powered by *R programming*

Introducción general al uso de R - Clase 03 -

minolicnp@gmail.com

Ignacio Minoli *pwp*

Observatorio de Biodiversidad del Bosque Atlántico (OBBA)
Instituto de Biología Subtropical (IBS) - CONICET - UNaM.

Pipes: Historia

- Son operadores que permiten expresar múltiples operaciones o funciones en forma secuencial.
- En 2012 chain(). Hadley Wickham en 2013 pipe **%.%** . Incluído en library(**dplyr**).
- En 2013 se publica el paquete **magrittr** ya con el pipe **%>%** . Fusión en 2014 con los paquetes de Hadley Wickham.
- En 2014 pipe::**%>>%**. En 2018 wrapr::**%.>%**.
- En 2016 se trató de usar el R Base para poder tener un pipe nativo.
- En 2016 el paquete **magrittr** comenzó a desarrollar su pipe **%>%** en C para aumentar la velocidad y converger hacia un pipe nativo.
- A fines del 2020 nació el pipe nativo de R Base **|>** , pero recién llegó a ser incluído en la versión de Mayo del 2021.

Diferencias pipes

- Utilizando **%>%**

```
        library(magrittr)
        1:10 %>% mean()
```

```
[1] 5.5
```

```
        1:10 %>% mean
```

```
[1] 5.5
```

- Utilizando **|>** ... es equivalente a esto?

```
        1:10 |> mean()
        1:10 |> mean
```

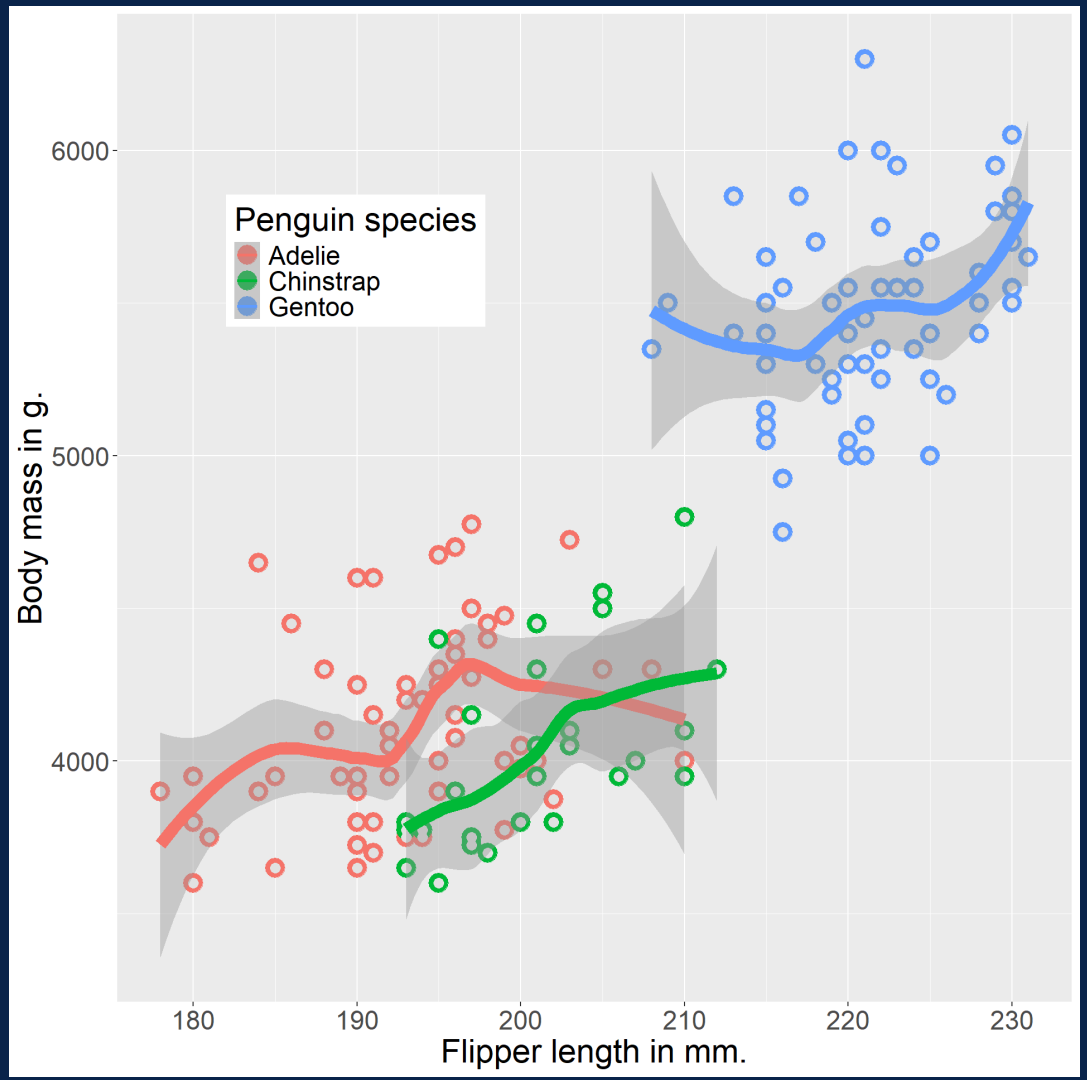
```
Error: The pipe operator requires a function call as RHS (<text>:2:9)
```

- Hay algunas diferencias. Los Pipes pasan elementos de la izquierda (lhs. left-hand side) como el 1er argumento a la derecha (rhs. right-hand side).

Diferencias pipes

```r
# Con pipes %>%
library(dplyr)
library(ggplot2)

fig <- palmerpenguins::penguins %>%
  filter(sex == "male") %>%
  filter(body_mass_g > 3550) %>%
  ggplot(aes(flipper_length_mm,
      body_mass_g, size=I(4),
      color = factor(species))) +
  geom_point(aes(colour = factor(species
      size = 6) +
  geom_point(colour = "grey90",
      size = 3) +
  geom_smooth(formula = y ~ x,
      method = "loess") +
  guides(color = guide_legend(
      title = "Penguin species")) +
  theme(legend.position = "inside",
      legend.position.inside =  c(.25, .
      text = element_text(
      size = 22)) +
  labs(x = "Flipper length in mm.",
       y = "Body mass in g.")
```

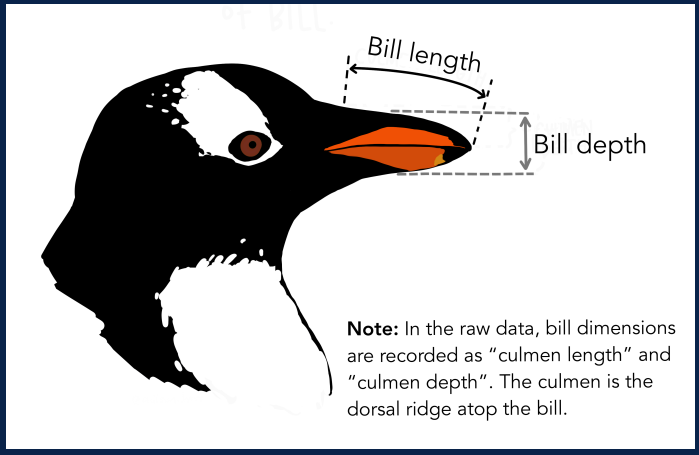


Diferencias pipes

- ¿Qué ocurre? ¿Error?

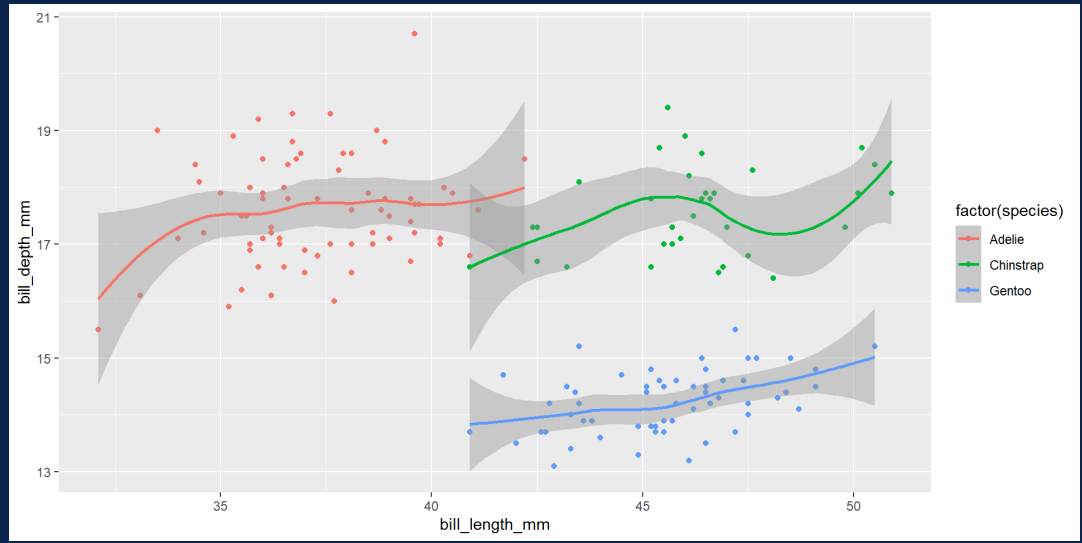
```
palmerpenguins::penguins |>
  dplyr::filter(sex == "female") |>
  dplyr::filter(bill_length_mm < 55) |>
  ggplot2::qplot(x = bill_length_mm,
                 y = bill_depth_mm,
                 geom=c("point"),
                 color = factor(species)
                 data = .) +
  geom_smooth(formula = y ~ x,
              method = "loess")
```

```
Error in eval(expr, envir, enclos): object '.'
not found
```



- ¿Cual es la diferencia?

```
palmerpenguins::penguins %>%
  dplyr::filter(sex == "female") %>%
  dplyr::filter(bill_length_mm < 55) %>%
  ggplot2::qplot(x = bill_length_mm,
                 y = bill_depth_mm,
                 geom=c("point"),
                 color = factor(species),
                 data = .) +
  geom_smooth(formula = y ~ x,
              method = "loess")
```



Opciones en Pipes

- Utilizar los pipes puede reducir el número de objetos en la sesión y disminuye el uso de recursos en el workspace.
- Uso más frecuente:
    * Subsets
    * Exploración de objetos
    * Estadísticas de resumen
- Manipulación de datos:
    * Reordenar set de datos
    * Cambio de formatos
    * Creación de nuevas variables
- Unión de data frames o tibbles:
    * Filas
    * Columnas
    * Id
    * Direccionalmente

Exploración de objetos

```
        # Funcion de R base
        str(iris)
```

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

```
        library(dplyr)

        iris %>%
        glimpse()
```

```
Rows: 150
Columns: 5
$ Sepal.Length <dbl> 5.1, 4.9, 4.7, 4.6, 5.0, 5.4, 4.6, 5.0, 4.4, 4.9, 5.4, 4.…
$ Sepal.Width  <dbl> 3.5, 3.0, 3.2, 3.1, 3.6, 3.9, 3.4, 3.4, 2.9, 3.1, 3.7, 3.…
$ Petal.Length <dbl> 1.4, 1.4, 1.3, 1.5, 1.4, 1.7, 1.4, 1.5, 1.4, 1.5, 1.5, 1.…
$ Petal.Width  <dbl> 0.2, 0.2, 0.2, 0.2, 0.2, 0.4, 0.3, 0.2, 0.2, 0.1, 0.2, 0.…
$ Species      <fct> setosa, setosa, setosa, setosa, setosa, setosa, setosa, s…
```

Ejemplos resumen

- ¿Qué es un resumen en un data frame o tibble?

```
# Con R base
summary(iris)
```

```
  Sepal.Length    Sepal.Width     Petal.Length    Petal.Width
Min.   :4.300   Min.   :2.000   Min.   :1.000   Min.   :0.100
1st Qu.:5.100   1st Qu.:2.800   1st Qu.:1.600   1st Qu.:0.300
Median :5.800   Median :3.000   Median :4.350   Median :1.300
Mean   :5.843   Mean   :3.057   Mean   :3.758   Mean   :1.199
3rd Qu.:6.400   3rd Qu.:3.300   3rd Qu.:5.100   3rd Qu.:1.800
Max.   :7.900   Max.   :4.400   Max.   :6.900   Max.   :2.500
       Species
setosa    :50
versicolor:50
virginica :50
```

Ejemplos resumen

```
library(dplyr)

iris %>%
group_by(Species) %>%
summarize(
  mean_size = mean(Petal.Length, na.rm = TRUE),
  n()
)
```

```
# A tibble: 3 × 3
  Species    mean_size `n()`
  <fct>          <dbl> <int>
1 setosa          1.46    50
2 versicolor      4.26    50
3 virginica       5.55    50
```

```
aggregate(data = iris, Petal.Length~Species, FUN = mean)
```

```
     Species Petal.Length
1     setosa        1.462
2 versicolor        4.260
3  virginica        5.552
```

Ejemplos reordenamiento. R base

- Me permite acomodar las filas o columnas de un data frame en un orden deseado.

```
attach(ToothGrowth)

# R base. Orden ascendente a partir de la variable len

new_ToothGrowth <- ToothGrowth[order(len),]
head(ToothGrowth, 3)
```

```
   len supp dose
1  4.2   VC  0.5
2 11.5   VC  0.5
3  7.3   VC  0.5
```

```
head(new_ToothGrowth, 3)
```

```
  len supp dose
1 4.2   VC  0.5
9 5.2   VC  0.5
4 5.8   VC  0.5
```

```
detach(ToothGrowth)
```

Ejemplos reordenamiento. R Base

```
attach(CO2)

# R base. Orden descendente a partir de la variable uptake

new_CO2_inv <- CO2[order(-uptake),]
head(CO2, 3)
```

```
Grouped Data: uptake ~ conc | Plant
  Plant   Type  Treatment conc uptake
1   Qn1 Quebec nonchilled   95   16.0
2   Qn1 Quebec nonchilled  175   30.4
3   Qn1 Quebec nonchilled  250   34.8
```

```
head(new_CO2_inv, 3)
```

```
Grouped Data: uptake ~ conc | Plant
   Plant   Type  Treatment conc uptake
21   Qn3 Quebec nonchilled 1000   45.5
14   Qn2 Quebec nonchilled 1000   44.3
20   Qn3 Quebec nonchilled  675   43.9
```

```
detach(CO2)
```

Ejemplos reordenamiento. dplyr

```
# R dplyr. Orden ascendente a partir de la variable weight
attach(ChickWeight)
library(dplyr)

new_ChickWeight <- ChickWeight %>%
  arrange(weight)
head(ChickWeight, 3) ; head(new_ChickWeight, 3)
```

```
Grouped Data: weight ~ Time | Chick
  weight Time Chick Diet
1     42    0     1    1
2     51    2     1    1
3     59    4     1    1

Grouped Data: weight ~ Time | Chick
  weight Time Chick Diet
1     35    2    18    1
2     39    2     3    1
3     39    0    18    1
```

```
new_ChickWeight_inv <- ChickWeight %>%
  arrange(desc(weight))
head(ChickWeight, 3) ; head(new_ChickWeight_inv, 3)
```

```
Grouped Data: weight ~ Time | Chick
  weight Time Chick Diet
1     42    0     1    1
2     51    2     1    1
3     59    4     1    1

Grouped Data: weight ~ Time | Chick
  weight Time Chick Diet
1    373   21    35    3
2    361   20    35    3
3    341   21    34    3
```

Ejemplos subsets

- Me permite segmentar los datos de acuerdo a lo necesitado.
- Puede realizarse con una selección con operadores por números, por caracteres, por filas, por columnas o con múltiples combinaciones anteriores.
- R base. Puedo 1- seleccionar y/o 2- excluir: variables o filas.
- Estas selecciones con R base pueden hacerse por posición o por nombre.

```
        # Selección variables con R base.
        glimpse(stackloss)
```

```
Rows: 21
Columns: 4
$ Air.Flow   <dbl> 80, 80, 75, 62, 62, 62, 62, 62, 58, 58, 58, 58, 58, 58, 50,…
$ Water.Temp <dbl> 27, 27, 25, 24, 22, 23, 24, 24, 23, 18, 18, 17, 18, 19, 18,…
$ Acid.Conc. <dbl> 89, 88, 90, 87, 87, 87, 93, 93, 87, 80, 89, 88, 82, 93, 89,…
$ stack.loss <dbl> 42, 37, 37, 28, 18, 18, 19, 20, 15, 14, 14, 13, 11, 12, 8, …
```

```
        selec_data <- stackloss[c("Water.Temp", "Acid.Conc.")]
        head(selec_data, 4)
```

```
  Water.Temp Acid.Conc.
1         27         89
2         27         88
3         25         90
4         24         87
```

Ejemplos subsets

- En la familia tidyverse hay básicamente 2 operaciones: **filter** para subsets de filas y **select** para subsets de columnas o variables.
- Con la función filter hay dos opciones principales group_by() y ungroup().
- La funciones y operadores más comunes son: ==, >, >=, &, |, !, xor(), is.na(), between(), near().

```
        # Subset de filas con R familia tidyverse SIN group_by().
        starwars %>%
        filter(mass > mean(mass, na.rm = TRUE)) %>%
        print(n = 3)
```

```
# A tibble: 10 × 14
  name      height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
  <chr>      <int> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
1 Darth Va…    202   136 none       white      yellow          41.9 male  mascu…
2 Owen Lars    178   120 brown, gr… light      blue            52   male  mascu…
3 Chewbacca    228   112 brown      unknown    blue           200   male  mascu…
# ℹ 7 more rows
# ℹ 5 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
#   vehicles <list>, starships <list>
```

Ejemplos subsets

```r
# Subset de filas con R familia tidyverse CON group_by().
starwars %>%
group_by(gender) %>%
filter(mass > mean(mass, na.rm = TRUE)) %>%
print(n = 10)
```

```
# A tibble: 15 × 14
# Groups:   gender [3]
   name      height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
   <chr>      <int> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
 1 Darth V…     202   136 none       white      yellow          41.9 male  mascu…
 2 Owen La…     178   120 brown, gr… light      blue            52   male  mascu…
 3 Beru Wh…     165    75 brown      light      blue            47   fema… femin…
 4 Chewbac…     228   112 brown      unknown    blue           200   male  mascu…
 5 Jabba D…     175  1358 <NA>       green-tan… orange         600   herm… mascu…
 6 Jek Ton…     180   110 brown      fair       blue            NA   <NA>  <NA>
 7 IG-88        200   140 none       metal      red             15   none  mascu…
 8 Bossk        190   113 none       green      red             53   male  mascu…
 9 Ayla Se…     178    55 none       blue       hazel           48   fema… femin…
10 Gregar …     185    85 black      dark       brown           NA   <NA>  <NA>
# ℹ 5 more rows
# ℹ 5 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
#   vehicles <list>, starships <list>
```

Ejemplos cambio de clases

- Puede hacerse con R base: **class()**, **as.numeric()**, **as.factor()**, **as.character()**.

```
        df <- data.frame(var1 = LETTERS[5:10],
                         var2 = as.character(5:10),
                         var3 = as.character(seq(0, 1, 0.2))
                         )
        df
```

```
  var1 var2 var3
1    E    5    0
2    F    6  0.2
3    G    7  0.4
4    H    8  0.6
5    I    9  0.8
6    J   10    1
```

```
        sapply(df, class)
```

```
       var1        var2        var3
"character" "character" "character"
```

Ejemplos cambio de clases

- Con R base

```
        df <- data.frame(clase = LETTERS[5:8],
                         nota = as.character(5:8),
                         indice = as.character(seq(0, 1, 0.33))
                         )
        df
```

```
  clase nota indice
1     E    5      0
2     F    6   0.33
3     G    7   0.66
4     H    8   0.99
```

```
        str(df)
```

```
'data.frame':   4 obs. of  3 variables:
 $ clase : chr  "E" "F" "G" "H"
 $ nota  : chr  "5" "6" "7" "8"
 $ indice: chr  "0" "0.33" "0.66" "0.99"
```

```
        df$indice <- as.numeric(df$indice)
        str(df)
```

```
'data.frame':   4 obs. of  3 variables:
 $ clase : chr  "E" "F" "G" "H"
 $ nota  : chr  "5" "6" "7" "8"
 $ indice: num  0 0.33 0.66 0.99
```

Dialecto tidyverse

- Seleccionar variables con operadores:
  : para selccionar un rango consecutivo de variables. e.g. **1:4**
  c() para combinar selecciones. e.g. **c("a", "b")**
  - para descartar variables (negación). e.g. **-c("var1", "var2")**
  ! para seleccionar un set de variables (no es verdadero). e.g. **!var1**
  & y **|** para seleccionar intersección o unión de un set de 2 variables. Son operadores condicionales **"y" "o"**
- Se complementa con asistentes:
  everything(): para todas las variables (específico de columnas).
  last_col(): selecciona la última variables (específico de columnas).
  starts_with(): comienza con un prefijo (match de patrones en los nombres).
  ends_with(): termina con un sufijo (match de patrones en los nombres).
  contains(): contiene un string literal (match de patrones en los nombres).
  matches(): una expresion regular (match de patrones en los nombres).
  num_range(): un rango numérico (match de patrones en los nombres).

Dialecto tidyverse

```
library(dplyr)
names(starwars)
```

```
 [1] "name"       "height"     "mass"       "hair_color" "skin_color"
 [6] "eye_color"  "birth_year" "sex"        "gender"     "homeworld"
[11] "species"    "films"      "vehicles"   "starships"
```

```
starwars %>%
  select(name:mass) %>%
  head(3)
```

```
# A tibble: 3 × 3
  name           height  mass
  <chr>           <int> <dbl>
1 Luke Skywalker    172    77
2 C-3PO             167    75
3 R2-D2              96    32
```

```
names(iris)
```

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

```
iris %>%
  select(starts_with("Petal") | ends_with("Width")) %>%
  head(3)
```

```
  Petal.Length Petal.Width Sepal.Width
1          1.4         0.2         3.5
2          1.4         0.2         3.0
3          1.3         0.2         3.2
```

Seccionar y concatenar

```
library(dplyr)
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
```

```
mtcars %>% slice(1)
```

```
           mpg cyl disp  hp drat   wt  qsec vs am gear carb
Mazda RX4   21   6  160 110  3.9 2.62 16.46  0  1    4    4
```

```
slice(mtcars, -(1:2)) %>%
  head(., 4)
```

```
                   mpg cyl disp  hp drat    wt  qsec vs am gear carb
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
```

Seccionar y concatenar

```
tail(mtcars, 2)
```

```
               mpg cyl disp  hp drat   wt qsec vs am gear carb
Maserati Bora 15.0   8  301 335 3.54 3.57 14.6  0  1    5    8
Volvo 142E    21.4   4  121 109 4.11 2.78 18.6  1  1    4    2
```

```
nrow(mtcars)
```

```
[1] 32
```

```
mtcars %>%
  slice(31:n())
```

```
               mpg cyl disp  hp drat   wt qsec vs am gear carb
Maserati Bora 15.0   8  301 335 3.54 3.57 14.6  0  1    5    8
Volvo 142E    21.4   4  121 109 4.11 2.78 18.6  1  1    4    2
```

```
palmerpenguins::penguins %>%
  group_by(species) %>%
  arrange(desc(body_mass_g)) %>%
  slice(1:2)
```

```
# A tibble: 6 × 8
# Groups:   species [3]
  species   island bill_length_mm bill_depth_mm flipper_length_mm body_mass_g
  <fct>     <fct>           <dbl>         <dbl>             <int>       <int>
1 Adelie    Biscoe           43.2          19                 197        4775
2 Adelie    Biscoe           41            20                 203        4725
3 Chinstrap Dream            52            20.7               210        4800
4 Chinstrap Dream            52.8          20                 205        4550
5 Gentoo    Biscoe           49.2          15.2               221        6300
6 Gentoo    Biscoe           59.6          17                 230        6050
# ℹ 2 more variables: sex <fct>, year <int>
```

Creación de nuevas variables

- Con R base se pueden crear a partir de la aritmética de vectores.

```
hospital <- c("Garrahan", "Perrando")
pacientes <- c(150, 350)
cost_indv <- c(3.1, 2.5)
df <- data.frame(hospital, pacientes, cost_indv)
df
```

```
  hospital pacientes cost_indv
1 Garrahan       150       3.1
2 Perrando       350       2.5
```

```
# Nueva variable
df$tot_cost <- df$pacientes * df$cost_indv
df$tot_cost
```

```
[1] 465 875
```

```
df
```

```
  hospital pacientes cost_indv tot_cost
1 Garrahan       150       3.1      465
2 Perrando       350       2.5      875
```

Creación de nuevas variables

- Con la familia tidyverse se pueden crear nuevas variables utilizando **mutate()**.

```
tratamiento <- c("Organico", "Agroquimico")
h_planta <- c(150, 350)
cost_indv <- c(3.1, 2.5)
df <- tibble(tratamiento, h_planta, cost_indv)
df
```

```
# A tibble: 2 × 3
  tratamiento h_planta cost_indv
  <chr>          <dbl>     <dbl>
1 Organico         150       3.1
2 Agroquimico      350       2.5
```

```
# Nuevas variables
df_new <- df %>% mutate(
  tot_cost = h_planta * cost_indv,
  tot_cost_3y = tot_cost * 3,
  subsidio = case_when(
    tot_cost_3y > 1500 ~ "Si Corresponde",
    tot_cost_3y < 1500 ~ "No Corresponde"
    )
)
df_new
```

```
# A tibble: 2 × 6
  tratamiento h_planta cost_indv tot_cost tot_cost_3y subsidio
  <chr>          <dbl>     <dbl>    <dbl>       <dbl> <chr>
1 Organico         150       3.1      465        1395 No Corresponde
2 Agroquimico      350       2.5      875        2625 Si Corresponde
```

Unir data frames o tibbles

- Con R base hay varias funciones **rbind()**, **cbind()**, **merge()**, **join()**.

```
Tasa_Disper_A <- c(6.6, 6.7, 8.2)
Camb_Urb <- c(0.2, 0.1, 0.5)
df_habitat <- cbind(Tasa_Disper_A, Camb_Urb)
df_habitat
```

```
     Tasa_Disper_A Camb_Urb
[1,]           6.6      0.2
[2,]           6.7      0.1
[3,]           8.2      0.5
```

```
Tasa_Disper_B <- c(10, 15, 22)
Agr_Fam <- c(100, 150, 300)
df_agr <- cbind(Tasa_Disper_B, Agr_Fam)
df_agr
```

```
     Tasa_Disper_B Agr_Fam
[1,]            10     100
[2,]            15     150
[3,]            22     300
```

```
# Uno las filas del data frame
df_compuesto <- rbind(df_habitat, df_agr)
# No es requisito tener el mismo nro de columnas
df_compuesto %>% head(4)
```

```
     Tasa_Disper_A Camb_Urb
[1,]           6.6      0.2
[2,]           6.7      0.1
[3,]           8.2      0.5
[4,]          10.0    100.0
```

Unir data frames o tibbles

- Con tidyverse **bind_rows()**, **bind_cols()**, **join()**.

```
a <- data.frame(a = 1:2, b = 3:4, c = 5:6)
b <- data.frame(a = 7:8, b = 2:3, c = 3:4, d = 8:9)
# R Base
rbind(a, b)
```

```
Error in rbind(deparse.level, ...): numbers of columns of arguments do not match
```

- ¿Qué pasó? ¿A qué se debe el error? ¿Ideas?
- Otra función que fue muy utilizada es **merge()**.
- Reemplazada por **library(dplyr)** con:
  left_join()
  right_join()
  inner_join()
  full_join()
  semi_join()
  anti_join()

Unir data frames o tibbles

```
# Tidyverse
library(dplyr)
# Une los dos elementos
bind_rows(a, b)
```

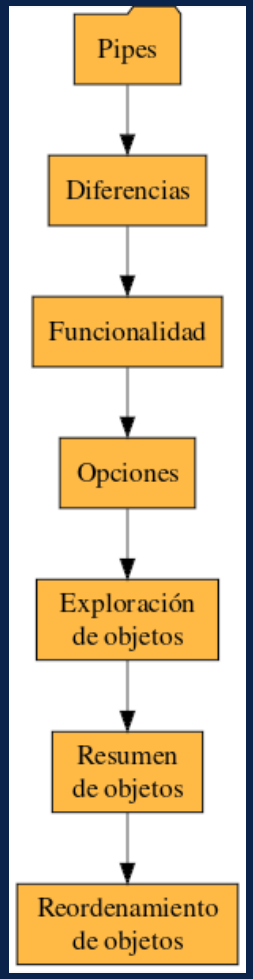
```
  a b c  d
1 1 3 5 NA
2 2 4 6 NA
3 7 2 3  8
4 8 3 4  9
```

```
# Con este argumento puedo ver de que elemento viene cada fila que fue unida
bind_rows(list(a, b), .id = "id")
```

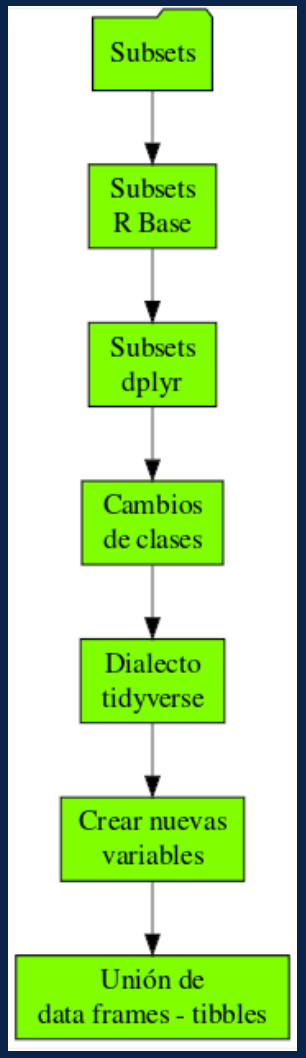
```
  id a b c  d
1  1 1 3 5 NA
2  1 2 4 6 NA
3  2 7 2 3  8
4  2 8 3 4  9
```

Resumen

Estructura, Pipes, Indexación



Subsets, Nuevos df, Nuevas vars



QR - presentación

PDF Presentación: Clase 03 - Teoría

Fin. Clase 03 - Teoría

¡¡¡ Muchas gracias !!!

¿ Preguntas ? ... ¿ Consultas ?