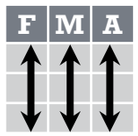
Daten bändigen
mit dplyr und tidyr
Schummelzettel

RStudio

Daten aufräumen - eine Basis der Datenmanipulation in R

In einem aufgeräumten Datensatz:

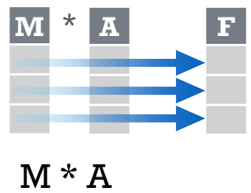


&

Jede **Variable** ist in einer eigenen **Spalte**

Jede **Beobachtung** ist in einer eigenen **Zeile**

Aufgeräumte Daten ergänzen die **vektorisierten Operationen** in R. Beobachtungen (Zeilen) bleiben automatisch erhalten wenn Variablen (Spalten) manipuliert werden. Kein anderes Format hat ein solch intuitives Zusammenspiel mit R.



Syntax - hilfreiche Konventionen zur Formatierung

dplyr::**tbl_df(iris)**

Verwandelt Daten in eine „tbl“ Klasse. Eine „tbl“ (alias Tabelle) ist einfacher einzusehen als ein „data frame“ (alias Datenframe). R zeigt nur die Daten an, die auf den Bildschirm passen:

```
Source: local data frame [150 x 5]

   Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length
1           5.1         3.5          1.4
2           4.9         3.0          1.4
3           4.7         3.2          1.3
4           4.6         3.1          1.5
5           5.0         3.6          1.4
..          ...         ...          ...
Variables not shown: Petal.Width (dbl),
  Species (fctr)
```

dplyr::**glimpse(iris)**

Zusammenfassung der „tbl“ Daten.

utils::**View(iris)**

Zeigt den Datensatz in Tabellenformat an (Großschreibung von V beachten).

iris

Filter

	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
7	4.6	3.4	1.4	0.3	setosa
8	5.0	3.4	1.5	0.2	setosa

dplyr::**%>%**

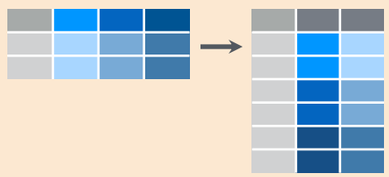
Verwendet das Objekt links vom Symbol als ersten Eingabeparameter (oder **.** Eingabeparameter) der Funtion auf der rechten Seite des Symbols.

`x %>% f(y)` *ist identisch zu* **`f(x, y)`**
`y %>% f(x, ., z)` *ist identisch zu* **`f(x, y, z)`**

Die „Pipe“(alias Verkettung) mit %>% macht den Code lesbarer, z. B.

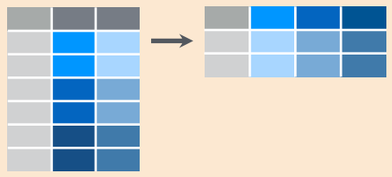
```
iris %>%
  group_by(Species) %>%
  summarise(avg = mean(Sepal.Width)) %>%
  arrange(avg)
```

Daten umformen - verändert das Layout eines Datensatzes



tidyr::**gather(cases, "year", "n", 2:4)**

Spalten als Zeilen zusammenziehen.



tidyr::**spread(pollution, size, amount)**

Zeilen als Spalten ausbreiten.

tidyr::**separate(storms, date, c("y", "m", "d"))**

Eine Spalte in mehrere aufteilen.

tidyr::**unite(data, col, ..., sep)**

Mehrere Spalten zu einer vereinigen.

dplyr::**data_frame(a = 1:3, b = 4:6)**

Vektoren in einem „data frame“ verbinden (optimiert).

dplyr::**arrange(mtcars, mpg)**

Zeilen anhand von Werten in einer Spalte sortieren (von klein nach groß).

dplyr::**arrange(mtcars, desc(mpg))**

Zeilen anhand von Werten in einer Spalte sortieren (von groß nach klein).

dplyr::**rename(tb, y = year)**

Spalten von einem „data frame“ umbenennen.

Beobachtungen (Zeilen) filtern

dplyr::**filter(iris, Sepal.Length > 7)**

Zeilen herausfiltern die eine Bedingung erfüllen.

dplyr::**distinct(iris)**

Duplikate entfernen (zeilenweise).

dplyr::**sample_frac(iris, 0.5, replace = TRUE)**

Bruchteil der Zeilen stichprobenartig auswählen.

dplyr::**sample_n(iris, 10, replace = TRUE)**

n Zeilen stichprobenartig auswählen.

dplyr::**slice(iris, 10:15)**

Zeilen anhand ihrer Position auswählen.

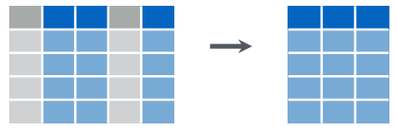
dplyr::**top_n(storms, 2, date)**

Beste n Einträge auswählen und sortieren (nach Gruppe falls die Daten gruppiert sind).

Logik in R - ?Comparison, ?base::Logic

<	kleiner als	`!=`	ungleich
>	größer als	`%in%`	Gruppenzugehörigkeit
==	gleich	`is.na`	ist NA
<=	kleiner gleich	`!is.na`	ist keinNA
>=	größer gleich	`&,|,!,xor,any,all`	boolesche Operatoren

Variablen (Spalten) filtern



dplyr::**select(iris, Sepal.Width, Petal.Length, Species)**

Spalten anhand ihres Namens (oder mittels nachstehend angeführter Hilfsfunktionen) auswählen.

Hilfsfunktionen für select - ?select

select(iris, contains("."))
Spalten auswählen deren Name eine Zeichenkette beinhaltet.

select(iris, ends_with("Length"))
Spalten auswählen deren Name mit einer Zeichenkette ended.

select(iris, everything())
Alle Spalten auswählen.

select(iris, matches(".t."))
Spalten auswählen deren Name mit einem regulären Ausdruck übereinstimmt.

select(iris, num_range("x", 1:5))
Spalten mit den Name x1, x2, x3, x4 und x5 auswählen.

select(iris, one_of(c("Species", "Genus")))
Spalten auswählen deren Namen in einer List mehrerer Namen sind.

select(iris, starts_with("Sepal"))
Spalten auswählen deren Name mit einer Zeichenkette beginnt.

select(iris, Sepal.Length:Petal.Width)
Alle Spalten von Sepal.Length bis Petal.Width (inklusive) auswählen.

select(iris, -Species)
Alle Spalten außer Species auswählen.

Weitere Informationen auf **browseVignettes(package = c("dplyr", "tidyr"))** • dplyr 0.4.0• tidyr 0.2.0 • Update: 1/15

Siehe **devtools::install_github("rstudio/EDAWR")** für Datensätze

Daten zusammenfassen

dplyr::**summarise(iris, avg = mean(Sepal.Length))**
Daten in eine einzelne Zeile zusammenfassen.
dplyr::**summarise_each(iris, funs(mean))**
Zusammenfassungs-Funktion auf jede Spalte anwenden.
dplyr::**count(iris, Species, wt = Sepal.Length)**
Anzahl der Zeilen mit jedem eindeutigen Wert der Variablen (mit oder ohne Gewichtung) zählen.

Summarise verwendet **Zusammenfassungs-Funktionen**, d. h. Funktionen die einen Vektor als Eingabe haben und einen einzelnen Ausgabewert haben, z. B.

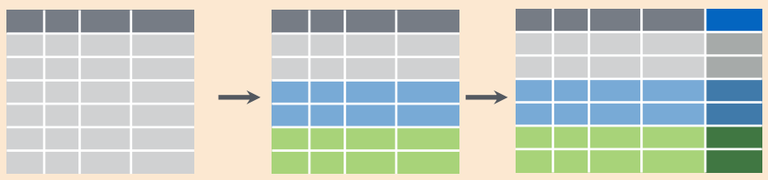
dplyr::**first**
Erster Wert eines Vektors.
dplyr::**last**
Letzter Wert eines Vektors.
dplyr::**nth**
n-ter Wert eines Vektors.
dplyr::**n**
Anzahl der Werte eines Vektors.
dplyr::**n_distinct**
Anzahl der unterschiedlichen Werte eines Vektors.
IQR
Interquartilsabstand eines Vektors.
min
Minimalwert eines Vektors.
max
Maximalwert eines Vektors.
mean
Arithmetisches Mittel eines Vektors.
median
Median eines Vektors.
var
Varianz eines Vektors.
sd
Standardabweichung eines Vektors.

Daten gruppieren

dplyr::**group_by(iris, Species)**
Daten in Zeilen gruppieren, die den selben Wert in Species haben.
dplyr::**ungroup(iris)**
Gruppierung im „data frame“ aufheben.

`iris %>% group_by(Species) %>% summarise(…)`
Separate Zusammenfassung für jede Gruppe berechnen.

`iris %>% group_by(Species) %>% mutate(…)`
Neue Variablen für jede Gruppe berechnen.



Neue Variablen erstellen

dplyr::**mutate(iris, sepal = Sepal.Length + Sepal. Width)**
Neue Spalten berechnen und hinzufügen.
dplyr::**mutate_each(iris, funs(min_rank))**
Fenster-Funktion auf jede Spalte anwenden.
dplyr::**transmute(iris, sepal = Sepal.Length + Sepal. Width)**
Neue Spalten berechnen. Ursprüngliche Spalten entfernen.

Mutate verwendet **Fenster-Funktionen**, d. h. Funktionen die einen Vektor als Eingabe und ebenfalls als Ausgabe haben, z. B.

dplyr::**lead**
Werteverschiebung um 1 nach vorne.
dplyr::**lag**
Werteverschiebung um 1 nach hinten.
dplyr::**dense_rank**
Rangordnung ohne Lücke.
dplyr::**min_rank**
Rangordnung. Kleinerer Rang bei Gleichstand.
dplyr::**percent_rank**
Rangordnung skaliert auf [0, 1].
dplyr::**row_number**
Rangordnung. Erster Wert bekommt den kleineren Rang bei Gleichstand.
dplyr::**ntile**
Vektor in n Behälter aufteilen.
dplyr::**between**
Sind Werte zwischen a und b?
dplyr::**cume_dist**
Summenverteilung
dplyr::**cumall**
Kumulativ alle („**all**“)
dplyr::**cumany**
Kumulativ irgendeines („**any**“)
dplyr::**cummean**
Kumulativer Mittelwert („**mean**“)
cumsum
Kumulative Summe
cummax
Kumulatives Maximum
cummin
Kumulatives Minimum
cumprod
Kumulatives Produkt
pmax
Elementweises Maximum
pmin
Elementweises Minimum

Datensätze zusammenführen

a

x1	x2
A	1
B	2
C	3

+ b

x1	x3
A	T
B	F
D	T

=

Verändernde Verbindung (engl. „join“)

x1	x2	x3
A	1	T
B	2	F
C	3	NA

dplyr::**left_join(a, b, by = "x1")**
Alle Datensätze von **a** mit passenden Datensätzen von **b**.

x1	x3	x2
A	T	1
B	F	2
D	T	NA

dplyr::**right_join(a, b, by = "x1")**
Alle Datensätze von **b** mit passenden Datensätzen von **a**.

x1	x2	x3
A	1	T
B	2	F

dplyr::**inner_join(a, b, by = "x1")**
Schnittmenge beider Datensätze. Beinhaltet nur Zeilen die in beiden Datensätzen vorkommen.

x1	x2	x3
A	1	T
B	2	F
C	3	NA
D	NA	T

dplyr::**full_join(a, b, by = "x1")**
Alle Datensätze von **a** und **b**. Ihre Schnittmenge wird zusammengefasst.

Filternde Verbindung

x1	x2
A	1
B	2

dplyr::**semi_join(a, b, by = "x1")**
Alle Zeilen von **a** mit Übereinstimmung in **b**.

x1	x2
C	3

dplyr::**anti_join(a, b, by = "x1")**
Alle Zeilen von **a** ohne Übereinstimmung in **b**.

y

x1	x2
A	1
B	2
C	3

+ z

x1	x2
B	2
C	3
D	4

=

Mengen-Operation

x1	x2
B	2
C	3

dplyr::**intersect(y, z)**
Schnittmenge, d. h. Zeilen die in beiden Datensätzen vorkommen.

x1	x2
A	1
B	2
C	3
D	4

dplyr::**union(y, z)**
Vereinigungsmenge, d. h. Zeilen die in einem oder beiden Datensätzen vorkommen.

x1	x2
A	1

dplyr::**setdiff(y, z)**
Differenzmenge/Restmenge/Komplement, d. h. Zeilen von **y** die nicht in **z** vorkommen.

Verbindung

x1	x2	x1	x2
A	1	B	2
B	2	C	3
C	3	D	4

dplyr::**bind_cols(y, z)**
z neben **y** als neue Spalten anfügen.
Achtung: Zeilen anhand ihrer Position bestimmt!

x1	x2
A	1
B	2
C	3
B	2
C	3
D	4

dplyr::**bind_rows(y, z)**
z unterhalb von **y** als neue Zeilen anfügen.

Übersetzt von Lucia Gjeltema • rtpanalysts.org

Siehe **devtools::install_github("rstudio/EDAWR")** für Datensätze