Introduction à R

Laurent Rouvière

Septembre 2020

Table des matières

Présentation du cours

Présentation

- *Prérequis* : bases en programmation, probabilités et statistique.
- *Objectifs* : comprendre et utiliser les outils R classiques en datascience :
  - importer et assembler des tables, manipuler des individus et des variables.
  - visualiser des données.
  - outils classiques et tidyverse.
- *Enseignant* : Laurent Rouvière, laurent.rouviere@univ-rennes2.fr
  - Recherche : statistique non paramétrique, apprentissage statistique.
  - Enseignement : statistique et probabilités (Université, école d'ingénieur, formation continue).
  - Consulting : énergie (ERDF), finance, marketing.

Documents de cours

- *Slides* disponibles à l'url https://lrouviere.github.io/intro_R/
- *Tutoriel* : compléments de cours et exercises disponible à https://lrouviere.github.io/TUTO_R/

Ressources

— Le *net* : de nombreux tutoriels
— Livre : *R pour la statistique et la science des données*, PUR

Pourquoi R ?

— De plus en plus de *données*, dans de plus en plus de domaines (énergie, santé, sport, économie. . . .)
— La *science des données* contient tous les outils qui permettent d'extraitre de l'information à partir de données. Elle comprend :

  — l'importation de données
  — la manipulation
  — la visualisation
  — le choix et l'entrainement de modèles
  — la visualisation de modèles (ils sont de plus en plus complexes. . .)
  — la restitution et la visualisation des résultats (applications web)

Remarque importante

— Toutes ces notions peuvent être réalisées avec R.
— R (data scientits) et Python (informaticiens) font partie des outils les plus utilisés en sciences des données.

Quelques mots sur R

— **R** est un *logiciel libre et gratuit.*
— Il est distribué par le CRAN (Comprehensive R Archive Network) à l'url suivante : https://www.r-project.org.
— Tous les statisticiens (notamment) *peuvent contributer* en créant des fonctions et en les distribuant à la communauté (packages).

Conséquence

— Le logiciel est toujours à jour.
— Une des principales raisons de son succés.

Exemple : Les Iris de Fisher

```
> data(iris)
> 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
##
##
##
```

Objectifs

La problématique

Expliquer *species* par les autres variables.

— Species est *variable qualitative*.

— Confronté à un problème de *classification supervisée*.

Manipulation des données

```
> apply(iris[,1:4],2,mean)
## Sepal.Length  Sepal.Width Petal.Length  Petal.Width
##     5.843333     3.057333     3.758000     1.199333
> apply(iris[,1:4],2,var)
## Sepal.Length  Sepal.Width Petal.Length  Petal.Width
##    0.6856935    0.1899794    3.1162779    0.5810063
```

Remarque

Non informatif pour le problème (expliquer Species).

Manipulation avec dplyr

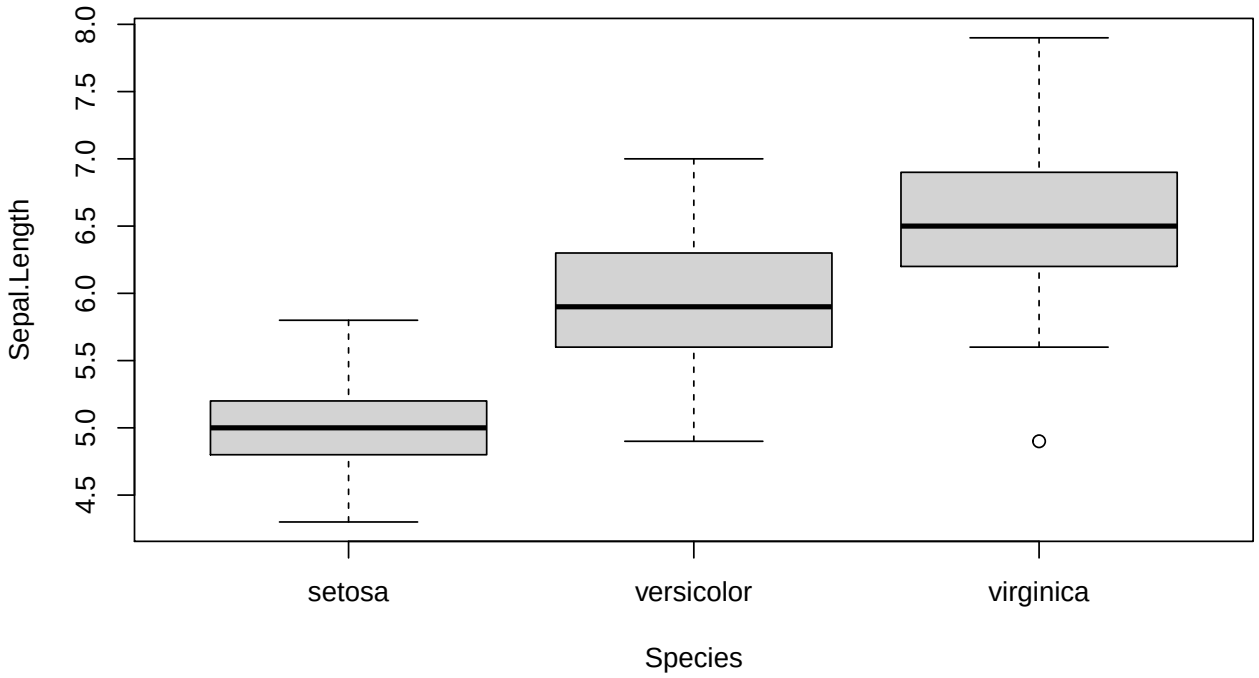
— *dplyr* est un package de tidyverse qui permet de faciliter la manipulation des données, notamment en terme de syntaxe.

```
> library(dplyr)
> iris %>% group_by(Species) %>% summarise_all(mean)
## # A tibble: 3 x 5
##   Species    Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width
##   <fct>             <dbl>       <dbl>        <dbl>       <dbl>
## 1 setosa             5.01        3.43         1.46       0.246
## 2 versicolor         5.94        2.77         4.26       1.33
## 3 virginica          6.59        2.97         5.55       2.03
```

— *Plus intéressant* : nous obtenons les moyennes pour chaque espèce.

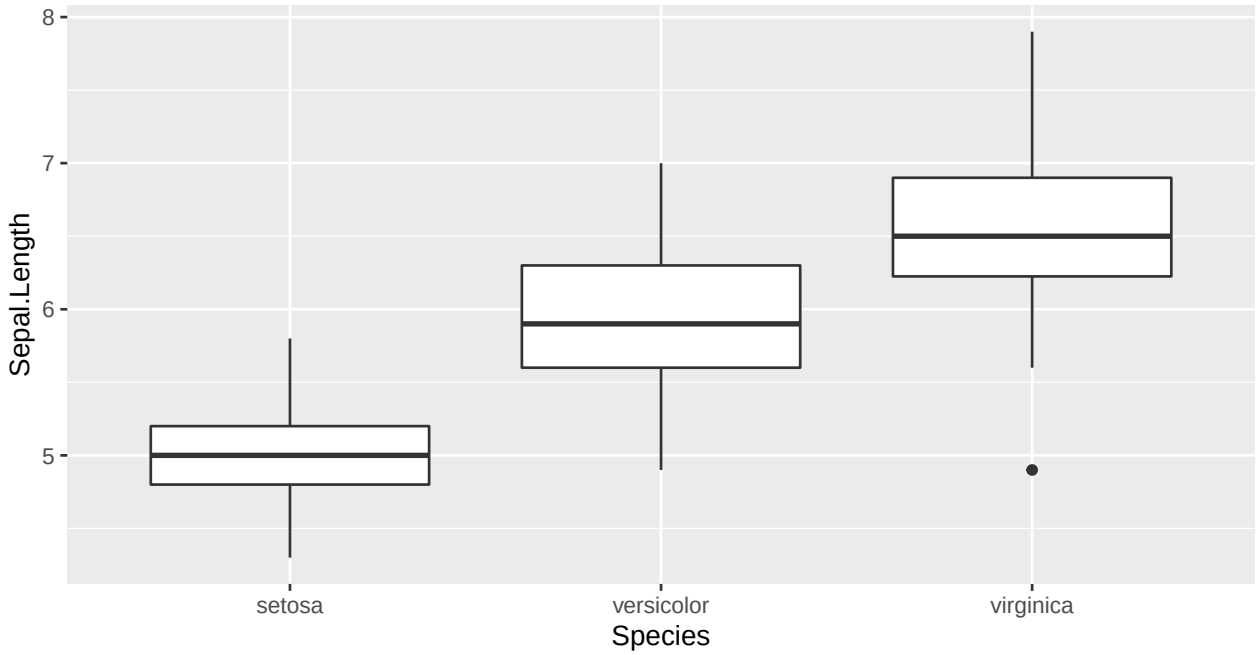
Visualisation

```
> boxplot(Sepal.Length~Species,data=iris)
```



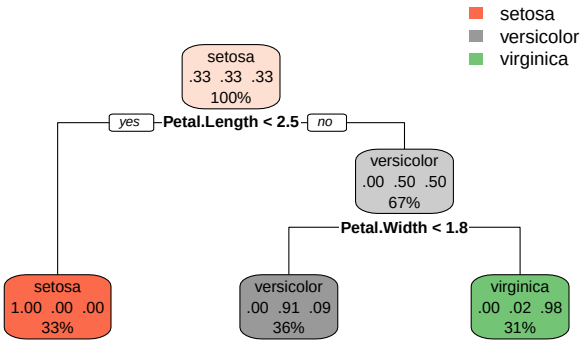
Visualisation avec ggplot2

```
> library(ggplot2)
> ggplot(iris)+aes(x=Species,y=Sepal.Length)+geom_boxplot()
```



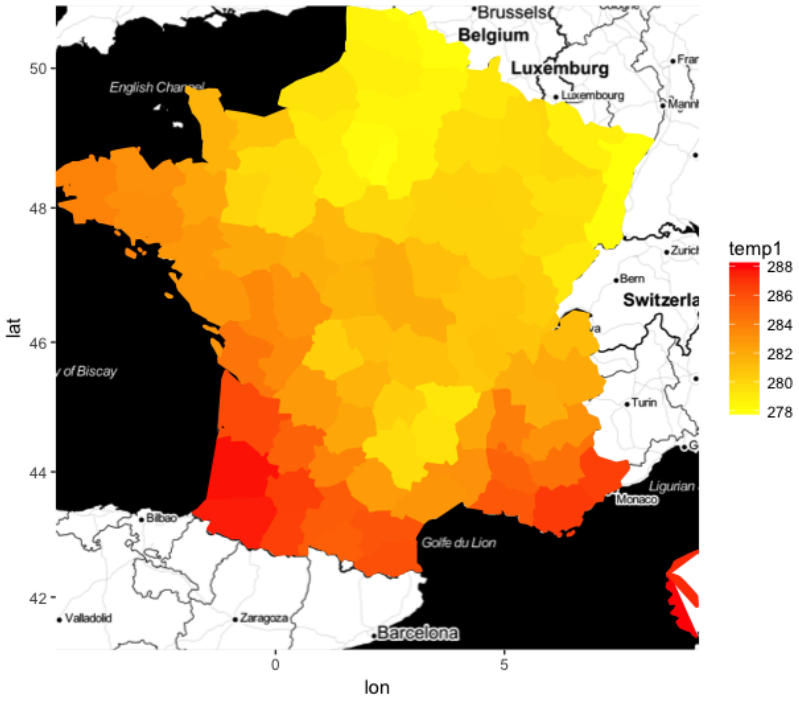
Un modèle d'arbre

```
> library(rpart)
> tree <- rpart(Species~.,data=iris)
> library(rpart.plot)
> rpart.plot(tree)
```



Carte avec ggmap

— *Objectif* : visualiser les températures en france pour une date donnée.



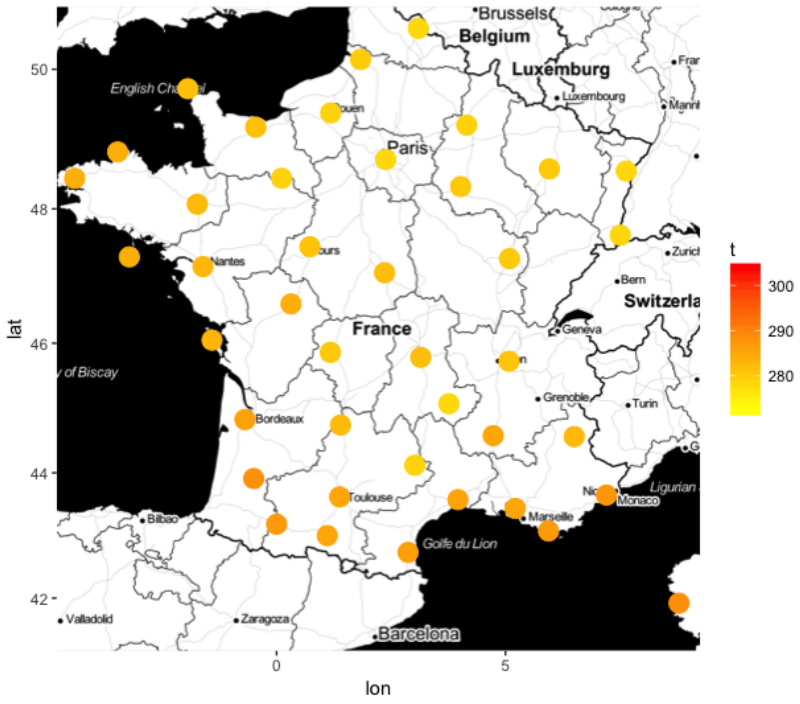
Chargement des données + fond de carte

— Données téléchargées sur le site de meteofrance (temperatures d'à peu près 60 stations).

```
> donnees <- fread("https://donneespubliques.meteofrance.fr/
+              donnees_libres/Txt/Synop/synop.2017082815.csv")
> station <- fread("https://donneespubliques.meteofrance.fr/
+              donnees_libres/Txt/Synop/postesSynop.csv")
> fond <- get_map("France",maptype="toner",zoom=6)
> ggmap(fond)+geom_point(data=D,
```

```
+     aes(y=Latitude,x=Longitude,color=t),size=5)+
+     scale_color_continuous(low="yellow",high="red")
```

Une première carte



Modèle de prévision

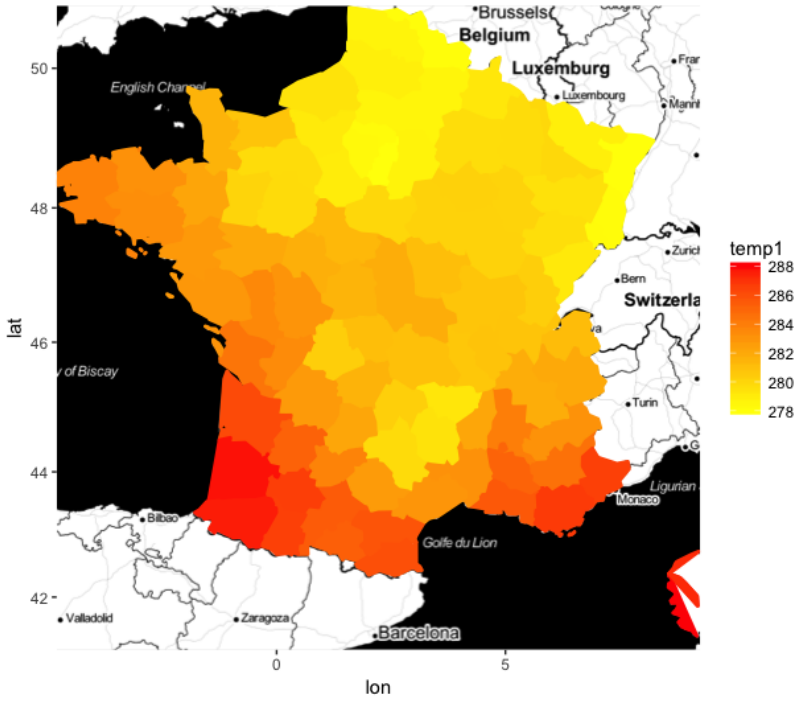
— Algorithme de *plus proche voisins* pour estimer la température sur toutes les longitudes et latitudes du territoires.

```
> library(FNN)
> mod <- knn.reg(train=D[,.(Latitude,Longitude)],y=D[,t],
+            test=Test1[,.(Latitude,Longitude)],k=1)$pred
```

— Visualisation avec *ggmap*.

```
> library(ggmap)
> ggmap(fond)+geom_polygon(data=Test5,
+   aes(y=Latitude,x=Longitude,
+   fill=temp1,color=temp1,group=dept),size=1)+
+   scale_fill_continuous(low="yellow",high="red")+
+   scale_color_continuous(low="yellow",high="red")
```

La carte finale



Application web avec shiny

— *Shiny* est un package R qui permet la création de pages web interactives.

— Exemple : graphiques standards pour un jeu de données.

  — Graphiques descriptifs pour un jeu de données : https://lrouviere.shinyapps.io/DESC_APP/
  — Visualisation des *stations velib* à Rennes : https://lrouviere.shinyapps.io/velib/

Dans cette partie

— 10 heures pour 4 thèmes :

  — *Rstudio* et *Rmarkdown*
  — *Objets* R
  — *Importation* et *manipulation* de données avec dplyr
  — *Visualisation* de données avec ggplot

— 1 thème = slides + Tutoriel (complément de cours + exercices)

Rstudio, Rmarkdown et packages R

Rstudio

— **RStudio** est une *interface* facilitant l'utilisation de R.

— Également *libre et gratuit* : https://www.rstudio.com.

L'écran est divisé en 4 parties :

— Console : pour entrer les commandes et visualiser les sorties.

— Workspace and History : visualiser l'historique des objets créés.
— Files Plots... : voir les répertoires et fichiers dans l'environnement de travail, les graphes de sortie, installer les packages...
— Script : éditeur pour entrer les commandes R et les commentaires. Penser à *régulièrement sauvegarder ce fichier*!

Rmarkdown

Fichier Rmarkdown

— Un fichier Rmarkdown (.Rmd) permet de produire un document de travail.
— Il contient le code, les sorties et des commentaires sur le travail réalisé.
— Il produit des rapports de grande qualité sous différentes formes (documents, diaporama, etc...).
— Ce diaporama est du *Rmarkdwon*.
— *Recherche Reproductible* : en cliquant sur un bouton, on peut ré-executer tout le code du fichier et exporter les résultats sous un format rapport.
— *Documents dynamiques* : possibilité d'exporter le rapport final dans différents formats : html, pdf, rtf, slides, notebook...

Packages

— *Ensemble de programmes R* qui complètent et améliorent les fonctions de **R**.
— Un package est généralement dédié à des *méthodes ou domaines d'application spécifiques*.
— Plus de *16 000* packages actuellement.
— Contribue au *succès* de R (toujours à jour).

2 phases

— Installation : install.packages(package.name) (une seule fois).
— Chargement : library(package.name) (chaque fois).
— On peut aussi utiliser le bouton package dans Rstudio.

$\Longrightarrow$ *Chapitre 1 du tuto*.

Objets R

Numérique et caractères

— Numérique (facile)

```
> x <- pi
> x
## [1] 3.141593
> is.numeric(x)
## [1] TRUE
```

— Caractères

```
> b <- "X"
> paste(b,1:5,sep="")
## [1] "X1" "X2" "X3" "X4" "X5"
```

Vecteurs

— *Création* : **c**, **seq**, **rep**

```
> x1 <- c(1,3,4)
> x2 <- 1:5
> x3 <- seq(0,10,by=2)
> x4 <- rep(x1,3)
> x5 <- rep(x1,3,each=3)
```

— *Extraction* : []

```
> x3[c(1,3,4)] # pareil que x3[x1]
## [1] 0 4 6
```

Logique

— *Vrai ou Faux*

```
> 1<2
## [1] TRUE
> 1==2
## [1] FALSE
> 1!=2
## [1] TRUE
```

— Souvent utile pour *sélectionner des composantes* d'un vecteur

```
> x <- 1:3
> test <- c(TRUE,FALSE,TRUE)
> x[test]
## [1] 1 3
```

```
> size <- runif(5,150,190) #5 tailles générées aléatoiremententre
>                 #150 and 190
> size
## [1] 178.8362 185.0309 180.4393 185.4450 168.2592
```

Problème

Sélectionner les tailles plus grandes que 174.

```
> size>174
## [1]  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE FALSE
> size[size>174]
## [1] 178.8362 185.0309 180.4393 185.4450
```

Facteurs

— Pour représenter les *variables qualitatives* :

```
> x1 <- factor(c("a","b","b","a","a"))
> x1
## [1] a b b a a
## Levels: a b
> levels(x1)
## [1] "a" "b"
```

Variable mal définie

— On suppose que les données sont *codées* : 0=homme, 1=femme

```
> X <- c(1,1,0,0,1)
> summary(X)
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##     0.0     0.0     1.0     0.6     1.0     1.0
```

— *Problème* : **R** interprète X comme un vecteur continu $\Longrightarrow$ cela peut générer des problèmes dans l'étude statistique.

— Solution :

```
> X <- as.factor(X)
> levels(X) <- c("man","woman")
> X
## [1] woman woman man   man   woman
## Levels: man woman
> summary(X)
##   man woman
##     2     3
```

Matrice

— Création

```
> m <- matrix(1:4,nrow=2,byrow=TRUE)
> m
##      [,1] [,2]
## [1,]    1    2
## [2,]    3    4
```

— Extraction

```
> m[1,2]
> m[1,] #Première ligne
> m[,2] #Seconde colonne
```

Liste

— Permet de regrouper *plusieurs objets* de différents types dans un même objet :

```
> mylist <- list(vector=1:5,mat=matrix(1:8,nrow=2))
> mylist
## $vector
## [1] 1 2 3 4 5
##
## $mat
##      [,1] [,2] [,3] [,4]
## [1,]    1    3    5    7
## [2,]    2    4    6    8
```

— Extraction :

```
> mylist[[1]]
> mylist$vector
> mylist[["vector"]]
```

Dataframe

— Objets pour représenter des *données* dans **R**.

```
> name <- c("Paul","Mary","Steven","Charlotte","Peter")
> sex <- c(0,1,0,1,0)
> size <- c(180,165,168,170,175)
> data <- data.frame(name,sex,size)
> data
##         name sex size
## 1       Paul   0  180
## 2       Mary   1  165
## 3     Steven   0  168
## 4 Charlotte   1  170
## 5      Peter   0  175
```

```
> summary(data)
##      name                sex            size
##  Length:5           Min.   :0.0   Min.   :165.0
##  Class :character   1st Qu.:0.0   1st Qu.:168.0
##  Mode  :character   Median :0.0   Median :170.0
##                     Mean   :0.4   Mean   :171.6
##                     3rd Qu.:1.0   3rd Qu.:175.0
##                     Max.   :1.0   Max.   :180.0
```

Problème 1

sex est interprété comme une *variable continue*. C'est une variable qualitative.

Solution

Il faut la convertir en *facteur*.

```
> data$sex <- as.factor(data$sex)
> levels(data$sex) <- c("man","woman")
> summary(data)
##      name              sex         size
##  Length:5           man  :3   Min.   :165.0
##  Class :character   woman:2   1st Qu.:168.0
##  Mode  :character             Median :170.0
##                               Mean   :171.6
##                               3rd Qu.:175.0
##                               Max.   :180.0
```

Problème 2

name est interprété comme une *variable*. C'est plutôt un *identifiant*.

```
> row.names(data) <- data$name
> data <- data[,-1] #suppression de la colonne name
> data
##             sex size
```

```
## Paul        man  180
## Mary      woman  165
## Steven      man  168
## Charlotte woman  170
## Peter       man  175
```

Conclusion

Il est crucial de toujours vérifier que les données sont correctement interprétées par **R** (avec **summary** ou **mode** par exemple).

Tibbles

— Un *tibble* est une version moderne du dataframe, qui conserve les avantages et supprime les inconvénients (selon les créateurs du tibble).

— C'est la version dataframe du *tidyverse* (nécessité de charger ce package).

— *Deux différences notables* :

  — les variables qualitatives sont par défaut des caractères (et non des facteurs) ;
  — pas de rownames.

Exemple : data frame

```
> name <- c("Paul","Mary","Steven","Charlotte","Peter")
> sex <- c(0,1,0,1,0)
> size <- c(180,165,168,170,175)
> age <- c("old","young","young","old","old")
> data <- data.frame(sex,size,age)
> rownames(data) <- name
> summary(data)
##       sex           size           age
##  Min.   :0.0   Min.   :165.0   Length:5
##  1st Qu.:0.0   1st Qu.:168.0   Class :character
##  Median :0.0   Median :170.0   Mode  :character
##  Mean   :0.4   Mean   :171.6
##  3rd Qu.:1.0   3rd Qu.:175.0
##  Max.   :1.0   Max.   :180.0
```

Example : tibble

```
> library(tidyverse)
> data1 <- tibble(name,sex,size,age)
> #data1 <- column_to_rownames(data1,var="name")
> summary(data1)
##      name                sex           size           age
##  Length:5           Min.   :0.0   Min.   :165.0   Length:5
##  Class :character   1st Qu.:0.0   1st Qu.:168.0   Class :character
##  Mode  :character   Median :0.0   Median :170.0   Mode  :character
##                     Mean   :0.4   Mean   :171.6
##                     3rd Qu.:1.0   3rd Qu.:175.0
##                     Max.   :1.0   Max.   :180.0
```

dataframe vs tibbles

Principale différence : pas de facteur dans les tibbles (par défaut).

$\Longrightarrow$ *Chapitre 2 du tuto*.

Gérer des données

Importer des données

— Les données sont généralement contenues dans des *fichiers* avec les individus en ligne et les variables en colonnes.

— Les fonctions *read.table* et *read.csv* permettent d'importer des données à partir de fichiers **.txt** et **.csv**.

```
> data <- read.table("file",...)
> data <- read.csv("file",...)
```

— ... correspondent à un tas d'options souvent très *importantes* car les fichiers de données contiennent toujours des spécificités (données manquantes, noms de variables...)

— Fichiers **.xls** : on pourra les *convertir* en **.csv** ou utiliser des packages spécifiques.

Indiquer le chemin

— Le **fichier des données** doit être placé dans le répertoire de travail. Sinon, il faut indiquer le *chemin* à **read.table**.

— *Exemple* : importer le fichier *data.csv* enregistré dans /lectureR/Part1 :

— Changement du répertoire de travail

```
> setwd("~/lectureR/Part1")
> df <- read.csv("data.csv",...)
```

— Spécification du chemin dans **read.csv**

```
> df <- read.csv("~/lecture_R/Part1/data.csv",...)
```

— Utilisation de la fonction **file.path**

```
> path <- file.path("~/lecture_R/Part1/", "data.csv")
> df <- read.csv(path,...)
```

Quelques options importantes

Il y a plusieurs *options importantes* dans **read.table** et **read.csv** :

— **sep** : le caractère de séparation (espace, virgule...)
— **dec** : le caractère pour le séparateur décimal (virgule, point...)
— **header** : logique pour indiquer si le nom des variables est spécifié à la première ligne du fichier
— **row.names** : vecteurs des identifiants (si besoin)
— **na.strings** : vecteur de caractères pour identifier les données manquantes.
— ...

Exemple

— Fichier *data_imp.txt*

```
name;size;age
John;174;32
Peter;?;28
Mary;165.5;NA
```

Caractéristiques

— 3 variables (ou plutôt 2...)

— Première ligne = nom des variables

— Données manquantes = NA, ?

Un premier essai

```
> path <- file.path("~COURS/EDHEC/R/SLIDES/", "data_imp.txt")
```

```
> df <- read.table(path)
> summary(df)
##       V1
##  Length:4
##  Class :character
##  Mode  :character
```

Problème

R lit quatre lignes et une colonne !

Solution

```
> df <- read.table(path,header=TRUE,sep=";",dec=".",
+                  na.strings = c("NA","?"),row.names = 1)
> df
##        size age
## John  174.0  32
## Peter    NA  28
## Mary  165.5  NA
> summary(df)
##       size            age
##  Min.   :165.5   Min.   :28
##  1st Qu.:167.6   1st Qu.:29
##  Median :169.8   Median :30
##  Mean   :169.8   Mean   :30
##  3rd Qu.:171.9   3rd Qu.:31
##  Max.   :174.0   Max.   :32
##  NA's   :1       NA's   :1
```

Package readr

— Version *tidyverse* pour l'importation.

— Il contient **read_table** et **read_csv** à la place de **read.table** et **read.csv** (underscores à la place des points).

— Dans *Rstudio*, on peut lire des données avec readr en cliquant sur **Import Dataset** (pas toujours efficace pour des données complexes).

Autres outils importations

— *readxl* : fichier au format Excel.

— *sas7bdat* : importation depuis SAS.

— *foreign* : formats SPSS ou STATA

— *jsonlite* : format JSON

— *rvest* : webscrapping

Concaténer des données

— L'information utile pour une analyse provient (souvent) de *plusieurs tableaux de données*.

— Besoin de *correctement assembler ces tables* avant l'étude statistique.

— Fonctions R standard : rbind, cbind, cbind.data.frame, merge...

— Fonctions R tidyverse : bind_rows, bind_cols, left_join, inner_join.

Un exemple avec 2 tables

```
> df1
## # A tibble: 4 x 2
##   name  nation
##   <chr> <chr>
## 1 Peter USA
## 2 Mary  GB
## 3 John  Aus
## 4 Linda USA
> df2
## # A tibble: 3 x 2
##   name    age
##   <chr> <dbl>
## 1 John     35
## 2 Mary     41
## 3 Fred     28
```

Objectif

Un tableau de données avec 3 colonnes : name, nation et age.

bind_rows

```
> bind_rows(df1,df2)
## # A tibble: 7 x 3
##   name  nation   age
##   <chr> <chr>  <dbl>
## 1 Peter USA       NA
## 2 Mary  GB        NA
## 3 John  Aus       NA
## 4 Linda USA       NA
## 5 John  <NA>      35
## 6 Mary  <NA>      41
## 7 Fred  <NA>      28
```

$\Longrightarrow$ *Mauvais* choix ici (2 lignes pour certains individus).

full_join

```
> full_join(df1,df2)
## # A tibble: 5 x 3
##   name  nation   age
##   <chr> <chr>  <dbl>
## 1 Peter USA       NA
## 2 Mary  GB        41
## 3 John  Aus       35
## 4 Linda USA       NA
## 5 Fred  <NA>      28
```

$\Longrightarrow$ *tous les individus sont conservés* (NA sont ajoutés pour les quantités non mesurées.)

left_join

```
> left_join(df1,df2)
## # A tibble: 4 x 3
##   name  nation   age
##   <chr> <chr>  <dbl>
## 1 Peter USA       NA
## 2 Mary  GB        41
## 3 John  Aus       35
## 4 Linda USA       NA
```

$\Longrightarrow$ seuls les individus du *premier tableau (gauche)* sont conservés.

inner_join

```
> inner_join(df1,df2)
## # A tibble: 2 x 3
##   name  nation   age
##   <chr> <chr>  <dbl>
## 1 Mary  GB        41
## 2 John  Aus       35
```

$\Longrightarrow$ on garde les individus pour lesquels nation et age sont mesurés.

Conclusion

- Plusieurs possibilités pour assembler des données.
- Important de faire le bon choix en fonction du contexte.

$\Longrightarrow$ *Partie 3.1 du tuto*.

Manipuler les données avec Dplyr

- *dplyr* est un package efficace pour *transformer et résumer* des tableaux de données.
- Il propose une syntaxe claire (basée sur une *grammaire*) permettant de manipuler les données.
- Par exemple, pour calculer le moyenne de *Sepal.Length* de l'espèce *setosa*, on utilise généralement

```
> mean(iris[iris$Species=="setosa",]$Sepal.Length)
## [1] 5.006
```

- La même chose en dplyr s'obtient avec

```
> library(dplyr)
> iris %>% filter(Species=="setosa") %>%
+   summarise(mean(Sepal.Length))
##   mean(Sepal.Length)
## 1              5.006
```

Grammaire dplyr

dplyr propose une *grammaire* dont les principaux verbes sont :

- select() : sélectionner des colonnes (variables)
- filter() : filtrer des lignes (individus)
- arrange() : ordonner des lignes
- mutate() : créer des nouvelles colonnes (nouvelles variables)
- summarise() : calculer des résumés numériques (ou résumés statistiques)
- group_by() : effectuer des opérations pour des groupes d'individus

Penser à consulter la **cheat sheet**.

Select

But

Sélectionner des variables.

```
> df <- select(iris,Sepal.Length,Petal.Length)
> head(df)
##   Sepal.Length Petal.Length
## 1          5.1          1.4
## 2          4.9          1.4
## 3          4.7          1.3
## 4          4.6          1.5
## 5          5.0          1.4
## 6          5.4          1.7
```

Filter

But

Filtrer des individus.

```
> df <- filter(iris,Species=="versicolor")
> head(df)
##   Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width    Species
## 1          7.0         3.2          4.7         1.4 versicolor
## 2          6.4         3.2          4.5         1.5 versicolor
## 3          6.9         3.1          4.9         1.5 versicolor
## 4          5.5         2.3          4.0         1.3 versicolor
## 5          6.5         2.8          4.6         1.5 versicolor
## 6          5.7         2.8          4.5         1.3 versicolor
```

Arrange

But

Ordonner des individus en fonction d'une variable.

```
> df <- arrange(iris,Sepal.Length)
> head(df)
##   Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width Species
## 1          4.3         3.0          1.1         0.1  setosa
## 2          4.4         2.9          1.4         0.2  setosa
## 3          4.4         3.0          1.3         0.2  setosa
## 4          4.4         3.2          1.3         0.2  setosa
## 5          4.5         2.3          1.3         0.3  setosa
## 6          4.6         3.1          1.5         0.2  setosa
```

Mutate

But

Définir des nouvelles variables dans le jeu de données.

```
> df <- mutate(iris,diff_petal=Petal.Length-Petal.Width)
> head(select(df,Petal.Length,Petal.Width,diff_petal))
##   Petal.Length Petal.Width diff_petal
## 1          1.4         0.2        1.2
## 2          1.4         0.2        1.2
## 3          1.3         0.2        1.1
## 4          1.5         0.2        1.3
## 5          1.4         0.2        1.2
## 6          1.7         0.4        1.3
```

Summarise

But

Calculer des résumés statistiques.

```
> summarise(iris,mean=mean(Petal.Length),var=var(Petal.Length))
##    mean      var
## 1 3.758 3.116278
```

Summarise_all et summarise_at

On peut également calculer des résumés pour des groupes de variables :

— *summarize_all* : toutes les variables du tibble

```
> iris1 <- select(iris,-Species)
> summarise_all(iris1,mean)
##   Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width
## 1     5.843333    3.057333        3.758    1.199333
```

— *summarize_at* : choisir les variables du tibble

```
> summarise_at(iris,1:3,mean)
##   Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length
## 1     5.843333    3.057333        3.758
```

group_by

But

Faire des opérations pour des groupes de données.

```
> summarise(group_by(iris,Species),mean(Petal.Length))
## # A tibble: 3 x 2
##   Species    `mean(Petal.Length)`
##   <fct>                     <dbl>
## 1 setosa                     1.46
## 2 versicolor                 4.26
## 3 virginica                  5.55
```

L'opérateur pipe %>%

— L'opérateur pipe %>% permet d'*enchaîner les commandes* pour une syntaxe plus claire.

— Par exemple,

```
> mean(iris[iris$Species=="setosa","Sepal.Length"])
## [1] 5.006
```

ou (un peu plus lisible)

```
> df1 <- iris[iris$Species=="setosa",]
> df2 <- df1$Sepal.Length
> mean(df2)
## [1] 5.006
```

ou (un peu plus lisible avec **dplyr**)

```
> df1 <- filter(iris,Species=="setosa")
> df2 <- select(df1,Sepal.Length)
> summarize(df2,mean(Sepal.Length))
##   mean(Sepal.Length)
## 1              5.006
```

Pas satisfaisant

Création de deux objets dataframe (inutiles) pour un calcul "simple".

— Avec le *pipe*, on décompose et enchaîne les opérations :

1. Les données

```
> iris
```

2. On filtre les individus **setosa**

```
> iris %>% filter(Species=="setosa")
```

3. On garde la variable d'intérêt

```
> iris %>% filter(Species=="setosa") %>% select(Sepal.Length)
```

4. On calcule la moyenne

```
> iris %>% filter(Species=="setosa") %>%
+   select(Sepal.Length)%>% summarize_all(mean)
##   Sepal.Length
## 1        5.006
```

Plus généralement

— L'opérateur pipe %>% applique l'*objet de droite* en considérant que le premier argument est l'objet de gauche (non symétrique).

```
> X <- as.numeric(c(1:10,"NA"))
> mean(X,na.rm = TRUE)
## [1] 5.5
```

ou, de façon équivalente,

```
> X %>% mean(na.rm=TRUE)
## [1] 5.5
```

Reformater les données

— Certaines analyses statistiques nécessitent un *format particulier* pour les données.

— Un exemple jouet

```
> df <- iris %>% group_by(Species) %>%
+   summarize_all(mean)
> head(df)
## # A tibble: 3 x 5
##   Species    Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width
##   <fct>             <dbl>       <dbl>        <dbl>       <dbl>
## 1 setosa             5.01        3.43         1.46       0.246
## 2 versicolor         5.94        2.77         4.26       1.33
## 3 virginica          6.59        2.97         5.55       2.03
```

pivot_longer

— Assembler des colonnes en lignes avec \alert{pivot_longer} (anciennement *gather*) :

```
> df1 <- df %>% pivot_longer(-Species,names_to="variable",values_to="valeur")
> head(df1)
## # A tibble: 6 x 3
##   Species    variable     valeur
##   <fct>      <chr>         <dbl>
## 1 setosa     Sepal.Length  5.01
## 2 setosa     Sepal.Width   3.43
## 3 setosa     Petal.Length  1.46
## 4 setosa     Petal.Width   0.246
## 5 versicolor Sepal.Length  5.94
## 6 versicolor Sepal.Width   2.77
```

Remarque

Même information avec un format différent.

pivot_wider

— Décomposer une ligne en plusieurs colonnes avec *pivot_wider* (anciennement *spread*).

```
> df1 %>% pivot_wider(names_from=variable,values_from=valeur)
## # A tibble: 3 x 5
##   Species    Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width
##   <fct>             <dbl>       <dbl>        <dbl>       <dbl>
## 1 setosa             5.01        3.43         1.46       0.246
## 2 versicolor         5.94        2.77         4.26       1.33
## 3 virginica          6.59        2.97         5.55       2.03
```

Separate

— *Séparer* une colonne en plusieurs.

```
> df <- tibble(date=as.Date(c("01/03/2015","05/18/2017",
+       "09/14/2018"),"%m/%d/%Y"),temp=c(18,21,15))
```

```
> df1 <- df %>% separate(date,into = c("year","month","day"))
> df1
## # A tibble: 3 x 4
##   year  month day    temp
##   <chr> <chr> <chr> <dbl>
## 1 2015  01    03       18
## 2 2017  05    18       21
## 3 2018  09    14       15
```

Unite

— *Assembler* des colonnes.

```
> df1 %>% unite(date,year,month,day,sep="/")
## # A tibble: 3 x 2
##   date        temp
##   <chr>      <dbl>
## 1 2015/01/03    18
## 2 2017/05/18    21
## 3 2018/09/14    15
```

$\Longrightarrow$ *Partie 3.2 du tuto*.

Visualiser des données

Graphes conventionnels

— *Visualisation* : cruciale à toutes les étapes d'une étude statistique.

— **R** Permet de créer un très grand nombre de type de graphes.

— On propose une (courte) présentation des *graphes classiques*,

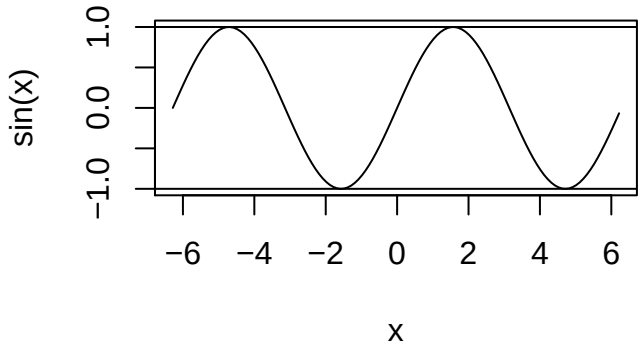
— suivie par les graphes *ggplot*.

La fonction plot

— Fonction *générique* pour représenter (presque) tous les types de données.

— Pour un *nuage de points*, il suffit de renseigner un vecteur pour l'axe des x, et un autre vecteur pour celui des y.

```
> x <- seq(-2*pi,2*pi,by=0.1)
> plot(x,sin(x),type="l",xlab="x",ylab="sin(x)")
> abline(h=c(-1,1))
```



Graphes classiques pour visualiser des variables

— Histogramme pour une variable *continue*, diagramme en barre pour une variable *qualitative*.

— Nuage de points pour 2 variables continues.

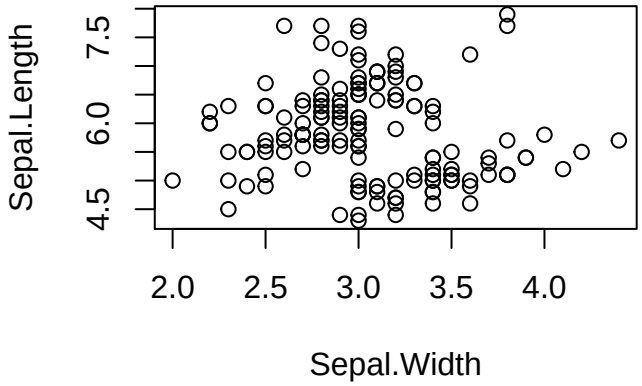
— Boxplot pour une distribution continue.

Constat (positif)

Il existe une fonction R pour toutes les représentations.

Nuage de points sur un jeu de données

```
> plot(Sepal.Length~Sepal.Width,data=iris)
```




```
> #pareil que
> plot(iris$Sepal.Width,iris$Sepal.Length)
```

Histogramme (variable continue)

```
> hist(iris$Sepal.Length,col="red")
```

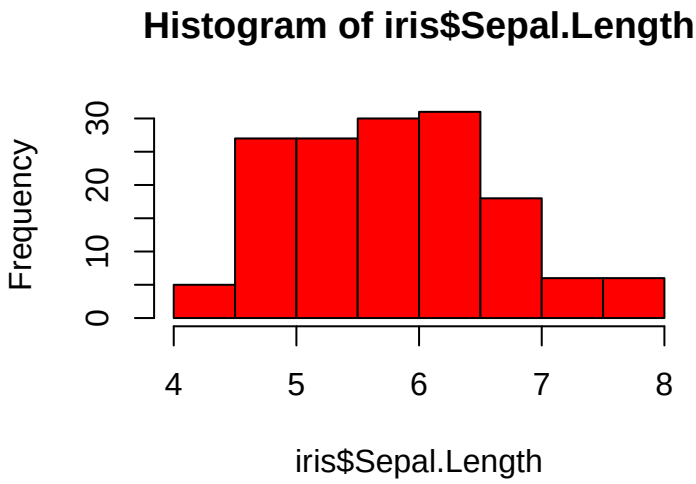
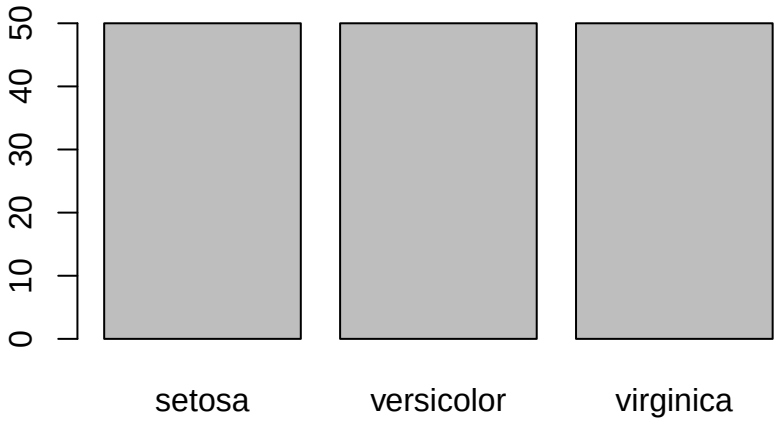


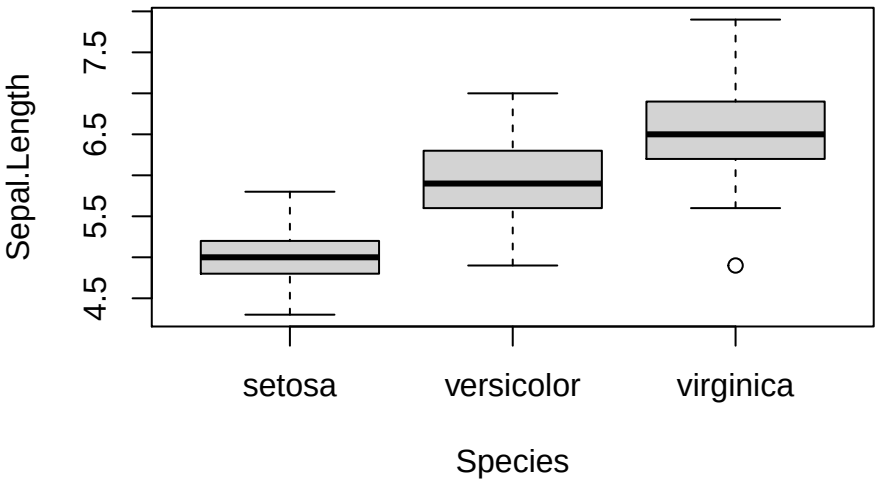
Diagramme en barres (variable qualitative)

```
> barplot(table(iris$Species))
```



Boxplot (distribution)

```
> boxplot(Sepal.Length~Species,data=iris)
```



Visualisation avec ggplot2

— *ggplot2* permet de faire des graphes **R** en s'appuyant sur une grammaire des graphiques (équivalent de **dplyr** pour manipuler les données).

— Les graphes produits sont *de très bonnes qualités* (pas toujours le cas avec les graphes conventionnels).

— La *grammaire ggplot* permet d'obtenir des graphes "complexes" avec une syntaxe claire et lisible.

Assembler des couches

Pour un tableau de données fixé, un graphe est défini comme une succession de couches. Il faut toujours spécifier :

— les *données*
— les *variables* à représenter
— le *type de représentation* (nuage de points, boxplot...).

Les graphes ggplot sont construits à partir de ces couches. On indique

— les données avec ggplot
— les variables avec aes (aesthetics)
— le type de représentation avec geom_

La grammaire

Les principaux *verbes* sont

— **Data (ggplot)** : les *données*, un dataframe ou un tibble.

— **Aesthetics (aes)** : façon dont les *variables* doivent être représentées.

— **Geometrics (geom_...)** : *type* de représentation.

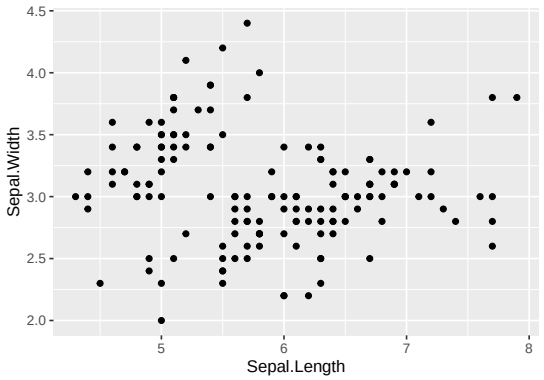
— **Statistics (stat_...)** : spécifier les *transformations* des données.

— **Scales (scale_...)** : modifier certains *paramètres du graphe* (changer de couleurs, de taille...).

Tous ces éléments sont séparés par un +.

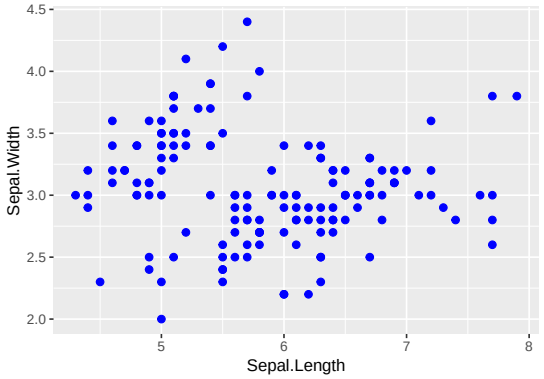
Un premier exemple

```
> ggplot(iris)+aes(x=Sepal.Length,y=Sepal.Width)+geom_point()
```



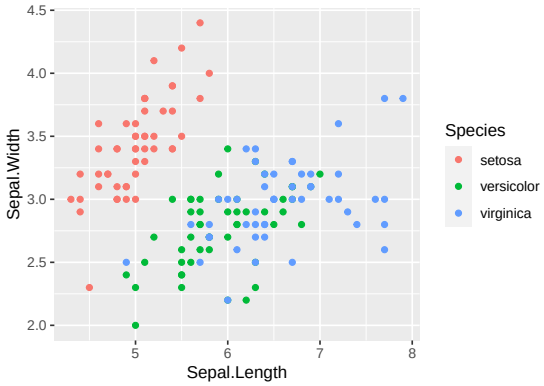
Couleur et taille

```
> ggplot(iris)+aes(x=Sepal.Length,y=Sepal.Width)+
+   geom_point(color="blue",size=2)
```



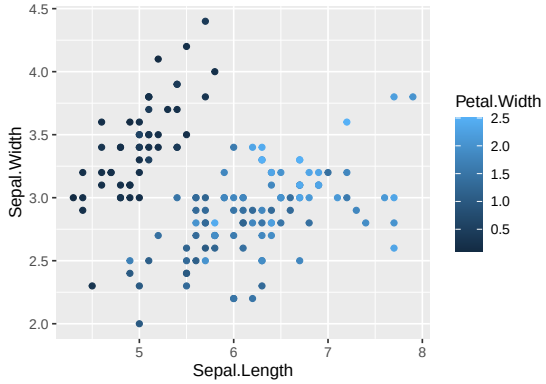
Couleur avec une variable qualitative

```
> ggplot(iris)+aes(x=Sepal.Length,y=Sepal.Width,
+                  color=Species)+geom_point()
```



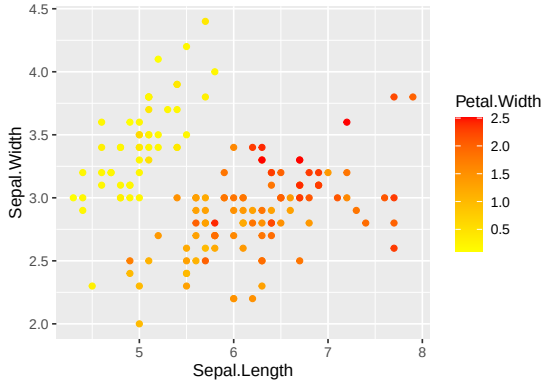
Couleur avec une variable continue

```
> ggplot(iris)+aes(x=Sepal.Length,y=Sepal.Width,
+                  color=Petal.Width)+geom_point()
```



Changer la couleur

```
> ggplot(iris)+aes(x=Sepal.Length,y=Sepal.Width,
+                  color=Petal.Width)+geom_point()+
+            scale_color_continuous(low="yellow",high="red")
```



Histogramme

```
> ggplot(iris)+aes(x=Sepal.Length)+geom_histogram(fill="red")
```

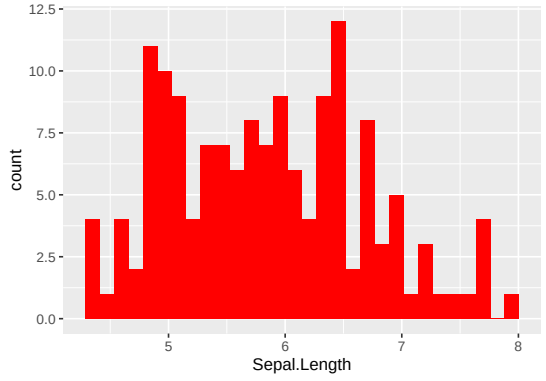
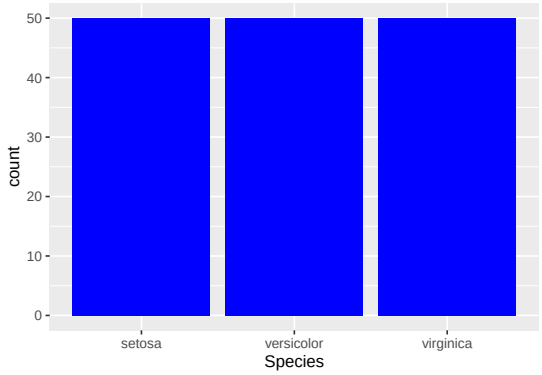


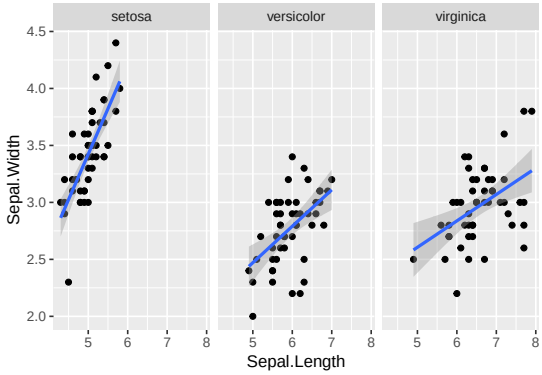
Diagramme en barres

```
> ggplot(iris)+aes(x=Species)+geom_bar(fill="blue")
```



Facetting (plus compliqué)

```
> ggplot(iris)+aes(x=Sepal.Length,y=Sepal.Width)+geom_point()+
+       geom_smooth(method="lm")+facet_wrap(~Species)
```



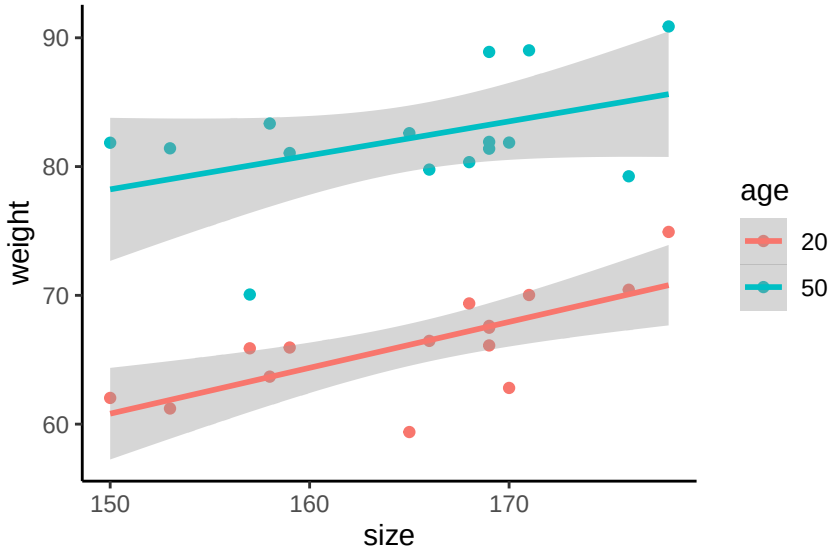
Combiner ggplot et dplyr

— Souvent important de *construire un bon jeu de données* pour obtenir un bon graphe.

— Par exemple

```
> head(df)
## # A tibble: 6 x 3
##    size weight.20 weight.50
##   <dbl>     <dbl>     <dbl>
## 1   153      61.2      81.4
## 2   169      67.5      81.4
## 3   168      69.4      80.3
## 4   169      66.1      81.9
## 5   176      70.4      79.2
## 6   169      67.6      88.9
```

Objectif



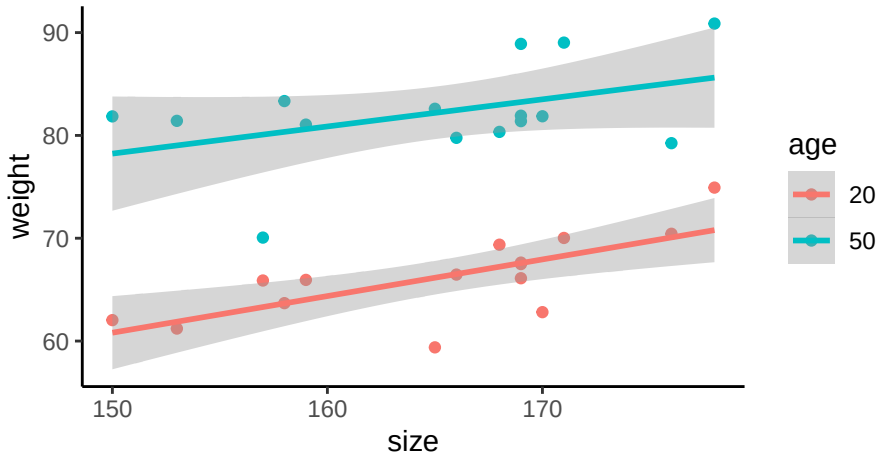
Etape dplyr

— Assembler les colonnes weight.M et weight.W en une colonne *weight* :

```
> df1 <- df %>% pivot_longer(-size,names_to="age",values_to="weight")
> df1 %>% head()
## # A tibble: 6 x 3
##    size age       weight
##   <dbl> <chr>      <dbl>
## 1   153 weight.20   61.2
## 2   153 weight.50   81.4
## 3   169 weight.20   67.5
## 4   169 weight.50   81.4
## 5   168 weight.20   69.4
## 6   168 weight.50   80.3
> df1 <- df1 %>% mutate(age=recode(age,
+    "weight.20"="20","weight.50"="50"))
```

Etape ggplot

```
> ggplot(df1)+aes(x=size,y=weight,color=age)+
+   geom_point()+geom_smooth(method="lm")+theme_classic()
```



Compléments : quelques démos

```
> demo(image)
> example(contour)
> demo(persp)
> library("lattice");demo(lattice)
> example(wireframe)
> library("rgl");demo(rgl)
> example(persp3d)
> demo(plotmath);demo(Hershey)
```

$\Longrightarrow$ *Chapitre 4 du tuto*.

Cartes leaflet

Introduction

— De nombreuses applucations nécessitent des *cartes* pour *visualiser* des données ou les résultats d'un modèle.

— De *nombreux packages R* : ggmap, RgoogleMaps, maps...

— Dans cette partie : *leaflet*.

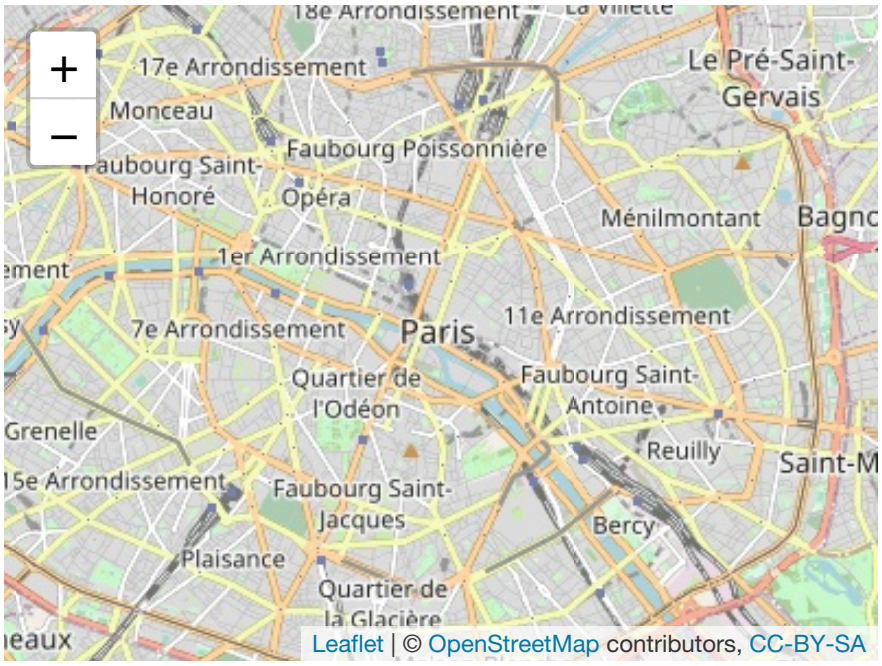
Fond de carte

— *Leaflet* est une des librairies open-source JavaScript les plus populaires pour faire des cartes interactives.
— *Documentation* : here

```
> library(leaflet)
> leaflet() %>% addTiles()
```

Différents styles de fonds de carte

```
> Paris <- c(2.35222,48.856614)
> leaflet() %>% addTiles() %>%
+   setView(lng = Paris[1], lat = Paris[2],zoom=12)
```




```
> leaflet() %>% addProviderTiles("Stamen.Toner") %>%
+   setView(lng = Paris[1], lat = Paris[2], zoom = 12)
```

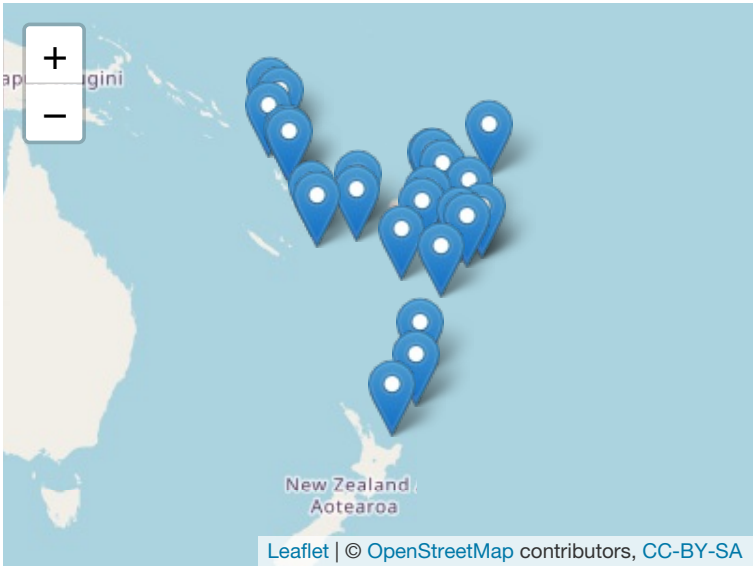
Avec des données

— Localiser 1000 séismes près des Fiji

```
> data(quakes)
> head(quakes)
##      lat   long depth mag stations
## 1 -20.42 181.62   562 4.8       41
## 2 -20.62 181.03   650 4.2       15
## 3 -26.00 184.10    42 5.4       43
## 4 -17.97 181.66   626 4.1       19
## 5 -20.42 181.96   649 4.0       11
## 6 -19.68 184.31   195 4.0       12
```

Séismes avec une magnitude plus grande que 5.5

```
> quakes1 <- quakes %>% filter(mag>5.5)
> leaflet(data = quakes1) %>% addTiles() %>%
+   addMarkers(~long, ~lat, popup = ~as.character(mag))
```

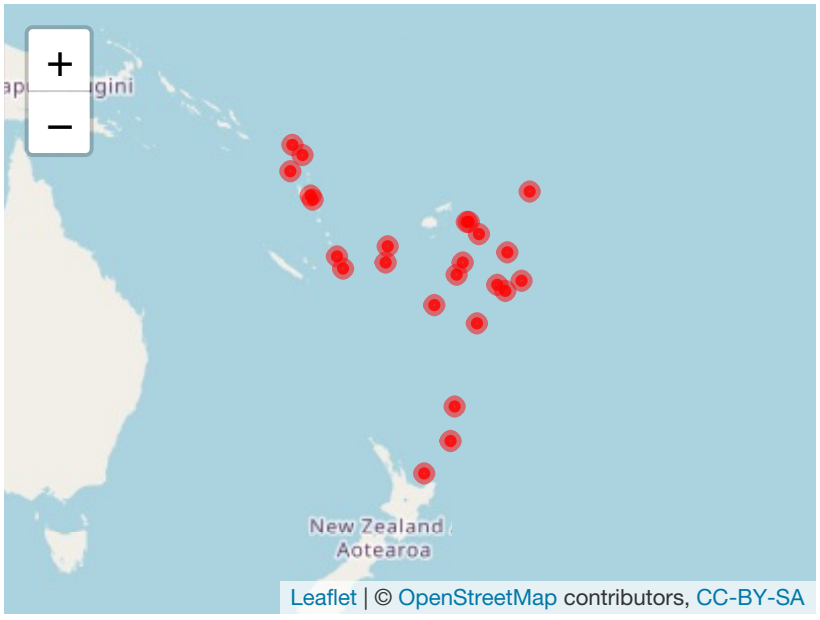


Remarque

La magnitude apparaît lorsqu'on cliquer sur un marker.

addCircleMarkers

```
> leaflet(data = quakes1) %>% addTiles() %>%
+   addCircleMarkers(~long, ~lat, popup=~as.character(mag),
+                    radius=3,fillOpacity = 0.8,color="red")
```



$\Longrightarrow$ *Fiche 5.*

Modèle de régression avec R

Données

Y	X_1	X_2	$\dots$	X_p
y_1	$x_{1,1}$	$x_{1,2}$	$\dots$	$x_{1,p}$
$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$
$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$
y_n	$x_{n,1}$	$x_{n,2}$	$\dots$	$x_{n,p}$

But

Expliquer ou prédire la sortie Y par les entrées $X_1, \dots, X_p$.

Exemple : ozone

```
> ozone <- read.table("ozone.txt")
> head(ozone %>% select(1:5))
##          maxO3   T9  T12  T15 Ne9
## 20010601    87 15.6 18.5 18.4   4
## 20010602    82 17.0 18.4 17.7   5
## 20010603    92 15.3 17.6 19.5   2
## 20010604   114 16.2 19.7 22.5   1
## 20010605    94 17.4 20.5 20.4   8
## 20010606    80 17.7 19.8 18.3   6
```

But

Expliquer ou prédire la *concentration maximale quotidienne en O3* (colonne maxO3) par les autres variables.

Modélisation statistique

— Il existe une fonction *inconnue* $m : \mathbb{R}^p \to \mathbb{R}$ telle que

$$Y = m(X_1, \dots, X_p) + \varepsilon.$$

— ε : termes d'erreur (petits).

— *Job du statisticien* : trouver un bon estimateur $\widehat{m}$ de m à partir des données $(x_1, y_1), \dots, (x_n, y_n)$ où $x_i \in \mathbb{R}^p$ et $y_i \in \mathbb{R}$.

Modèle statistique

Permet de construire des estimateurs.

Un exemple : le modèle linéaire

— *Hypothèse* : la fonction inconnue m est linéaire

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \ldots + \beta_p X_p + \varepsilon,$$

$\beta = (\beta_0, \beta_1, \dots, \beta_p)$ sont les paramètres inconnus.

— *Moindres carrés* :

$$\widehat{\beta} = (X^t X)^{-1} X^t Y.$$

— *Estimateur* de m :

$$\widehat{m}(x) = \widehat{\beta}_0 + \widehat{\beta}_1 x_1 + \ldots \widehat{\beta}_p x_p.$$

Structure

— Les modèles sur **R** sont souvent entrainés de la même façon :

```
> method(formula,data=...,options)
```

avec

— *method* : nom de la méthode ;
— *formula* : sortie Y et les entrées X_j ;
— *data* : jeu de données ;
— *options* : options en fonction de la méthode.

La méthode (ou le modèle)

Remarque

Chaque modèle correspond à un fonction R.

fonction R	algorithme	Package	Problème
lm	modèle linéaire		Reg
glm	modèle logistique		Class
lda	analyse discriminante linéaire	MASS	Class
svm	Support Vector Machine	e1071	Class
knn.reg	plus proches voisins	FNN	Reg
knn	plus prohces voisins	class	Class
rpart	arbres	rpart	Reg and Class
glmnet	ridge et lasso	glmnet	Reg and Class

Formules

Remarque

Pour spécifier les entrées et la sortie.

```
> lm(Y~X1+X3,data=df)
```

$\Longrightarrow Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_3 X_3 + \varepsilon$

```
> lm(Y~X1+I(X3)^2,data=df)
```

$\Longrightarrow Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_3 X_3^2 + \varepsilon$

```
> lm(Y~.,data=df)
```

$\Longrightarrow Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \ldots + \beta_p X_p + \varepsilon$

Exemple

```
> mod.lin <- lm(maxO3~T12+Ne9,data=ozone)
> mod.lin
##
## Call:
## lm(formula = maxO3 ~ T12 + Ne9, data = ozone)
##
```

```
## Coefficients:
## (Intercept)          T12          Ne9
##       7.638        4.457       -2.696
```

— Modèle : $maxO3 = \beta_0 + \beta_1 T12 + \beta_2 Ne9 + \varepsilon$.
— Estimateurs : $\widehat{\beta}_0 = 7.638, \widehat{\beta}_1 = 4.457, \widehat{\beta}_2 = -2.696$.

Estimateur de m

$$\widehat{m}(x) = 7.638 + 4.457\, T12 - 2.696\, Ne9.$$

Faire des prévisions

— Une fois le modèle ajusté, on peut l'utiliser pour *prédire*.

Exemple

— Météofrance prédit pour demain : T12=20 et Ne9=4.9.
— Concentration en ozone prédite par le modèle pour demain ?
— *Réponse* :

$$\widehat{m}(T12 = 20, Ne9 = 4.9) = 7.638 + 4.457 * 20 - 2.696 * 4.9 = 83.5676$$

.

Fonction predict

— *predict* est une fonction générique : on peut l'utiliser pour n'importe quel modèle de régression (linéaire, logistique, arbre. . .)

```
> predict(model.name,newdata=newdataset,...)
```

— *Exemple*

```
> new.df <- data.frame(T12=20,Ne9=4.9)
> predict(mod.lin,newdata=new.df)
##        1
## 83.57509
```

Très important

Utiliser la même structure pour les 2 data-frames.

Estimer l'erreur quadratique de prédiction

— La performance d'un estimateur $\widehat{m}$ est souvent mesurée par son *erreur quadratique moyenne* :

$$MSE(\widehat{m}) = E[(Y - \widehat{m}(X))^2].$$

— Cette erreur (*inconnue*) peut être calculée par *validation hold out* :
  — Séparer les données en un échantillon d'*apprentissage* et un échantillon *test*.
  — Entrainer le modèle sur les données d'apprentissage $\Longrightarrow \widehat{m}$.
  — Calculer la MSE

$$\frac{1}{n_{test}} \sum_{i \in test} (y_i - \widehat{m}(x_i))^2.$$

Un exemple

— Data splitting

```
> library(caret)
> set.seed(12345)
> index.train <- createDataPartition(1:nrow(ozone),p=2/3)
> train <- ozone %>% slice(index.train$Resample1)
> test <- ozone %>% slice(-index.train$Resample1)
```

— Ajustement du modèle

```
> mod <- lm(maxO3~.,data=train)
```

— Calcul de la MSE

```
> pred <- predict(mod,newdata=test)
> df <- data.frame(pred=pred,obs=test$maxO3)
> df %>% summarize(MSE=mean((pred-obs)^2))
##        MSE
## 1 387.5472
```

En pratique

— Très utile pour choisir un modèle.

— *Exemple* : plusieurs modèles (linéaire, arbre, forêt aléatoire...)

Méthode

1. Estimer la MSE pour tous les algorithmes ;
2. Choisir celui avec la plus petite MSE.

$\Longrightarrow$ *fiche 6.*

Merci