69.94219 12.43853     1     3  Aruba      <NA>  
## 4 -70.00415 12.50049     1     4  Aruba      <NA>  
## 5 -70.06612 12.54697     1     5  Aruba      <NA>  
## 6 -70.05088 12.59707     1     6  Aruba      <NA>
```

```
ggplot() +  
  geom_polygon( data=svet, aes(x=long, y=lat, group=group),  
                color="black", fill="lightblue" )
```



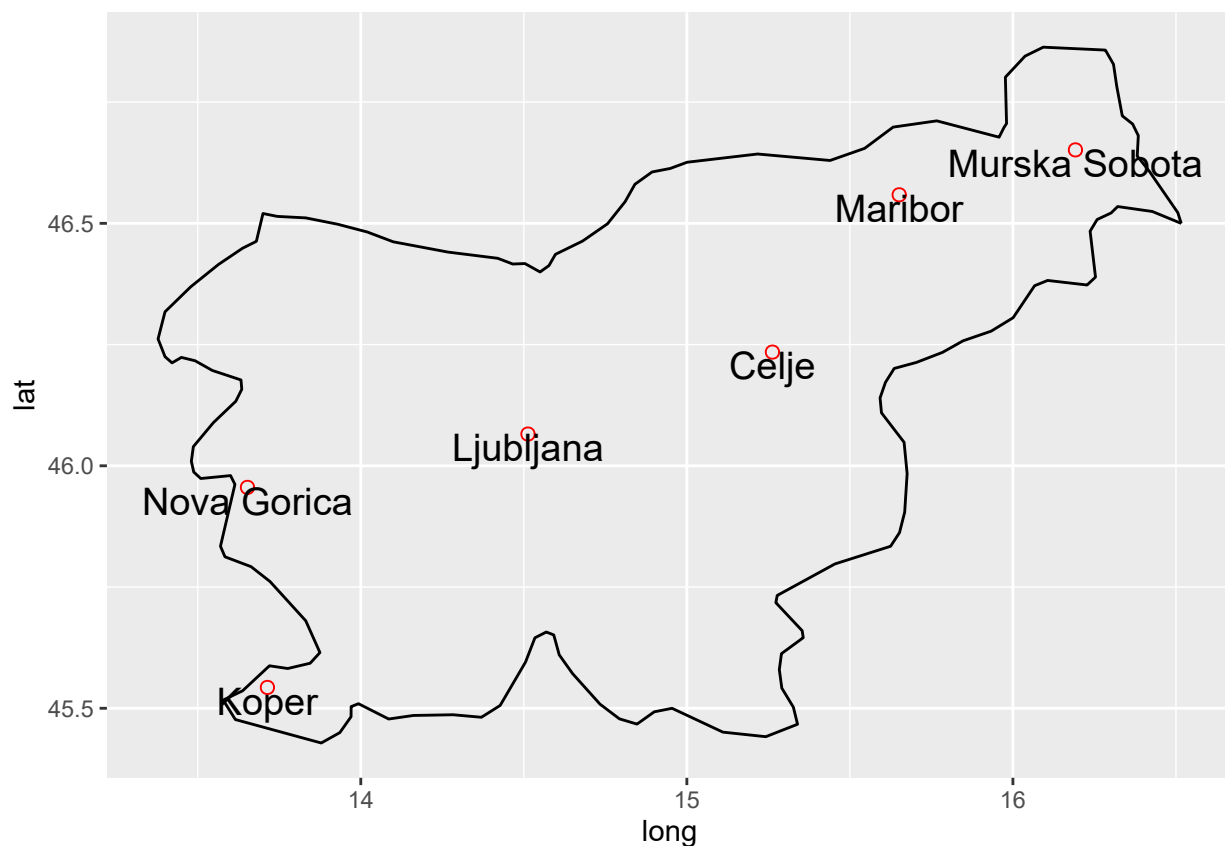


Lahko si izberemo tudi ožje področje, npr. Slovenijo. Na zemljevid lahko narišemo tudi poljubne točke (v našem primeru jih shranimo v `data.frame` `postaje`).

```
slo <- "Slovenia"
slo.map <- map_data("world", region = slo)

postaje <- data.frame(Mesta = c("Ljubljana", "Celje", "Maribor", "Murska Sobota", "Nova Gorica", "Koper"))

ggplot() +
  geom_path(data = slo.map, aes(x = long, y = lat)) +
  geom_point(data = postaje, aes(x = long, y = lat), colour = "Red", pch = 1, size = 2) +
  theme(legend.position = "none") + geom_text(data = postaje, aes(long, lat, label = Mesta),
                                             size = 5, vjust = 1) #v just premakne napis, da ne pokriva to
```



Funkcija `geom_path` izriše konturo medtem, ko ima `polygon` tudi notranjost (lahko določimo barvo).

Naslednji primer uporabe zemljevida je barvanje različnih področji glede na neke lastnosti. Poglejmo primer 7-dnevnega povprečja covid primerov na milijon prebivalcev (incidenca). Incidence moramo najprej izračunati.

```
okolica <- c('Slovenia', 'Italy', 'Croatia', 'Austria', 'Hungary')
okolica.map <- map_data("world", region = okolica)

#7-dnevno povprečje v torek
covid_torek <- c(3106, 9866, 4615, 14004, 9435)
#prebivalci po državah
prebivalci <- c(2.1, 59.5, 4, 8.9, 9.8)
```

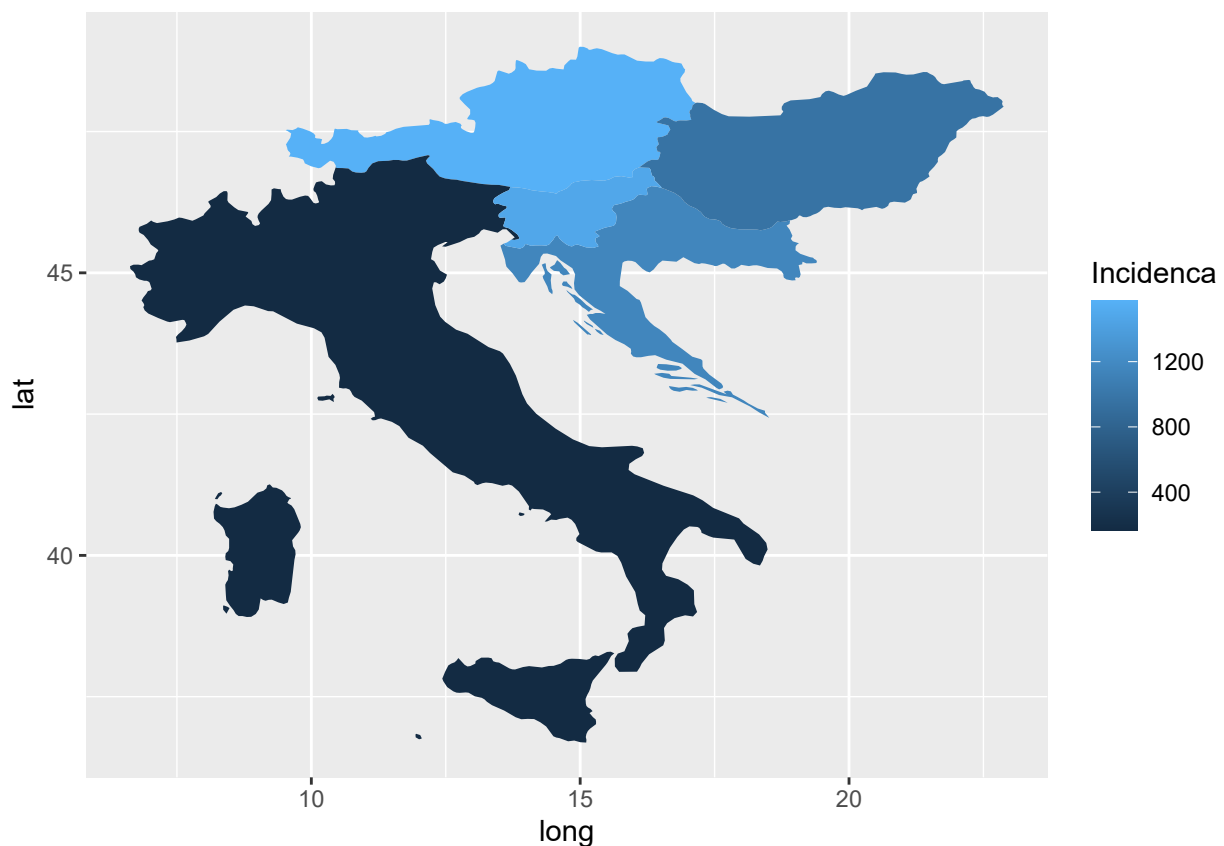
```

incidenca_tabela <- data.frame(Drzava = okolica, Incidenca = (covid_torek/prebivalci))

#tabeli okolica.map dodamo prazen stolpec Incidence
okolica.map <- cbind(okolica.map, Incidenca=rep(NA, nrow(okolica.map)))
# Vnesemo incidence v tabelo okolica.map po državah
for (d in okolica){
  okolica.map[okolica.map$region == d, 'Incidenca'] <-
    incidenca_tabela[incidenca_tabela$Drzava == d, 'Incidenca']
}

ggplot(data = okolica.map, aes(x = long, y = lat)) +
  geom_polygon(aes(group=group, fill=Incidenca))

```



## Bioconductor

Bioconductor je odprtikodni projekt, ki vsebuje funkcije in pakete za analizo bioloških testov. Celoten projekt je razvit v R-ju in se posodablja dvakrat letno. Trenutna verzija (3.14) vsebuje okoli 3000 paketov. Ti paketi niso na voljo preko funkcije `install.packages()`, saj ima projekt svoj repozitorij.

Za namestitev paketov za Bioconductor verzijo 3.8 potrebujete najprej paket **BiocManager** z uradnega cran repozitorija. Tega najprej namestite z naslednjim ukazom. Funkcija `requireNamespace` preveri, če je paket že naložen. Če je, se bo instalacija preskočila. If stavek sicer ni potreben, bomo pa v tem dokumentu pustili

sintakso, kakršno boste dobili tudi na njihovi uradni strani, da boste v prihodnje lažje razumeli namen teh dodatnih ukazov.

```
if (!requireNamespace("BiocManager"))  
  install.packages("BiocManager")
```

```
## Loading required namespace: BiocManager
```

Za za namestitev Bioconductorja in ostalih paketov, ki so na voljo pa od sedaj naprej uporabljate paket BiocManager. Instalirajmo najprej Bioconductor.

```
BiocManager::install()
```

```
## Bioconductor version 3.10 (BiocManager 1.30.16), R 3.6.1 (2019-07-05)
```

```
## Installation paths not writeable, unable to update packages
```

```
## path: C:/Program Files/R/R-3.6.1/library
```

```
## packages:
```

```
## boot, class, cluster, codetools, KernSmooth, lattice, MASS, Matrix, mgcv,
```

```
## nlme, nnet, spatial, survival
```

```
## Old packages: 'backports', 'cli', 'glue', 'lubridate', 'RCurl', 'rlang',
```

```
## 'RSQLite', 's2', 'sessioninfo', 'stringi', 'tibble'
```

Zgornji ukaz instalira najnovejšo verzijo Bioconductorja. Če iz kakršnega koli razloga potrebujete starejšo verzijo uporabite parameter `version`. Primer:

```
BiocManager::install(version = "3.12")
```

Opazite še novo sintakso *ime paketa::ime funkcije*. S dvojnim dvopičjem lahko uporabimo funkcijo nekega paketa brez, da bi ga predhodno naložili z ukazom `library()`, kar je uporabno, če potrebujemo funkcijo paketa le enkrat.

Če imate paket BiocManager in Bioconductor že naložen lahko preverite naloženo verzijo z naslednjima ukazoma.

```
#verzija paketa
```

```
packageVersion("BiocManager")
```

```
## [1] '1.30.16'
```

```
#verzija bioconductorja
```

```
BiocManager::version()
```

```
## [1] '3.10'
```

Sedaj si pogledjmo, kako naložimo pakete. Najprej si na uradni strani pogledjmo seznam paketov, ki so nam na voljo. Recimo, da nas po opisu *Quasispecies Diversity* zanima paket `QSutils`. Za podrobnejši opis kliknite na ime paketa in odprla se vam bo stran z osnovnimi podatki. Na tej strani so pod naslovom Documentation tudi zelo uporabni HTML in PDF dokumenti, ki vedno vključujejo tudi osnovni primer uporabe teh paketov.

Paket namestimo z ukazom:

```
BiocManager::install("QSutils")
```

```
## Bioconductor version 3.10 (BiocManager 1.30.16), R 3.6.1 (2019-07-05)
```

```
## Warning: package(s) not installed when version(s) same as current; use 'force = TRUE' to  
## re-install: 'QSutils'
```

```
## Installation paths not writeable, unable to update packages
```

```
## path: C:/Program Files/R/R-3.6.1/library
```

```
## packages:
```

```
## boot, class, cluster, codetools, KernSmooth, lattice, MASS, Matrix, mgcv,
```

```
## nlme, nnet, spatial, survival
```

```
## Old packages: 'backports', 'cli', 'glue', 'lubridate', 'RCurl', 'rlang',
```

```
## 'RSQLite', 's2', 'sessioninfo', 'stringi', 'tibble'
```

Nekaj osnovnih napotkov paketa lahko dobite tudi z ukazom `browseVignettes()`. Ta ukaz deluje tudi za ostale pakete, ki niso del Bioconduktorja.

```
browseVignettes("QSutils")
```

Naložimo paket.

```
## Loading required package: Biostrings
```

```
## Loading required package: BiocGenerics
```

```
## Loading required package: parallel
```

```
##
```

```
## Attaching package: 'BiocGenerics'
```

```
## The following objects are masked from 'package:parallel':
```

```
##
```

```
## clusterApply, clusterApplyLB, clusterCall, clusterEvalQ,
```

```
## clusterExport, clusterMap, parApply, parCapply, parLapply,
```

```
## parLapplyLB, parRapply, parSapply, parSapplyLB
```

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

```
##
```

```
## IQR, mad, sd, var, xtabs
```

```
## The following objects are masked from 'package:base':
```

```
##
```

```
## anyDuplicated, append, as.data.frame, basename, cbind, colnames,
```

```
## dirname, do.call, duplicated, eval, evalq, Filter, Find, get, grep,
```

```
## grepl, intersect, is.unsorted, lapply, Map, mapply, match, mget,
```

```
## order, paste, pmax, pmax.int, pmin, pmin.int, Position, rank,
```

```
## rbind, Reduce, rownames, sapply, setdiff, sort, table, tapply,
```

```
## union, unique, unsplit, which, which.max, which.min
```

```
## Loading required package: S4Vectors

## Warning: package 'S4Vectors' was built under R version 3.6.3

## Loading required package: stats4

##
## Attaching package: 'S4Vectors'

## The following object is masked from 'package:tidyr':
##
##     expand

## The following object is masked from 'package:base':
##
##     expand.grid

## Loading required package: IRanges

## Warning: package 'IRanges' was built under R version 3.6.2

##
## Attaching package: 'IRanges'

## The following object is masked from 'package:grDevices':
##
##     windows

## Loading required package: XVector

##
## Attaching package: 'Biostrings'

## The following object is masked from 'package:base':
##
##     strsplit
```

Sedaj naredimo en svoj primer s tem paketom. Najprej naložimo podatke o genih, ki so zapisani v .fasta obliki.

```
gene <- ReadAmplSeqs("./data_raw/nucleus_gene.fast", type="DNA")
gene$hseqs
```

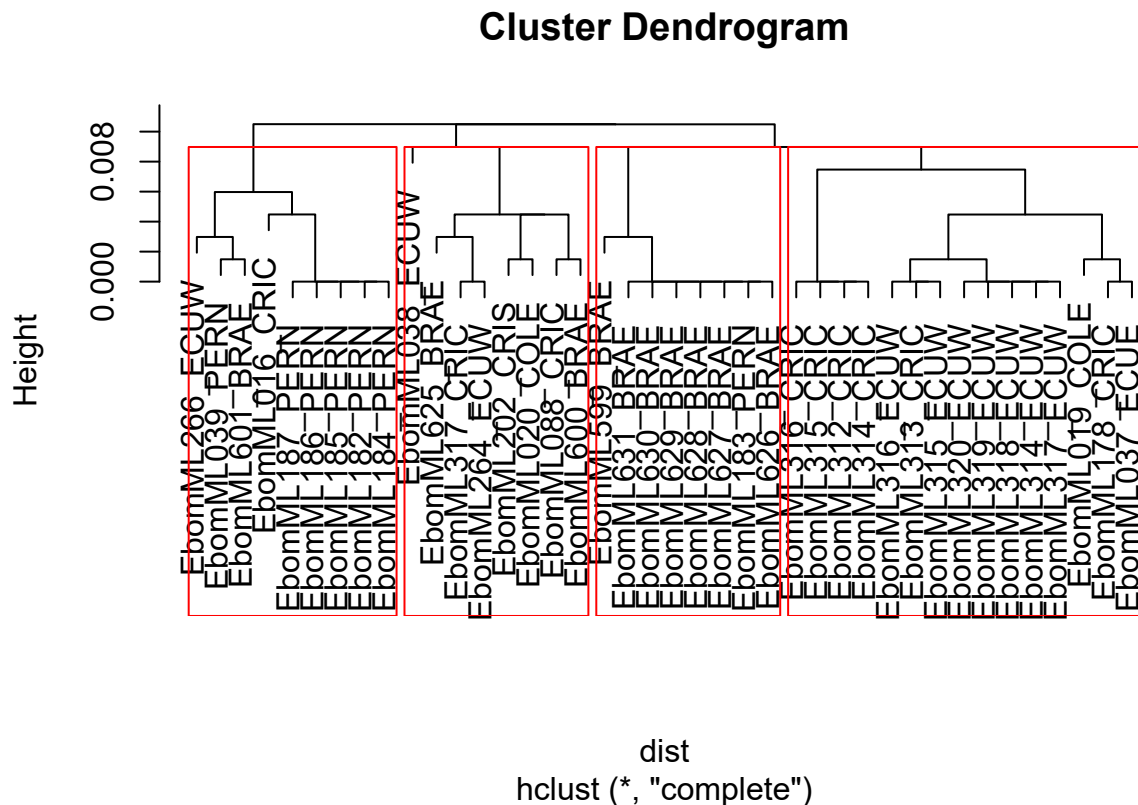
```
## A DNAStringSet instance of length 40
##      width seq                      names
## [1]  673 AGCCTTCTCTCTTGGTGGTTTGG...GATTTTAGATCGGCAGCTCGAT EbomML016_CRIC
## [2]  673 AGCCTTCTCTCTTGGCGGTTTGG...GATTTTAGATCGGCAGCTCGAT EbomML088_CRIC
## [3]  673 AGCCTTCTCTCTTGGCGGTTTGG...GATTTTAGATCGGCAGCTCGAT EbomML178_CRIC
## [4]  673 AGCCTTCTCTCTTGGCGGTTTGG...GATTTTAGATCGGCAGCTCGAT EbomML202_CRIS
## [5]  673 AGCCTTCTCTCTTGGCGGTTTGG...GATTTTAGATCGGCAGCTCGAT EbomML312_CRIC
```

```
## ... ..
## [36] 673 AGCCTTCTCTCTTGGCGGTTTGG...GATTTTAGATCGGCAGCTCGAT EbomML627_BRAE
## [37] 673 AGCCTTCTCTCTTGGCGGTTTGG...GATTTTAGATCGGCAGCTCGAT EbomML628_BRAE
## [38] 673 AGCCTTCTCTCTTGGCGGTTTGG...GATTTTAGATCGGCAGCTCGAT EbomML629_BRAE
## [39] 673 AGCCTTCTCTCTTGGCGGTTTGG...GATTTTAGATCGGCAGCTCGAT EbomML630_BRAE
## [40] 673 AGCCTTCTCTCTTGGCGGTTTGG...GATTTTAGATCGGCAGCTCGAT EbomML631_BRAE
```

Prebrani podatki so tipa `list`, ki vsebuje vektor `nr` in 40 vzorcev gena v `hseqs`.

Ker je podatkov relativno malo jih poskušamo združiti v gruč s hierarhičnim gručenjem in prikažimo rezultat v obliki dendrograma.

```
# Izračunamo razdalje med sekvencami
dist <- DNA.dist(gene$hseqs, pairwise.deletion = T, model = "K80")
# Hierarhično gručenje
clusters <- hclust(dist)
# Prikažemo razdalje z dendrogramom
plot(clusters)
# Na dendogramu obkrožimo štiri skupine
rect.hclust(clusters, k=4, border="red")
```



Rezultati so tukaj različni glede na uporabljeno mero za izračun razdalj, ki jo podamo z parametrom `model`. Ostale možnosti si lahko pogledate v dokumentaciji z ukazom `?DNA.dist`. Naredimo še vizualizacijo gruč v 2d prostoru za štiri skupine. Če želite dendrogram porezati na neki določeni višini v spodnji kodi namesto `k = 4` uporabite `h = višina`.

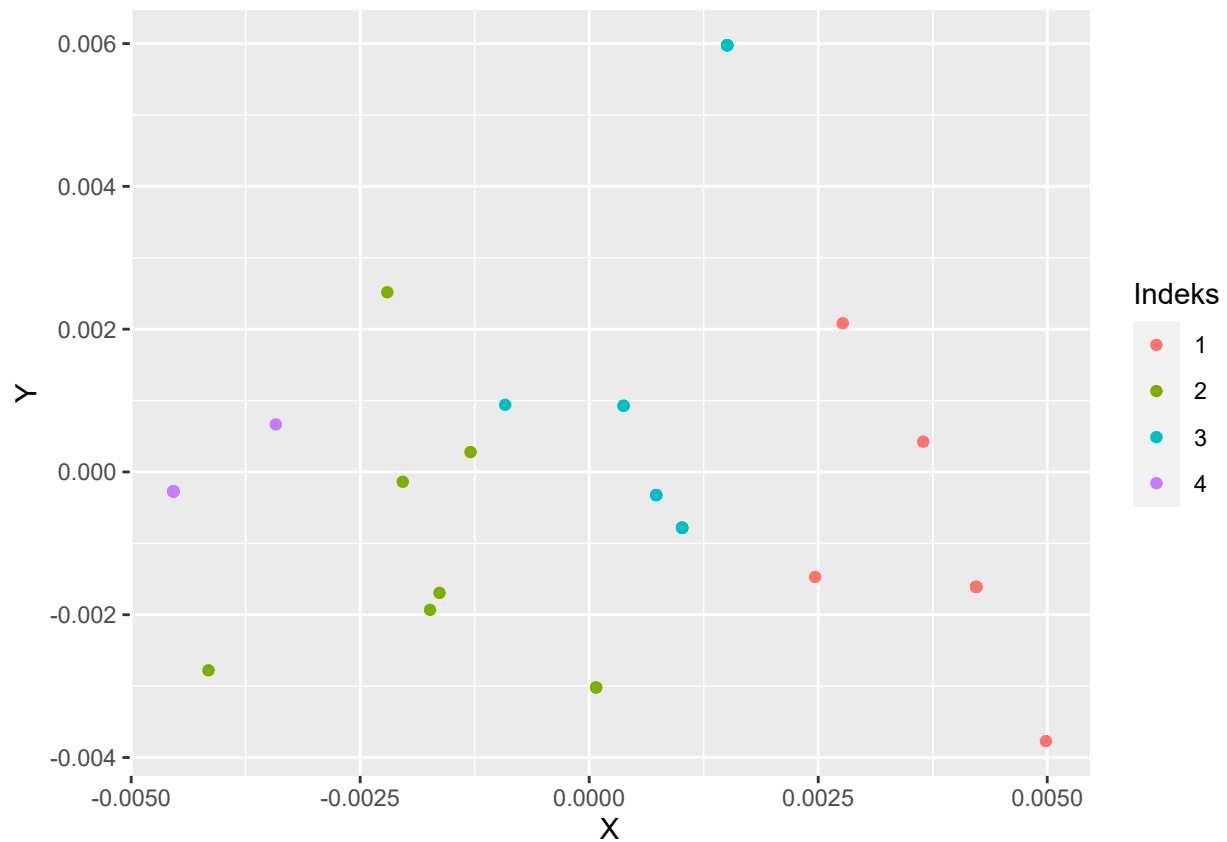
```

# Razdelimo na štiri skupine
cluster_ids <- cutree(clusters, k = 4)

#Pripravimo podatke v obliki tabele
podatki <- as.data.frame(cmdscale(dist)) #predstavimo podatke v 2d obliki
names(podatki) <- c("X", "Y")
podatki$Indeks <- as.factor(cluster_ids) #dodamo indekse

#Izrišemo vzorce na graf
ggplot(podatki, aes(x = X, y = Y, colour = Indeks)) +
  geom_point()

```



Nekaj krajših sekvenc vsebuje tudi sam paket. Naložimo jih:

```

filepath<-system.file("extdata","ToyData_RVReads.fna", package="QSutils")
sekvenca <- ReadAmplSeqs(filepath,type="DNA")
head(sekvenca$nr)

```

```
## [1] 44582 2319 1360 231 100 95
```

```
sekvenca$hseqs
```

```
## A DNAStringSet instance of length 1162
##      width seq                      names
```

```
## [1] 336 TCGTGGCCACCGCATTGCGTCA...CTGGAGGAGATGCGCACCGCC 15457.Myc.178.554...
## [2] 336 TCGTGGCCACCGCATTGCGTCA...CTGGAGGAGATGCGCACCGCC 15457.Myc.178.554...
## [3] 336 TCGTGGCCACCGCATTGCGTCA...CTGGAGGAGATGCGCACCGCC 15457.Myc.178.554...
## [4] 336 TCGTGGCCACCGCATTGCGTCA...CTGGAGGAGATGCGCACCGCC 15457.Myc.178.554...
## [5] 336 TCGTGGCCACCGCATTGCGTCA...CTGGAGGAGATGCGCACCGCC 15457.Myc.178.554...
## ... ..
## [1158] 336 TCGTGGCCACTGCATTGCGTCA...CTGGAGGAGATGCGCACCGCC 15457.Myc.178.554...
## [1159] 336 TCGTGGCCATCGCATTGCGTCA...CTGGAGGAGATGCGCACCGCC 15457.Myc.178.554...
## [1160] 336 TCGTGGCTACCGCATTGCGTCA...CTGGAGGAGATGCGCACCGCC 15457.Myc.178.554...
## [1161] 336 TCGTGGCCACCGCATTGCGTCA...CTGGAGGAGATGCGCACCGCC 15457.Myc.178.554...
## [1162] 336 TCGTGGCCACCGCATTGCGTCA...CTGGAGGAGATGCGCACCGCC 15457.Myc.178.554...
```

Paket *QSutils* ponuja tudi funkcije za analizo teh podatkov. *Opozorilo:* Spodaj opisani stavki mogoče vsebujejo napake, glede na nepoznavanje domene :)

Poglejmo si mero negotovosti Shannon in verjetnost (GiniSimpson), da dva naključna vzorca iz populacije pripadata različnim haplotipom.

```
Shannon(sekvenca$nr)
```

```
## [1] 2.510248
```

```
GiniSimpson(sekvenca$nr)
```

```
## [1] 0.5351748
```

Z analizo razdalj med haplotipi lahko izračunamo tudi druge statistike. Poglejmo povprečno frekvenco mutacije in povprečno diverziteto nukleotidov.

```
razdalje <- DNA.dist(sekvenca$hseqs,model="K80")
MutationFreq(razdalje)
```

```
## [1] 0.004017996
```

```
NucleotideDiversity(razdalje)
```

```
## [1] 0.007762838
```

## Razhroščevanje (debugging)

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** (*next*) se browser pomakne na naslednji ukaz, ki se bo izvajal. Z ukazom **c** (*continue*) mu povemo naj nadaljuje izvajanje do konca oz. dokler ne pride do naslednjega klica **browser()**. Iz browserja lahko prekinemo izvajanje zanke in se vrnemo v osnovno konzolo s tipko **escape** ali če napišemo **Q** (*Quit*).

Če nam težava dela določena funkcija in jo ne želimo spreminjati z dodajanjem ukazov **browser()** lahko v browser preidemo tudi ob klicu funkcije z ukazom **debug()**.

```
mnozi <- function(a, b){  
  return(a*b)  
}  
deli <- function(a, b){  
  return(a/b)  
}  
debug(deli) #označimo funkcijo deli za razhroščevanje  
mnozi(2, 3) #se izvede normalno  
deli(2, 3) #na prvi vrstici funkcije se pokliče browser()
```

Če želimo sprostiti funkcije iz razhroščevalnika uporabimo **undebbug()**.

```
undebbug(deli)
```