

Veri Okuma/Yazma/Düzenleme

Dinçer GÖKSÜLÜK, Phd.

13 Mayıs 2022

Contents

Veri Okuma	1
TXT ve CSV Ortamlarından Veri Aktarma	2
SPSS ve STATA vb. Ortamlardan Veri Aktarma	4
Excel Ortamından Veri Okutma	4
R Objesinden Veri Okutma	4
<code>file.choose()</code> ile Dosya Seçimi ve Clipboard'dan Veri Okuma	5
Veri Yazma	5
Veri Düzenleme	6
Değişken Türlerinin İcelenmesi ve Min-Max Kontrolü	6
Temel Satır/Sütun İşlemleri	7
Veri Bölme/Birleştirme	7
Veri Filtreleme	8
Yeni Değişken Oluşturma ve Mevcut Değişkeni Dönüştürme	9
Tekrarlı Ölçümlerde Alt Alta ve Yan Yana girilmiş Veri Yapıları	10

Gereksinimler:

- **R 4.2.0** sürümü.
- **RStudio Desktop 2022.02.2+485** veya üzeri sürümler.
- MAC Kullanıcılar için **XQuartz** güncel sürümü.

Veri Okuma

R ile bir çok farklı ortamdan verileri okutup analiz yapılabilir. Ancak veri yüklemeye önce dikkat edilmesi gereken noktalar vardır. Veri setinden kaynaklı hatalar nedeniyle R tarafından veri okuma sürecinde hatalar ile karşılaşılabilir veya veriler doğru bir şekilde R'a aktarılamayabilir.

Veri yükleme aşamasına geçmeden önce;

- İlk satırda **genellikle** değişken isimleri, ilk sütunda ise zorunlu olmamakla birlikte **satır isimleri** yer alır.
- Değişken isimlerinde ve/veya hücrelerde **boşluk** kullanılmamalıdır. Örneğin **Eğitim Durumu** şeklinde bir değişken ismi tanımlanmamalıdır. Benzer şekilde eksik gözlemlerin olduğu hücrelerde boşluk kullanılmamalıdır.
- Değişken isimleri tercihen kısa olacak şekilde tanımlanmalıdır. Örneğin **AnneBabanınEğitimDurumu** yerine **EgtmDrmAB** şeklinde bir kısalma tercih edilebilir.
- Birden fazla kelimenin birleşimi ile bir değişken ismi belirlenecek ise cümleler arasında boşluk yerine nokta (.) veya alt tire (_) gibi karakterler kullanılabilir. **Egitim_Durumu** ve **Egitim.Durumu** gibi.

- ?, \$, %, ^, &, *, (,), -, #, ?, , , <, >, /, |, \, [,] ,{, ve } özel karakterlerini değişken isimleri içerisinde kullanmaktan kaçınılmalıdır.
- Excel, CSV ve benzeri ortamlardan veri aktarılırken veri sayfasında alınmış olan notlar ve açıklamaların temizlenmiş olduğundan emin olunuz.
- Eksik gözlemler için NA gösterimi kullanılabilir veya ilgili hücreler boş bırakılabilir (Boşluk bırakılmamalıdır.).

R yazılımına veri aktarımında farklı kütüphanelerden yararlanılabilir. Farklı veri ortamları için kullanılabilecek fonksiyonlar ve paketler aşağıda verilmiştir.

Format	Paket	Fonksiyon
TXT, CSV	readr, utils	read.table, read.csv, read_delim
SAV, DTA	foreign, haven	read_spss, read.spss, read_dta, read.dta
XLS, XLSX	readxl	read_excel
RDA, RDATA	base	load
JSON	jsonlite	fromJSON

TXT ve CSV Ortamlarından Veri Aktarma

?read.table, ?read.csv, ?read_delim ?read_csv

- **Veri Seti:** Primary Biliary Cirrhosis (PBC)
- **Dosya Formatı:** TXT (Tab ile ayrılmış)

```
file.loc <- "data/pbc.txt"
PBC <- veri <- read.table(file = file.loc, sep = "\t", header = TRUE,
                          stringsAsFactors = TRUE, dec = ".")
```

```
head(veri)
```

```
##   id time status trt      age sex ascites hepato spiders edema bili chol
## 1  1 400      1  1 58.76523  f      1      1      1  1.0 14.5 261
## 2  2 4500     0  1 56.44627  f      0      1      1  0.0  1.1 302
## 3  3 1012     1  1 70.07255  m      0      0      0  0.5  1.4 176
## 4  4 1925     1  1 54.74059  f      0      1      1  0.5  1.8 244
## 5  5 1504     0  2 38.10541  f      0      1      1  0.0  3.4 279
## 6  6 2503     1  2 66.25873  f      0      1      0  0.0  0.8 248
##   albumin copper alk.phos  ast trig platelet protime stage
## 1    2.60    156  1718.0 137.95  172    190    12.2     4
## 2    4.14     54  7394.8 113.52   88    221    10.6     3
## 3    3.48    210   516.0  96.10   55    151    12.0     4
## 4    2.54     64  6121.8  60.63   92    183    10.3     4
## 5    3.53    143   671.0 113.15   72    136    10.9     3
## 6    3.98     50   944.0  93.00   63     NA    11.0     3
```

```
str(veri)
```

```
## 'data.frame':   418 obs. of  20 variables:
##  $ id      : int  1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...
##  $ time    : int  400 4500 1012 1925 1504 2503 1832 2466 2400 51 ...
##  $ status  : int  1 0 1 1 0 1 0 1 1 1 ...
##  $ trt     : int  1 1 1 1 2 2 2 2 1 2 ...
##  $ age     : num  58.8 56.4 70.1 54.7 38.1 ...
##  $ sex     : Factor w/ 2 levels "f","m": 1 1 2 1 1 1 1 1 1 1 ...
```

```
## $ ascites : int 1 0 0 0 0 0 0 0 1 ...
## $ hepato  : int 1 1 0 1 1 1 1 0 0 0 ...
## $ spiders : int 1 1 0 1 1 0 0 0 1 1 ...
## $ edema   : num 1 0 0.5 0.5 0 0 0 0 1 ...
## $ bili    : num 14.5 1.1 1.4 1.8 3.4 0.8 1 0.3 3.2 12.6 ...
## $ chol    : int 261 302 176 244 279 248 322 280 562 200 ...
## $ albumin : num 2.6 4.14 3.48 2.54 3.53 3.98 4.09 4 3.08 2.74 ...
## $ copper  : int 156 54 210 64 143 50 52 52 79 140 ...
## $ alk.phos: num 1718 7395 516 6122 671 ...
## $ ast     : num 137.9 113.5 96.1 60.6 113.2 ...
## $ trig    : int 172 88 55 92 72 63 213 189 88 143 ...
## $ platelet: int 190 221 151 183 136 NA 204 373 251 302 ...
## $ protime : num 12.2 10.6 12 10.3 10.9 11 9.7 11 11 11.5 ...
## $ stage   : int 4 3 4 4 3 3 3 3 2 4 ...
```

```
library(readr)
veri2 <- read_delim(file = file.loc, delim = "\t", col_names = TRUE,
                    locale = locale(decimal_mark = "."))

sapply(veri2, class)
```

```
##      id      time      status      trt      age      sex
## "numeric" "numeric" "numeric" "numeric" "numeric" "character"
## ascites   hepato   spiders   edema     bili      chol
## "numeric" "numeric" "numeric" "numeric" "numeric" "numeric"
## albumin   copper   alk.phos   ast      trig     platelet
## "numeric" "numeric" "numeric" "numeric" "numeric" "numeric"
## protime   stage
## "numeric" "numeric"
```

`read_delim(...)` fonksiyonu içerisinde `stringsAsFactors` seçeneği ayrıca olmadığı için `sex` değişkeni `character` olarak tanımlanmıştır. Karakter sınıfından olan bu değişkeni `factor` sınıfında tanımlamak için `col_types` seçeneği içerisinde düzenleme yapmak gerekmektedir.

```
veri2 <- read_delim(
  file = file.loc, delim = "\t", col_names = TRUE,
  locale = locale(decimal_mark = "."),
  col_types = cols(sex = col_factor(levels = c("f", "m"), ordered = FALSE))
)

sapply(veri2, class)
```

```
##      id      time      status      trt      age      sex ascites hepato
## "numeric" "numeric" "numeric" "numeric" "numeric" "factor" "numeric" "numeric"
## spiders   edema     bili      chol   albumin   copper   alk.phos   ast
## "numeric" "numeric" "numeric" "numeric" "numeric" "numeric" "numeric" "numeric"
## trig     platelet   protime   stage
## "numeric" "numeric" "numeric" "numeric"
```

İpucu: `Character` sınıfında okunmuş olan bir değişken `factor` veya `as.factor` fonksiyonları yardımı ile okuma işleminden sonra yeniden faktör sınıfında bir değişkene dönüştürülebilir. Bu kısımlar veri düzenleme bölümünde ayrıca anlatılacaktır.

- **Veri Seti:** Mean Platelet Volume (MPV)
- **Dosya Formatı:** CSV (virgül ile ayrılmış)

```
library(readr)

file.loc <- "data/MPV.csv"
MPV <- veri <- read_csv(file = file.loc, header = TRUE, dec = ".", sep = ",",
                        stringsAsFactors = TRUE)
veri2 <- read_csv(file = file.loc, col_names = TRUE,
                  locale = locale(decimal_mark = "."))
```

SPSS ve STATA vb. Ortamlardan Veri Aktarma

?read_spss, ?read.spss, ?read_dta, ?read.dta

- **Veri Seti:** Nonalcoholic Fatty Liver Disease (NAFLD)
- **Dosya Formatı:** SAV (SPSS Veri Formatı)

```
library(haven)
library(foreign)

file.loc <- "data/NAFLD.sav"
# haven paketi ile veri okutma
veri <- read_spss(file = file.loc)

# foreign paketi ile veri okutma
NAFLD <- veri2 <- read.spss(file = file.loc, use.value.labels = TRUE,
                           to.data.frame = TRUE)

# str(veri)
# str(veri2)
```

Excel Ortamından Veri Okutma

?read_excel

- **Veri Seti:** Primary Biliary Cirrhosis (PBC)
- **Dosya Formatı:** XLSX, XLS

```
library(readxl)

file.loc <- "data/pbc.xlsx"
veri <- read_excel(path = file.loc, sheet = 1)
str(veri)
```

R Objesinden Veri Okutma

R ortamında kaydedilen veriler **RDA** ve **RDATA** formatlarında saklanmaktadır. Bu objeler R içerisinde load fonksiyonu kullanılarak kolayca aktarılabilir. Aktarılan objenin özellikleri veri okutma esnasında değiştirilemez. Veri okutulduktan sonra değişkenlerin türleri düzenlenebilir.

?load

- **Veri Seti:** Primary Biliary Cirrhosis (PBC)
- **Dosya Formatı:** XLSX, XLS

```
file.loc <- "data/MPV.Rda"
load(file = file.loc)
str(veri)
```

file.choose() ile Dosya Seçimi ve Clipboard'dan Veri Okuma

- Dosya konumu belirlenirken dosya dizini girilebileceği gibi file.choose fonksiyonu yardımı ile dosyanın ilgili dizinden seçilebilmesi mümkündür.

```
## pbc.txt verisi seçilir.
veri <- read.table(file = file.choose(), sep = "\t", header = TRUE,
                  stringsAsFactors = TRUE, dec = ".")

head(veri)
```

- R'a okutulacak olan veri ilgili dosya içerisinden panoya (clipboard) kopyalandıktan sonra R tarafında okutulabilir.
- Panodan veri okutma işlemi işletim sistemine göre farklı şekillerde gerçekleştirilir.

```
# Windows işletim sisteminde panodan veri okutma
veri <- read.table(file = "clipboard", sep = "\t", header = TRUE,
                  stringsAsFactors = TRUE, dec = ".")

# MAC OS sistemler için
veri <- read.table(file = pipe("pbpaste"), sep = "\t", header = TRUE,
                  stringsAsFactors = TRUE, dec = ".")
```

Veri Yazma

Veri yazma sürecinde farklı formatlarda veriler kaydedilebilmesine karşın kayıt işleminin sorunsuz bir şekilde tamamlanması ve bir çok işletim sistemi ve istatistik analiz yazılımları tarafından desteklenebilmesi için TXT ve CSV formatlarında veri kaydetme işleminin yapılması önerilir. Bu bölümde verilerin yalnızca TXT ve CSV formatında kaydedilmesi üzerinde durulacaktır.

Format	Paket	Fonksiyon
TXT, CSV	readr, utils	write.table, write.csv, write_delim
RDA, RDATA	base	save

- Veri: Iris Flowers

```
library(readr)

data(iris)
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

# CSV olarak kaydetmek
write.csv(x = iris, file = "saved/iris.csv", quote = FALSE, na = "NA", row.names = FALSE)
write_delim(x = iris, path = "saved/iris.csv", delim = ";", col_names = TRUE)
```

```
## Warning: The `path` argument of `write_delim()` is deprecated as of readr 1.4.0.
```

```
## Please use the `file` argument instead.
## This warning is displayed once every 8 hours.
## Call `lifecycle::last_lifecycle_warnings()` to see where this warning was generated.

write.table(x = iris, file = "saved/iris.csv", sep = ",", quote = FALSE,
            row.names = FALSE, col.names = TRUE, na = "NA")

# TXT olarak kaydetmek
write.table(x = iris, file = "saved/iris.txt", quote = FALSE, sep = "\t", na = "NA",
            dec = ",", row.names = FALSE, col.names = TRUE)

write_delim(x = iris, path = "saved/iris.txt", delim = "\t", col_names = TRUE)
```

Veri Düzenleme

- Veri düzenleme süreci istatistiksel analizlere başlamadan önce doğru bir şekilde yapılmalıdır.
- Bu aşamda yapılabilecek işlemlerin bir kısmı:
 - Eksik gözlemlerin silinmesi/düzenlenmesi
 - Satır/Sütun ekleme veya çıkarma
 - Yeni değişkenlerin oluşturulması (Compute)
 - Mevcut bir değişkenin yeni yeniden kodlanması (Transform)
 - Farklı veri setlerinin birleştirilmesi
 - Değişken türlerinin düzenlenmesi
 - ...
- Önerilen paketler: dplyr, reshape2, plyr, magrittr, tidyr

Değişken Türlerinin İcelenmesi ve Min-Max Kontrolü

Herhangi bir veri seti R'a okutulduktan sonra değişkenlerin doğru bir şekilde tanımlanmış olduğunun kontrol edilmesi gerekir. Değişken türlerinde sorun var ise gerekli düzenlemeler yapılarak değişkenler analize hazır hale getirilebilir.

```
## MPV.csv verisini R'a aktaralım.
veri <- read.csv(file = file.choose(), header = TRUE, dec = ".", sep = ",")

head(veri)
str(veri)

summary(veri)
```

##	gozlem_no	grup	yas	boy	agirlik
##	Min. : 1.00	Min. :0.0	Min. :30.00	Min. :1.490	Min. : 52.00
##	1st Qu.:10.75	1st Qu.:0.0	1st Qu.:37.00	1st Qu.:1.597	1st Qu.: 71.25
##	Median :20.50	Median :0.5	Median :40.50	Median :1.630	Median : 82.50
##	Mean :20.50	Mean :0.5	Mean :43.62	Mean :1.653	Mean : 80.98
##	3rd Qu.:30.25	3rd Qu.:1.0	3rd Qu.:50.25	3rd Qu.:1.740	3rd Qu.: 90.25
##	Max. :40.00	Max. :1.0	Max. :61.00	Max. :1.870	Max. :120.00
##					
##	agirlik_3ay	agirlik_6ay	sistolik	diastolik	
##	Min. : 58.00	Min. : 56.00	Min. :100.0	Min. :50	
##	1st Qu.: 74.75	1st Qu.: 74.75	1st Qu.:113.8	1st Qu.:70	
##	Median : 84.00	Median : 84.00	Median :120.0	Median :80	
##	Mean : 82.65	Mean : 82.25	Mean :120.2	Mean :77	
##	3rd Qu.: 90.00	3rd Qu.: 89.75	3rd Qu.:126.2	3rd Qu.:80	
##	Max. :111.00	Max. :110.00	Max. :135.0	Max. :90	

```
## NA's :20      NA's :20
## insulin      glukoz      AST      ALT
## Min. : 3.800   Min. : 52.00   Min. :15.00   Min. : 8.00
## 1st Qu.: 9.307   1st Qu.: 80.00   1st Qu.:21.00   1st Qu.: 18.75
## Median :12.685   Median : 87.50   Median :30.00   Median : 43.00
## Mean :15.764   Mean : 89.08   Mean :36.48   Mean : 49.88
## 3rd Qu.:20.762   3rd Qu.: 95.00   3rd Qu.:44.50   3rd Qu.: 67.75
## Max. :61.870   Max. :121.00   Max. :97.00   Max. :160.00
##
## MPV      miRNA197      miRNA146b      miRNA10b
## Min. : 7.500   Min. :0.120   Min. :0.1100   Min. : 0.040
## 1st Qu.: 8.375   1st Qu.:0.210   1st Qu.:0.2275   1st Qu.: 0.175
## Median : 8.850   Median :0.680   Median :0.6050   Median : 0.735
## Mean : 9.080   Mean :1.029   Mean :1.1315   Mean : 2.125
## 3rd Qu.: 9.650   3rd Qu.:1.567   3rd Qu.:1.5850   3rd Qu.: 1.738
## Max. :12.000   Max. :4.320   Max. :4.2300   Max. :27.550
##
## miRNA181d
## Min. : 0.030
## 1st Qu.: 0.100
## Median : 0.655
## Mean : 1.125
## 3rd Qu.: 1.085
## Max. :13.150
##
```

Temel Satır/Sütun İşlemleri

```
# Sütun/Satır silme
veri[-1, ] ## İlk satırın silinmesi
veri[-c(1:5), ] # İlk 5 satırın silinmesi
veri[-c(1,3,5,24), ] # 1, 3, 5 ve 24. satırların silinmesi

veri[ ,-2] # İkinci satırın silinmesi
veri[ ,-"adsoyad"] # Hatanın sebebi???

# Satır sıralama
?order
?sort

veri[order(veri$gozlemno), ]
```

Veri Bölme/Birleştirme

- Veri bölme işlemi `split` komutu ile yapılır.
- Veri birleştirme işlemi ise amaca göre `c`, `rbind`, `cbind`, `merge`, `append` gibi farklı fonksiyonlar kullanılarak yapılabilir.

Soru: MPV veri setini cinsiyete göre iki parçaya ayırınız.

```
?split

veri.split <- split(veri, veri$cinsiyet)
class(veri.split) # Liste olarak bölünmüş veriler saklanır. Listenin her bir
```

```
# elemanı bir cinsiyet grubuna ait verileri saklamaktadır.
```

```
names(veri.split)
names(veri.split) <- c("Kadın", "Erkek") # 0: Kadın, 1: Erkek
```

Soru: Cinsiyete göre bölünmüş olan MPV veri setini tekrar birleştiriniz.

```
?rbind
?dplyr::bind_rows

veri_full <- NULL
for (i in 1:length(veri.split)){
  veri_full <- rbind(veri_full, veri.split[[i]])
}

veri_full <- bind_rows(veri.split, .id = "ID") # .id sütunu??
```

Veri Filtreleme

- Satır filtreleme (Gözlem Filtreleme): `filter`
- Sütun filtreleme (Değişken Filtreleme): `select`
- MPV veri setinde yaşı 100 üzerinde olan hastaları seçelim:

```
library(dplyr)
veri100 <- filter(veri, yas > 100)
head(veri100)
```

```
##   gozlemno  adsoyad grup cinsiyet yas   wbc notrofil lenfosit  PDW Platelet
## 1      8   batuhan    1         0 144  5730      2600    2450 36.9   164000
## 2     15     büşra    1         1 168  4800      2000    2100 39.4   273000
## 3     68   umut bı    1         0 108 19900     16000    3200 40.5   493000
## 4     69   nida kö    1         1 120  9600      4600    4200 35.9   320000
## 5     80 Oktay M?    1         0 120  9160      7930     930 45.9   275000
## 6     84   Nurşani    1         0 192  4920      2560    1740 37.0   176000
##   RDW  MPV  OS Exitus DFS Nuks  sekel
## 1 13.6 11.3 57      0  47    1      1
## 2 13.0  7.8 38      1  38    0      1
## 3 12.9  6.8 25      0  25    0      0
## 4 14.0  6.6 26      0  26    0      1
## 5 12.8  9.4  1      0   1    0      1
## 6 13.5  8.4 40      0  40    0      1
```

```
dim(veri100)
```

```
## [1] 38 17
```

- Yaşı 40 ile 80 arasında olan hastaları seçelim:

```
# veri40_80 <- filter(veri, <koşul>)
```

- `grup`, `yas` ve `cinsiyet` değişkenlerini seçelim:

```
?select

veri.subset <- select(veri, one_of("yas", "grup", "cinsiyet"))
veri.subset <- veri[,c("yas", "grup", "cinsiyet")]
```



```
# İçerisinde W harfi bulunan tüm değişkenleri seçelim.
select(veri, contains("w"))

# p veya P ile başlayan tüm değişkenler
select(veri, starts_with("p", ignore.case = TRUE))
```

Yeni Değişken Oluşturma ve Mevcut Değişkeni Dönüştürme

dplyr ve magrittr Paketleri İle Veri Düzenleme

Soru: MPV verisi için Notrofil Lenfosit Oranı ve Platelet'in logaritmasını yeni bir değişken olarak hesaplayalım.

```
library(magrittr)
library(dplyr)

file.loc <- "data/MPV.csv"
veri <- read.csv(file = file.loc, header = TRUE, dec = ".", sep = ",")
veri.yedek <- veri

# Yöntem 1:
NLR <- veri$notrofil / veri$lenfosit
logPlat <- log(veri$Platelet)

veri[, "NLR"] <- NLR
veri[, "logPlat"] <- logPlat

# Yöntem 2:
veri2 <- mutate(veri.yedek, NLR = notrofil / lenfosit, logPlat = log(Platelet))

veri.yedek %>%
  mutate(
    NLR = notrofil / lenfosit,
    logPlat = log(Platelet)
  )

# Yöntem 3:
# with() ve within() fonksiyonlarının kullanılması

NLR <- with(veri.yedek, notrofil / lenfosit)
logPlat <- with(veri.yedek, log(Platelet))

veri[, "NLR"] <- NLR
veri[, "logPlat"] <- logPlat

veri <- veri.yedek
veri2 <- within(veri, {
  NLR <- notrofil / lenfosit
  logPlat <- log(Platelet)
})
```

- Cinsiyet değişkenini 0: Erkek, 1: Kadın olacak şekilde yeniden kodlayalım. Yeni değişken iki kategorili bir kategorik değişken (factor) olarak kaydedilecek.

```
recode(veri$cinsiyet, '0' = 'Kadın', '1' = 'Erkek')
recode_factor(veri$cinsiyet, '0' = 'Kadın', '1' = 'Erkek')
```

Yaş dağılımını aşağıdaki şekilde gruplandıralım:

- 0-17 yaş arası: ERGEN
- 18-65 yaş arası: GENÇ
- 66-79 yaş arası: ORTA YAŞ
- 80+ yaş arası: YAŞLI

```
# car paketinde yer alan 'Recode' fonksiyonu yardımı ile.
yas_grup <- car::Recode(veri$yas, "0:17 = 'Ergen'; 18:65 = 'Genç';
                           66:79 = 'OrtaYaş'; 80:Inf = 'Yaşlı'")
veri[, "YasGrup"] <- factor(yas_grup,
                           levels = c("Ergen", "Genç", "OrtaYaş", "Yaşlı"))

# dplyr paketinde case_when(...) yardımı ile.
veri <- veri %>%
  mutate(
    YasGrup = case_when(
      between(yas, 0, 17) ~ "Ergen",
      between(yas, 18, 65) ~ "Genç",
      between(yas, 66, 79) ~ "OrtaYaş",
      TRUE ~ "Yaşlı"
    )
  )
```

UYGULAMA: MPV verisinde RDW değeri 15'in altında olan Kadın hastalar ile RDW değeri 14'ün altında olan Erkek hastalar **A grubuna** diğer hastalar ise **B grubuna** ayrılacak şekilde bir ABGrup değişkeni oluşturunuz.

Tekrarlı Ölçümlerde Alt Alta ve Yan Yana girilmiş Veri Yapıları

- Bir değişkenin ölçümleri zaman içerisinde birden fazla noktada tekrarlı olarak alınabilir.
- Tekrarlı alınan ölçümler iki farklı veri yapısına göre kaydedilebilir.
 - **Wide:** Her satır bir gözlemi temsil eder ve tekrarlı ölçümlerin her biri ayrı sütunlara girilir.
 - **Long:** Her sütun bir değişkeni temsil eder ve tekrarlı ölçümlerin her biri alt alta girilir. Bu durumda kişilere ayrı ayrı kişi numaraları verilerek kişilerin ölçüm değerleri birbirinden ayrı tutulur.
- **Veri Seti:** Pharmacokinetics of Indomethacin (Indometh)
- **Dosya Formatı:** R Tarafından Sağlanan Hazır Veri (?data)
 - **Subject:** Gözlem numaraları
 - **time:** ölçüm zamanı (saat).
 - **conc:** kandaki indometacin konsantrasyonu (mcg/ml).

```
data("Indometh")
head(Indometh, 20)
```

```
##      Subject time conc
## 1         1 0.25 1.50
## 2         1 0.50 0.94
## 3         1 0.75 0.78
## 4         1 1.00 0.48
## 5         1 1.25 0.37
## 6         1 2.00 0.19
## 7         1 3.00 0.12
## 8         1 4.00 0.11
## 9         1 5.00 0.08
```

```
## 10      1 6.00 0.07
## 11      1 8.00 0.05
## 12      2 0.25 2.03
## 13      2 0.50 1.63
## 14      2 0.75 0.71
## 15      2 1.00 0.70
## 16      2 1.25 0.64
## 17      2 2.00 0.36
## 18      2 3.00 0.32
## 19      2 4.00 0.20
## 20      2 5.00 0.25
```

```
?reshape
```

```
wide <- reshape(Indometh, v.names = "conc", idvar = "Subject",
                timevar = "time", direction = "wide")
```

```
head(wide)
```

```
long <- reshape(wide, idvar = "Subject", varying = list(2:12),
                v.names = "conc", direction = "long")
```

```
head(long)
```