R 语言编程：基于 tidyverse

第 19 讲　描述性统计

张敬信

2022 年 3 月 20 日

哈尔滨商业大学

R 语言就是因统计分析而生的编程语言，可以很方便地完成各种统计计算、统计模拟、统计建模等。

统计学是关于数据的科学，是一套有关数据收集整理（获取及预处理数据）、描述统计（汇总、图表描述）、分析推断（选择适当的统计方法研究数据，并从数据中提取有用信息进而得出结论）的方法。

描述性统计，主要是通过计算汇总统计量、绘制统计图来描述数据。

一. 若干概念

1. **随机变量**

当一件事情的结果无法预料时，就叫随机现象。表示随机现象一组结果的变量就是**随机变量**。

比如说，调查了 100 个人的身高，这 100 个身高的数据是随机变量身高的数据。并不是说这些身高值是不固定可变的，而是这 100 个身高值是一次调查的结果，再调查 100 个人就是另一组不同的 100 个身高值。

2. 概率分布

随机变量既然是这样随机的，还有必要研究它吗？有必要！因为把多个随机结果放在一起的时候，能发现一定的规律性。比如 100 人的身高可能对称地分布在 175cm 附近，离得越远人数越少，即表现出一种正态分布规律性。

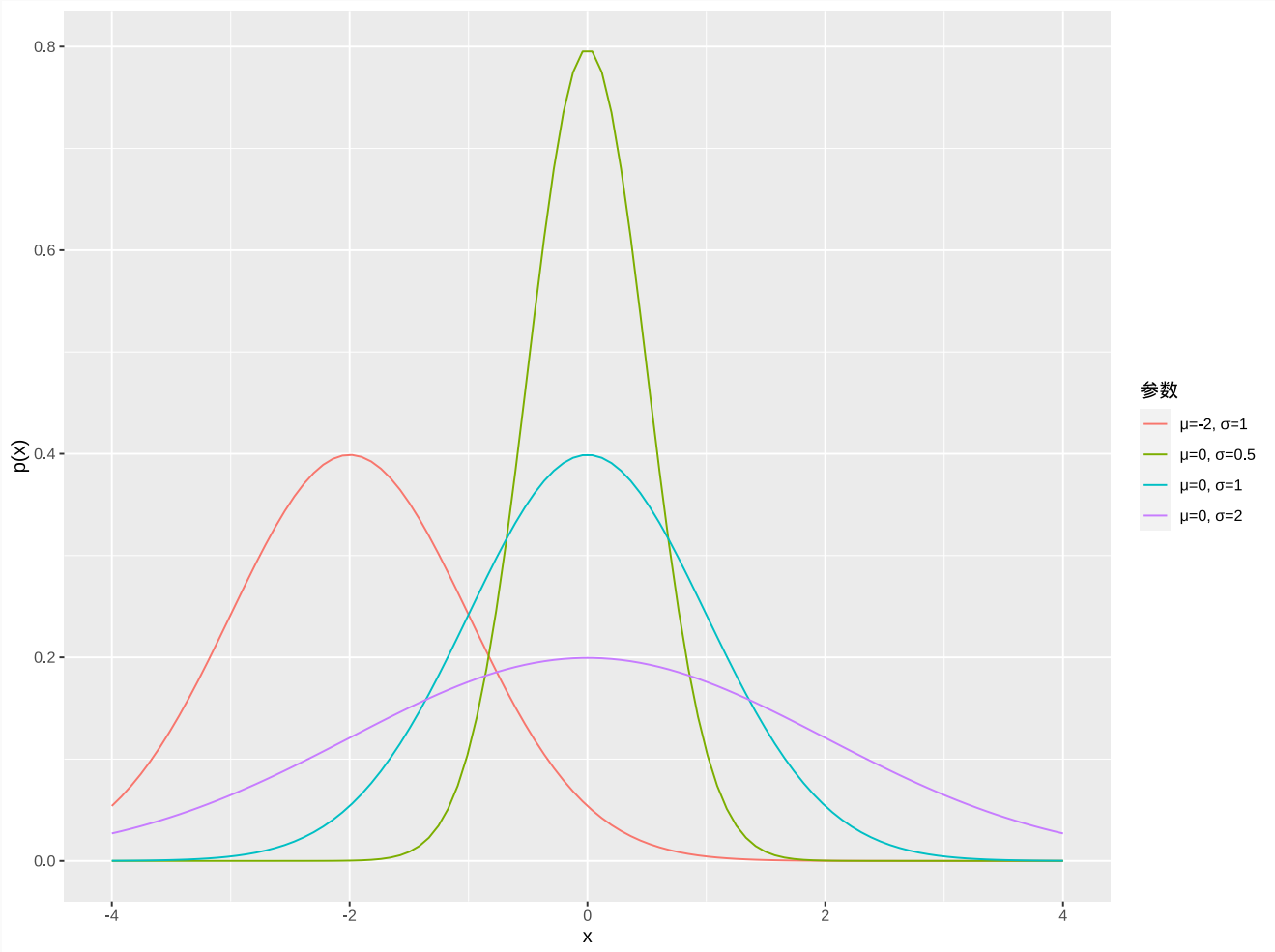
随机现象五花八门，但每一种随机现象表现出来的规律性是固定的，用数学语言表达出来就是**概率分布**。所以，不同概率分布就是不同随机现象规律性的数学描述。

同一种概率分布，也不是都相同，这是由不同参数值决定和区分的。

统计学最常用到四大概率分布：正态分布、t 分布、卡方分布、F 分布。

比如正态分布 $N(\mu, \sigma^2)$, μ 和 σ 就是参数，它们只要取不同值，就是不同的分布形状：

```
library(tidyverse)
tibble(
  x = seq(-4,4,length.out = 100),
  `μ=0, σ=0.5` = dnorm(x, 0, 0.5),
  `μ=0, σ=1` = dnorm(x, 0, 1),
  `μ=0, σ=2` = dnorm(x, 0, 2),
  `μ=-2, σ=1` = dnorm(x, -2, 1)
) %>%
  pivot_longer(-x, names_to = " 参数",
               values_to = "p(x)") %>%
  ggplot(aes(x, `p(x)`, color = 参数)) +
  geom_line()
```


0.8
0.6
0.4
0.2
0.0
p(x)
-4
-2
0
2
4
x
参数
μ=-2, σ=1
μ=0, σ=0.5
μ=0, σ=1
μ=0, σ=2

3. 概率论与数理统计

概率论就是研究随机现象规律性，即各种概率分布及性质的理论。数理统计所研究的数据是带有随机性的，所以就需要借助概率论中的概率分布理论加以描述和做出统计推断。所以说：

概率论是数理统计的理论基础，数理统计是概率论的一种应用

4. 区分数据类型

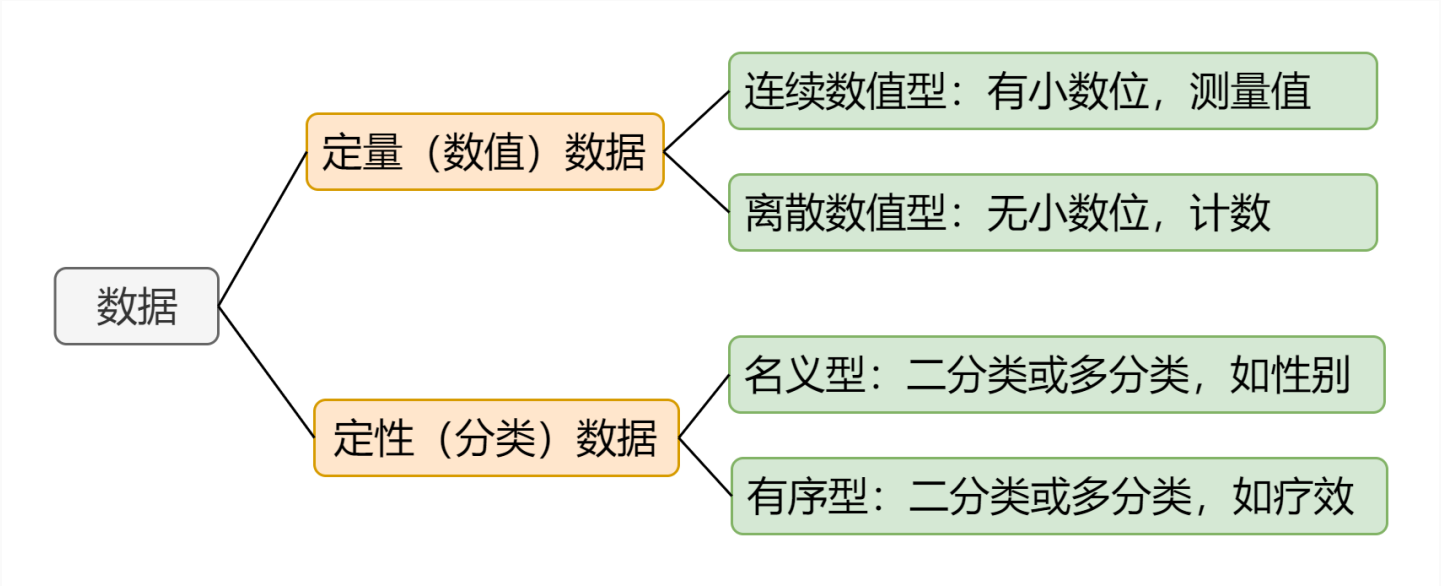


图 1: 常见的数据类型

区分数据类型非常有必要，因为不同数据类型适用的统计分析方法是不同的！

5. 总体和样本

- **总体** (population)：是包含所研究的全部个体（数据）的集合。
- **样本** (sample)：从总体中抽取的一部分个体的集合，样本包含个体的数目称为样本量。

抽样的目的是根据样本数据提供的信息推断总体的特征，或者说，用样本统计量推断总体参数。

比如，要研究哈尔滨市成年男性的身高，则所有哈尔滨市成年男性的身高数据就是总体，但实际上不可能把所有这些身高都测量一遍，只能是随机抽取一部分，比如 100 人，测得身高数据，这就是样本，样本量是 100。

抽样调查结果的可靠性不在于样本数量大不大（当然也不能太少），更主要的是科学抽样，使样本足够代表总体。

身高数据大致服从正态分布，所有哈尔滨市成年男性身高的均值 μ 和标准差 σ，就是总体参数。用样本的 100 人的平均身高作为 μ 的估计，就是用样本统计量推断总体参数。

6. 参数与统计量

- **参数** (parameter)：用来描述总体特征的概括性值，是研究者想要了解的总体的某种特征值，如总体均值 (μ)、总体方差 (σ^2)、总体比例 (π) 等。
- **统计量** (statistic)：是用来描述样本特征的概括性数字度量，是根据样本数据计算出来的量，由于抽样是随机的，因此统计量是样本的函数。与上面总体参数对应的统计量是样本均值 ($\bar{x}$)、样本标准差 (s^2)、样本比例 (p) 等。

由于总体数据通常是不知道的，故参数是未知常数。所以才进行抽样，根据样本计算出相应统计量值去估计总体参数值。

二. （样本）统计量

1. **数据位置的统计量**

(1) **均值** (Mean)

均值，度量数据分布的中心位置：

$$\bar{x} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} x_i$$

(2) **中位数** (Median)

中位数，是位于最中间的那个数据，比中位数大和小的数据各占观测值的一半。先将数据从小到大排序为：$x_{(1)}, \cdots, x_{(n)}$，然后计算：

$$x_{0.5} = \begin{cases} x_{\left(\frac{n+1}{2}\right)}, & n \text{ 为奇数} \\ \frac{1}{2}\left(x_{\left(\frac{n}{2}\right)} + x_{\left(\frac{n}{2}+1\right)}\right), & n \text{ 为偶数} \end{cases}$$

中位数的优点是具有稳健性，即不受个别极端数据的影响。一般来说，正态分布的数据用均值描述，偏态分布的数据最好是用中位数描述。比如，人均工资有被平均了的感觉，中位数工资才是更合适的中间收入。

(3) **分位数** (Quantile)

中位数是 0.5 分位数，位于 0.5 位置的数。

0.25 分位数，称为下四分位数 (Q1), 是位于 0.25 那个位置的数，即比它小的数占比是 0.25, 比它大的数占比是 0.75.

0.75 分位数，称为上四分位数 (Q3).

更一般地，p **分位数**，是位于 p 位置的数，即比它小的数占比是 p, 比它大的数占比是 $1-p$. 或者说 np 的数比它小，$n(1-p)$ 的数比它大。

(4) **众数** (Mode)

众数，是观测值中出现次数最多的数，对应分布的最高峰。众数常用于分类数据，即出现频数最高的值。

R 实现：

- `mean(x)`: 计算数值向量 `x` 的均值
- `median(x)`: 计算数值向量 `x` 的中位数
- `quantile(x, p)`: 计算数值向量 `x` 的 `p` 分位数
- `rstatix::get_mode(x)`: 计算向量 `x` 的众数

(1) **极差** (Range)

极差，就是数据中的最大值和最小值之差。

(2) **四分位距** (Interquartile Range)

四分位距，是上下四分位数之差，即

$$IQR = Q3 - Q1$$

(3) **样本方差** (Variance)

$$s^2 = \frac{1}{n-1}\sum_{i=1}^{n}|x_i - \bar{x}|^2$$

注意，分母除的是 $n-1$, 这是为了保证用样本方差估计总体方差时，得到的是无偏估计。

这个 $n-1$ 也是自由度，在统计学中，几乎所有方法、所有统计量都会涉及自由度。**自由度**，是计算样本统计量时能够自由取值的数值的个数。

总体方差公式（除以 n）时，是 n 个样本自由地从总体里抽取。但是样本方差公式时多了一个约束条件，它们的和除以 n 必须等于样本均值 $\bar{x}$，所以自由度 n 减去 1 个约束条件对自由度的损失，等于 $n-1$.

不同统计方法的自由度都不一样，但基本原则是每估计 1 个参数，就需要消耗 1 个自由度。

以回归分析为例，若有 m 个自变量，则需要估计 $m+1$ 个参数（包含截距项），所以模型的 F 检验用到的自由度是 $n-(m+1)$. 这意味着只剩下 $n-(m+1)$ 个可以自由取值的数值用来估计模型误差。

(4) **样本标准差** (Standard Deviation)

样本方差的平方根即为标准差 s. 标准差的量纲与原数据一致。

(5) **变异系数** (Coefficient of Variation)

变异系数，是将标准差占均值的百分比，可用于比较不同量纲数据的分散性：

$$c_v = \frac{s}{\bar{x}} \quad (\%)$$

R 实现：

- `max(x)-min(x)`: 计算数值向量 `x` 的极差
- `IQR(x)`: 计算数值向量 `x` 的四分位距
- `var(x)`: 计算数值向量 `x` 的样本方差
- `sd(x)`: 计算数值向量 `x` 的样本标准差
- `100*sd(x)/mean(x)`: 计算数值向量 `x` 的变异系数

(1) **偏度** (Skewness)

偏度，刻画数据是否对称的指标：

$$SK = \frac{n}{(n-1)(n-2)} \sum_{i=1}^{n} \left(\frac{x_i - \bar{x}}{s}\right)^3$$

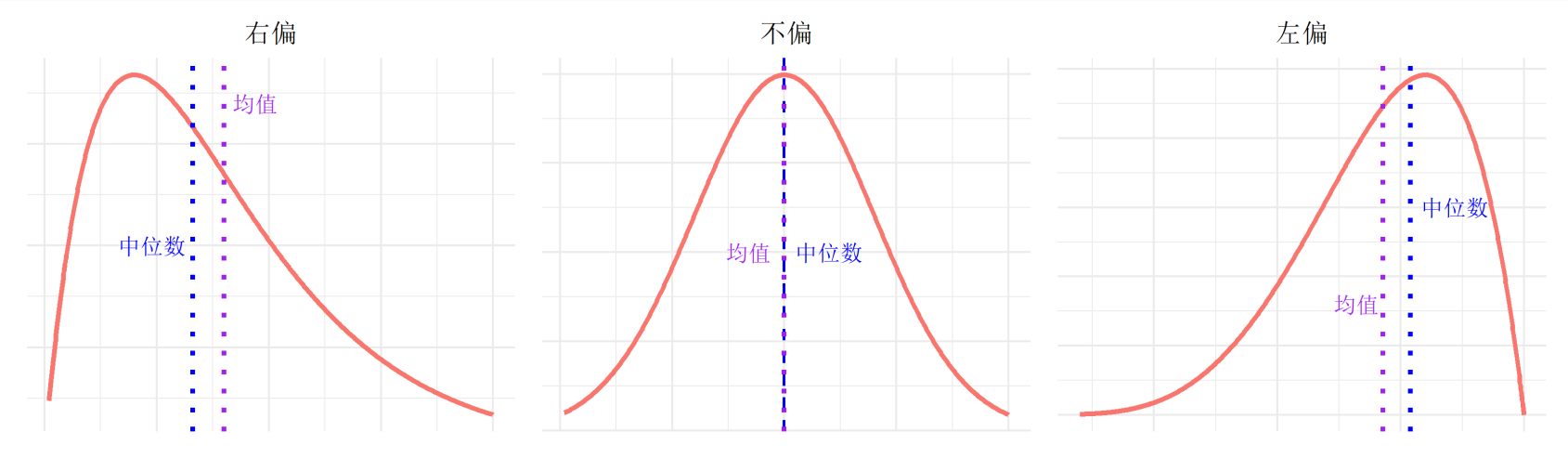


图 2: 数据的三种偏态

关于均值对称的数据不偏，其偏度为 0；右拖尾的数据是右偏，其偏度为正；左拖尾的数据是左偏，其偏度为负。

(2) **峰度** (Kurtosis)

峰度，刻画数据是否尖峰的指标：

$$K = \frac{n(n+1)}{(n-1)(n-2)(n-3)} \sum_{i=1}^{n} \left(\frac{x_i - \bar{x}}{s} \right)^4 - \frac{3(n-1)^2}{(n-2)(n-3)}$$

峰度是以标准正态分布为基准，标准正态分布的峰度为 0; 尖峰薄尾的分布峰度为正；平峰厚尾的分布峰度为负。

`datawizard` 包提供了 `skewness()` 和 `kurtosis()` 函数分别计算偏度和峰度。

- 很多包提供了同时对多个变量进行（分组）描述汇总所有常见统计量的函数，其中 tidy 风格的是 rstatix::get_summary_stats() 和 dlookr::describe().

```
library(rstatix)
iris %>%
  group_by(Species) %>%
  get_summary_stats(type = "full")
#> # A tibble: 12 x 14
#>   Species variable      n   min   max median    q1    q3
#>   <fct>   <chr>     <dbl> <dbl> <dbl>  <dbl> <dbl> <dbl> <
#> 1 setosa  Petal.Le~    50   1     1.9    1.5   1.4  1.58 0
#> 2 setosa  Petal.Wi~    50   0.1   0.6    0.2   0.2  0.3  0
#> 3 setosa  Sepal.Le~    50   4.3   5.8    5     4.8  5.2  0
#> # ... with 9 more rows, and 2 more variables: se <dbl>, ci
```

三. 统计图

描述统计是从不同方面对数据做了概要，想要进一步了解和探索数据，离不开绘制统计图。不同类型的数据，适用不同类型的统计图。

1. **分类数据的统计图**

(1) **条形图** (Histogram)

条形图是最常用的类别比较图，是用竖直（或水平）的条形展示分类变量的分布（频数），条形的高度代表频数。

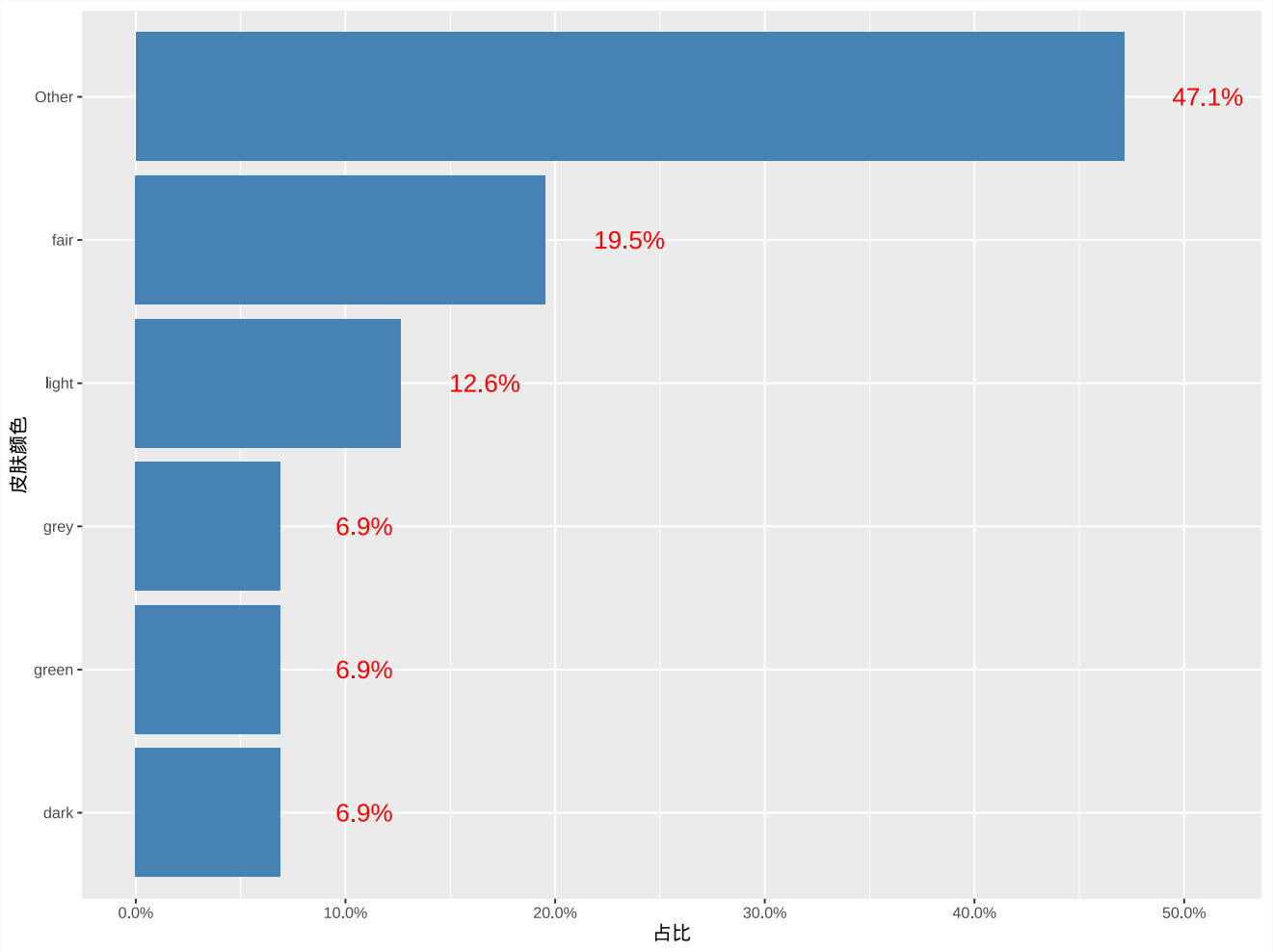
- `geom_bar()`: 对原始数据绘制条形图
- `geom_col()`: 对汇总频数/频率的数据用绘制条形图

以 starwars 数据集 skin_color 绘制条形图为例：

- 用 fct_lump() 将频数 ≤ 5 的类别做了合并
- 分组汇总，计算各组频数和频率
- 绘制条形图，将分类变量 skin_color 按频率做了因子重排序，实现了对”条形”排序
- 在条形旁边增加文字注释，标记该条形所占百分比
- 翻转坐标轴，变成水平条形图

```r
df = starwars %>%
  mutate(skin_color = fct_lump(skin_color, n = 5)) %>%
  count(skin_color, sort = TRUE) %>%
  mutate(p = n / sum(n))
df
#> # A tibble: 6 x 3
#>   skin_color     n     p
#>   <fct>      <int> <dbl>
#> 1 Other         41 0.471
#> 2 fair          17 0.195
#> 3 light         11 0.126
#> # ... with 3 more rows
```

```r
ggplot(df, aes(fct_reorder(skin_color, p), p)) +
  geom_col(fill = "steelblue") +
  # 同 geom_bar(stat = "identity")
  scale_y_continuous(labels = scales::percent) +
  labs(x = " 皮肤颜色", y = " 占比") +
  geom_text(aes(y = p + 0.04,
                label = str_c(round(p*100,1), "%")),
            size = 5, color = "red") +
  coord_flip()
```


Other
fair
light
grey
green
dark
47.1%
19.5%
12.6%
6.9%
6.9%
6.9%
皮肤颜色
0.0%
10.0%
20.0%
30.0%
40.0%
50.0%
占比

(2) 饼图

饼图，是用每个扇形的圆心角大小表示每部分所量所占的比例，注意饼图很难去精确比较不同部分的大小。

Hadley 认为饼图可以通过极坐标变换得到，没有提供绘制饼图的几何对象，另外从展示分类数据角度来说，饼图也不是一个好的选择。

注：饼图模板案例见第 17 讲。

2. 连续数据的统计图

(1) 直方图

连续数据常用直方图来展示变量取值的分布，利用直方图可以估计总体的概率密度。

将变量取值的范围分成若干区间。直方图是用面积而不是用高度来表示数，总面积是 100%. 每个区间矩形的面积恰是落在该区间内的百分数（频率），所以

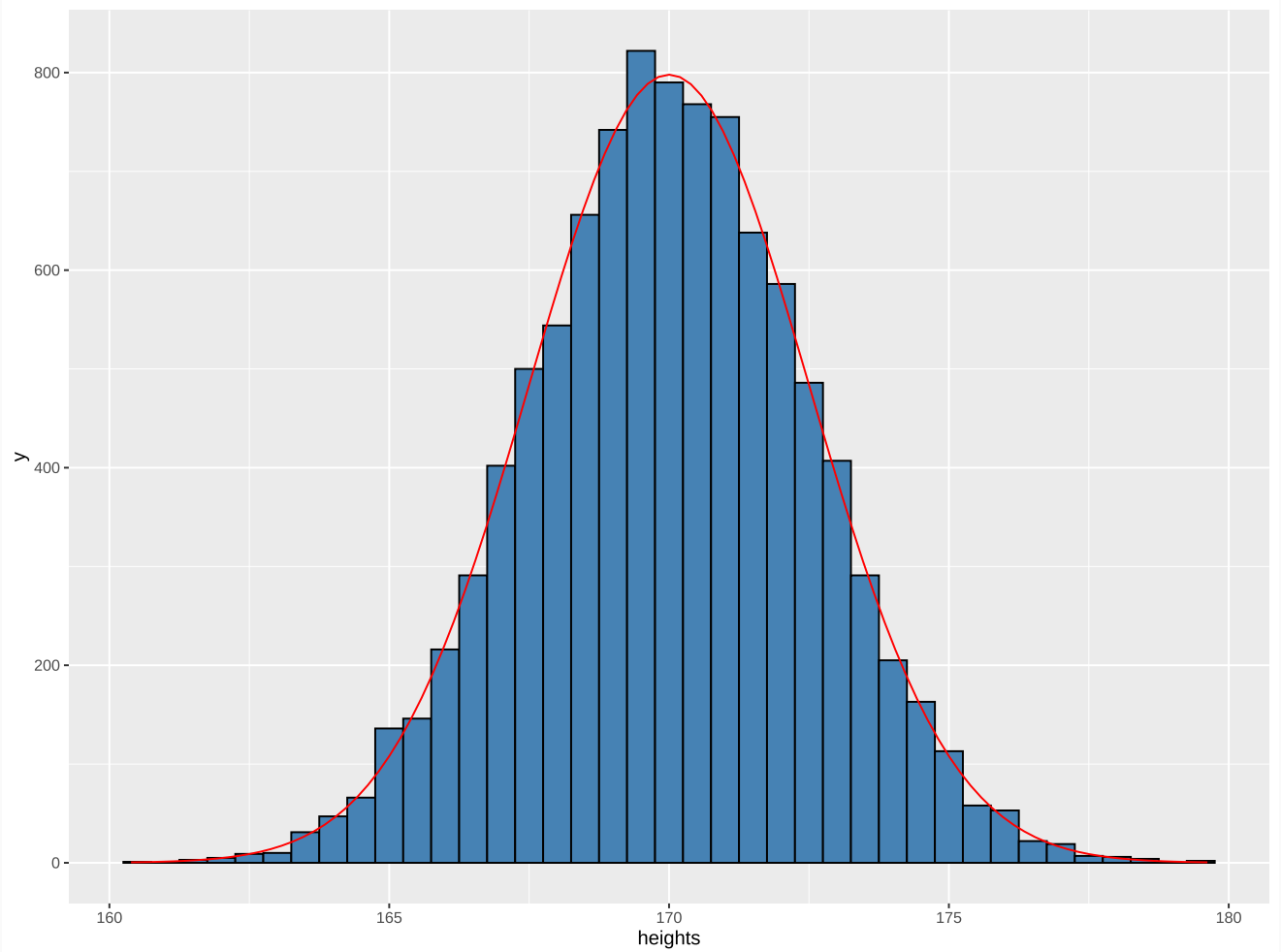
$$\text{矩形的高} = \text{频率}/\text{区间长度} = \text{密度}$$

特别地，若区间是等长的，则”矩形的高”就是频率。注意：直方图矩形之间是没有间隔的。

用 geom_histogram() 绘制直方图。频率直方图与概率密度曲线正好搭配，因为频率直方图的条形宽度趋于 0，就是概率密度曲线。

若想绘制频数直方图 + 概率密度曲线，就需要对密度做一个放大：条形宽度 * 样本数倍。

```
set.seed(123)
df = tibble(heights = rnorm(10000, 170, 2.5))
ggplot(df, aes(x = heights)) +
  geom_histogram(fill = "steelblue", color = "black",
                 binwidth = 0.5) +
  stat_function(
    fun = ~ dnorm(.x, mean=170, sd=2.5) * 0.5 * 10000,
    color = "red")
```



注：若想在同一张图上叠加多个直方图，以对比分类变量不同水平的概率分布，更适合用 `geom_freqpoly()` 绘制频率多边形图；函数 `geom_density()` 绘制核密度估计曲线。

(2) 箱线图

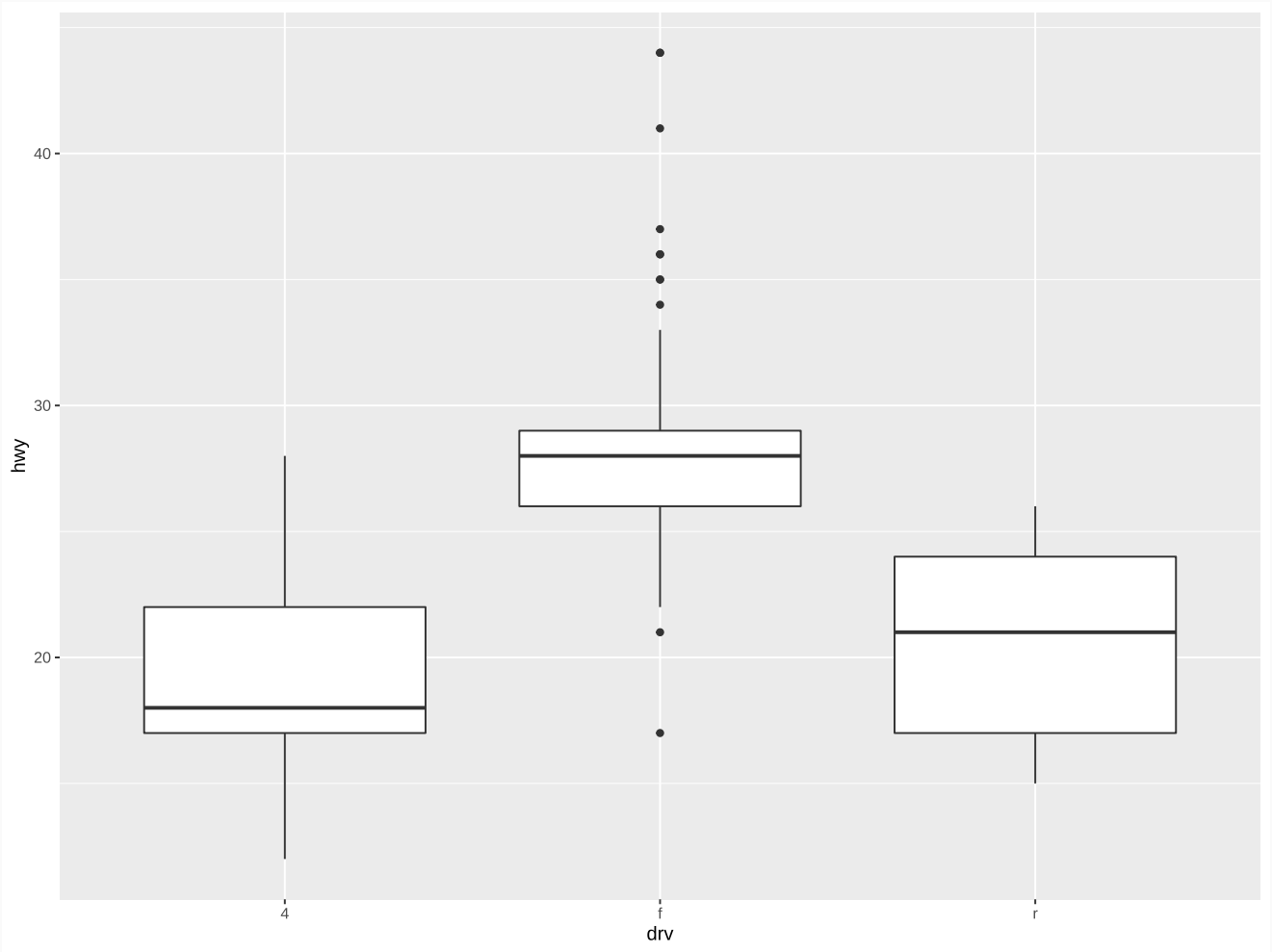
箱线图，是在一条数轴上：

- 以数据的上下四分位数（Q1-Q3）为界画一个矩形盒子（中间 50% 的数据落在盒内）；
- 在数据的中位数位置画一条线段为中位线；
- 默认延长线为盒长的 1.5 倍，之外的点认为是异常值。

箱线图的主要应用就是，剔除数据的异常值、判断数据的偏态和尾重、可视化组间差异。

用 geom_boxplot() 绘制箱线图，例如比较不同 drv 下，hwy 的组间差异：

```r
ggplot(mpg, aes(x = drv, y = hwy)) +
  geom_boxplot()    # 水平翻转加图层 coord_flip()
```



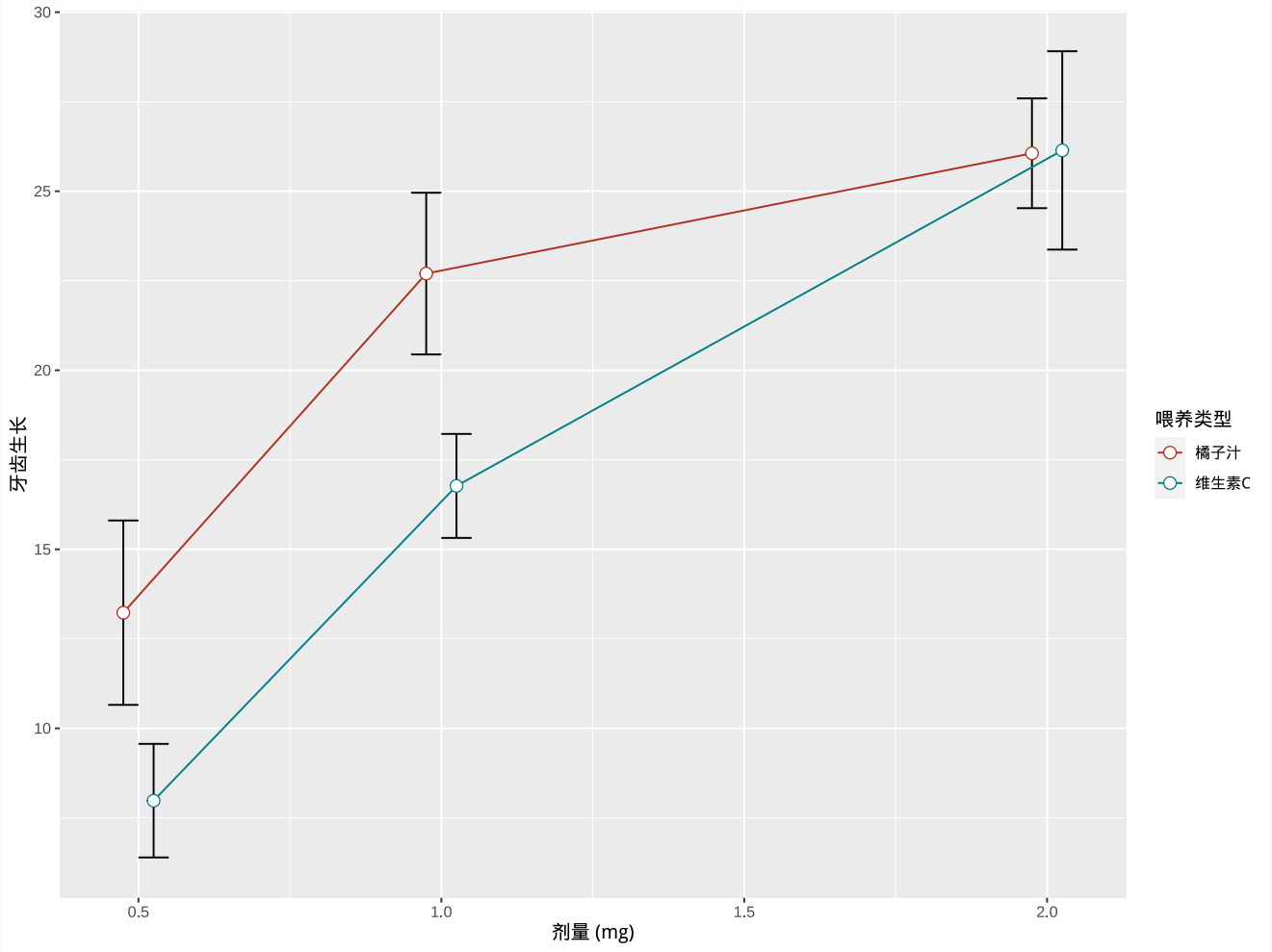
均值线与误差棒图

以 ToothGrowth 数据集为例，先自定义分组汇总函数计算分组均值和标准误：

```
my_summary = function(data, .summary_var, ...) {
  summary_var = enquo(.summary_var)
  data %>%
    group_by(...) %>%
    summarise(mean = mean(!!summary_var, na.rm = TRUE),
              sd = sd(!!summary_var, na.rm = TRUE)) %>%
    mutate(se = sd / sqrt(n()))
}
```

```
df = my_summary(ToothGrowth, len, supp, dose)
df
#> # A tibble: 6 x 5
#> # Groups:   supp [2]
#>   supp   dose  mean    sd    se
#>   <fct> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
#> 1 OJ      0.5  13.2  4.46  2.57
#> 2 OJ      1    22.7  3.91  2.26
#> 3 OJ      2    26.1  2.66  1.53
#> # ... with 3 more rows
```

```r
pd = position_dodge(0.1)
ggplot(df, aes(dose, mean, color = supp, group = supp)) +
  geom_errorbar(aes(ymin = mean - se, ymax = mean + se),
                color = "black", width = 0.1, position = pd) +
  geom_line(position = pd) +
  geom_point(position = pd, size = 3, shape = 21,
             fill = "white") +
  xlab(" 剂量 (mg)") + ylab(" 牙齿生长") +
  scale_color_hue(name = " 喂养类型", breaks = c("OJ", "VC"),
             labels = c(" 橘子汁", " 维生素 C"), l = 40) +
  scale_y_continuous(breaks = 0:20 * 5)
```


30
25
20
15
10
牙齿生长
0.5
1.0
1.5
2.0
剂量 (mg)
喂养类型
橘子汁
维生素C

四. 列联表

对分类变量做描述统计，通常是计算各水平值出现的频数和占比，得到**列联表**(交叉表)。用 `table()` 可以实现，但功能很弱还不够 `tidy`.

`janitor` 包提供了更强大的 `tabyl()` 函数，可以生成一个、两个、三个变量的列联表，再结合 `adorn_*()` 函数，可以很方便地按想要的格式添加行列合计、占比等。

- 一维列联表，添加合计行：

```
library(janitor)
mpg %>%
  tabyl(drv) %>%
  adorn_totals("row") %>%          # 添加合计行
  adorn_pct_formatting()           # 设置百分比格式
#>    drv   n percent
#>      4 103   44.0%
#>      f 106   45.3%
#>      r  25   10.7%
#>  Total 234  100.0%
```

- 二维列联表，添加列占比和频数

```
mpg %>%
  tabyl(drv, cyl) %>%
  adorn_percentages("col") %>%              # 添加列占比
  adorn_pct_formatting(digits = 2) %>%      # 设置百分比格式
  adorn_ns()                                # 添加频数
#>  drv             4             5             6             8
#>    4 28.40% (23)   0.00% (0) 40.51% (32) 68.57% (48)
#>    f 71.60% (58) 100.00% (4) 54.43% (43)  1.43%  (1)
#>    r  0.00%  (0)   0.00% (0)  5.06%  (4) 30.00% (21)
```

注：三维列联表是针对 3 个分类变量，结果就像多维数组的”分页”。

另外，还有很多包能将描述性统计、回归模型的结果变成规范的表格样式，代表性的是 `gtsummary` 包；实验设计（表）在科研、生产中应用广泛，各种常用的实验设计，可以用 `DoE.base` 包实现。

本篇主要参阅 (张敬信, 2022), (冯国双, 2018), (贾俊平, 2018), (Chang, 2018), (Chang, 2018), 以及包文档，模板感谢 (黄湘云, 2021), (谢益辉, 2021).

参考文献

Chang, W. (2018). *R Graphics Cookbook*. O'Reilly, 2 edition.

冯国双 (2018). 白话统计. 电子工业出版社, 北京, 1 edition.

张敬信 (2022). *R* 语言编程：基于 *tidyverse*. 人民邮电出版社, 北京.

谢益辉 (2021). *rmarkdown: Dynamic Documents for R*.

贾俊平 (2018). 统计学. 中国人民大学出版社, 北京, 7 edition.

黄湘云 (2021). *Github: R-Markdown-Template*.