Reprodutseeritav andmeanalüüs kasutades R keelt

Taavi Päll, Ülo Maiväli

2018-01-12

Sisukord

List of Tables **v**

List of Figures **vii**

Haara kannel, Vanemuine! . . . vii
0.1 Sissejuhatus . . . viii
0.2 Tarkvaratööriistad . . . viii
0.2.1 Installeeri vajalikud programmid . . . viii
0.2.2 Loo GitHubi konto . . . ix
0.2.3 Loo uus R projekt . . . ix
0.2.4 Git *Merge* konfliktid . . . x
0.2.5 R projekti kataloogi soovitatav minimaalne struktuur . . . xi
0.2.6 Pakettide installeerimine . . . xii
0.2.7 R repositooriumid . . . xiv
0.3 R on kalkulaator . . . xv
0.3.1 Sama koodi saab kirjutada neljal viisil . . . xvi
0.4 R objektid . . . xviii
0.4.1 Objekt ja nimi . . . xviii
0.4.2 Nimede vorm . . . xx
0.4.3 Andmete tüübid . . . xx
0.4.4 Vektor . . . xx
0.4.5 List . . . xxiv
0.4.6 data frame ja tibble . . . xxv
0.4.7 Tabelit sisse lugedes vaata üle NA-d . . . xxxiv
0.4.8 Matrix . . . xxxvii
0.4.9 Indekseerimine . . . xxxvii
0.5 Regular expression ja find & replace . . . xl
0.5.1 Common operations with regular expressions . . . xlii
0.5.2 Find and replace . . . xliii
0.6 Funktsioonid on R keele verbid . . . xlv
0.6.1 Kirjutame R funktsiooni . . . xlvii
0.7 Graafilised lahendused . . . l
0.7.1 Baasgraafika . . . li
0.7.2 ggplot2 . . . lviii
0.7.3 Regressioonisirgete plottimine . . . lx
0.7.4 *Facet* – pisigraafik . . . lxxiv
0.7.5 Mitu graafikut paneelidena ühel joonisel . . . lxxvii
0.7.6 Telgede tekst ja pealkirjad . . . lxxxiii

0.7.7 Värviskaalad lxxxv
0.7.8 A complex ggplot xcii
0.7.9 Erinevad ggplot geom_-id xciv
0.8 Tidyverse cix
0.8.1 Tidy tabeli struktuur cx
0.8.2 dplyr ja selle viis verbi cxiii
0.8.3 Grouped filters cxxiii
0.8.4 `separate()` one column into several cxxiv
0.8.5 Faktorid cxxvi
0.9 Statistilised mudelid cxxxiv
0.9.1 Suur ja väike maailm cxxxiv
0.9.2 Mudeli väike maailm cxxxvi
0.9.3 Lineaarsed mudelid cxl

List of Tables

List of Figures

1 RStudio konsoolis on neli akent. Üleval vasakul on sinu poolt nimega varustatud koodi ja teksti editor kuhu kirjutad R skripti. Sinna kirjutad oma koodi ja kommentaarid sellele. All vasakul on konsool. Sinna sisestatakse käivitamisel sinu R kood ja sinna trükitakse väljund. Üleval paremal on Environment aken olulise sakiga . Seal on näha R-i objektid, mis on sulle töökeskkonnas kättesaadavad ja millega sa saad töötada. menüüs on võimalik muutusi vaadata ja 'commit'ida ja -ga suhelda. All paremal on paneel mitme sakiga. Files tab töötab nagu failihaldur. Kui sa lood või avad R projekti, siis näidatakse seal vaikimisi sinu töökataloogi. Kui kasutad R projekti, siis ei ole vaja töökataloogi eraldi seadistada. Plots paneelile ilmuvad joonised, mille sa teed. Packages näitab sulle sinu arvutis olevaid R-i pakette ehk raamatukogusid. Help paneeli avanevad help failid (ka need, mida konsooli kaudu otsitakse). x

2 RStudio 'Install Packages' dialoogiaken. xiii

3 Keskaegne aristotellik maailm. cxxxvii

4 Ilma epitsükliteta ptolemailine mudel. cxxxviii

5 Ptolemaiose ja Kopernikuse mudelid on üllatavalt sarnased. cxxxix

6 **Kasvava paindlikusega polünoomsed mudelid.** mod_e1 on sirge võrrand y = a + b_1x (2 parameetrit: a ja b_1), mod_e2 on lihtsaim võimalik polünoom: y= a + b_1x + b_2x^2 (3 parameetrit), ..., mod_e5: y= a + b_1x + b_2x^2 + b_3x^3 + b4x^4 + b5x^5 (6 parameetrit). mod_e5 vastab täpselt andmepunktidele (N = 6). cxlviii

Haara kannel, Vanemuine!

Kas oled tundnud, et sul tekib andmeid rohkem kui sa neid "käistsi" analüüsida jõuad? Sa oled sunnitud analüüsiks valima oma multidimensionaalsetest "suurtest" andmetest ainult pisikese osa. See ei pruugi olla iseenesest halb, sest vähendab oluliselt testitavaid hüpoteese ja keskendub ainult kõige selgemini interpreteeritavatele efektidele. Teisalt, kas sa oled tundnud frustratsiooni algandmete, transformatsioonide, jooniste ja statistikute paigutamisel *workbook*-i. Kas sa oled tundnud frustratsiooni sellest *workbook*-ist kuu-kaks hiljem aru saamisel. Kas keegi teine saab aru mis sa oma andmetega teinud oled?

Kui sul tekivad eelmainitud probleemid, oled sa ilmselt valmis järgmiseks elu muutvaks sammuks andmeanalüüsi ja statistika vallas – skaleerimaks need protsessid ülesse võttes kasutusele skriptid ja muutes oma töövoo reprodutseeritavaks.

Skriptid ja koodid võimaldavad sul hoida lahus algandmed (mis on püha ja puutumatu) andmete töötlusest ja töödeldud andmetest ning genereerida eraldiseisvad andmeanalüüsi produktid – joonised ja raportid.

Selline reprodutseeritav töövoog on tänapäeval võimalik organiseerida kasutades erinevaid andmeanalüüsi programmeerimiskeeli, eelkõige näiteks *Python* ja R. *Python*-il ja R-il on loomulikult mitmeid erinevusi ja paralleelseid omadusi, esimene on nö täielik keel, võimaldades luua ka iseseisva graafilise kasutajaliidesega programme. R on seevastu mõeldud eelkõige andmeanalüüsiks ja selle tulemuste visualiseerimiseks.

Antud raamat keskendub sissejuhatusele **R statistilise programmeerimiskeelde**, mille jaoks on praeguseks hetkeks välja töötatud ka suurepärased kasutajaliidesed, nii et R kasutamine ei eelda 100% tööd käsurealt-konsoolist. Lisaks R-ile annab antud raamat ka mõned soovitused oma **töövoo reprodutseeritavaks organiseerimiseks**.

Jõudu ja entusiasmi sellel teel!

0.1 Sissejuhatus

See õpik on kirjutatud inimestele, kes kasutavad, mitte ei uuri, statistikat. Õpiku kasutaja peaks olema võimeline töötama R keskkonnas. Meie lähenemised statistika õpetamisele on arvutuslikud, mis tähendab, et me eelistame meetodi matemaatilise aluse asemel õpetada selle kasutamist ja tulemuste tõlgendamist. See õpik on bayesiaanlik ja ei õpeta sageduslikku statistikat. Me usume, et nii on lihtsam ja tulusam statistikat õppida ja et Bayesi statistikat kasutades saab rahuldada 99% teie tegelikest statistilistest vajadustest paremini, kui see on võimalik klassikaliste sageduslike meetoditega. Me usume ka, et kuigi praegused kiired arengud bayesi statistikas on tänaseks juba viinud selle suurel määral tavakasutajale kättesaadavasse vormi, toovad lähiaastad selles vallas veel suuri muutusi. Nende muutustega koos peab arenema ka bayesi õpetamine.

Me kasutame järgmisi R-i pakette, mis on kõik loodud bayesi mudelite rakendamise lihtsustamiseks: “rethinking” (McElreath, 2016), “brms” (Bürkner, 2017), “rstanarm” (Stan Development Team, 2016), “BayesianFirstAid” (Bååth, 2013) ja “bayesplot” (Gabry and Mahr, 2017). Lisaks veel “bayesboot” bootstrapimiseks (Bååth, 2016). Bayesi arvutusteks kasutavad need paketid Stan ja JAGS mcmc sämplereid (viimast küll ainult ‘BayesianFirstAid paket). Selle õpiku valmimisel on kasutatud McElreathi (McElreath, 2015), Kruschke (Kruschke, 2015) ja nn. Gelmani (Gelman et al., 2014) õpikuid.

0.2 Tarkvaratööriistad

0.2.1 Installeeri vajalikud programmid

Praktiline kursus eeldab töötavate R, RStudio ja Git programmide olemasolu sinu arvutist. Kõik on väga lihtsad installid.

1. Googelda "install R" või mine otse R allalaadimise veebilehele[1], laadi alla ja installi sobiv versioon.
2. Googelda "install RStudio" või mine otse RStudio allalaadimise veebilehele[2], laadi alla ja installi sobiv versioon.
3. Googelda "install git" või mine otse Git allalaadimise veebilehele[3], laadi alla ja installi sobiv versioon.

0.2.2 Loo GitHubi konto

GitHub on veebipõhine versioonikontrolli repositoorium ja veebimajutuse teenus.

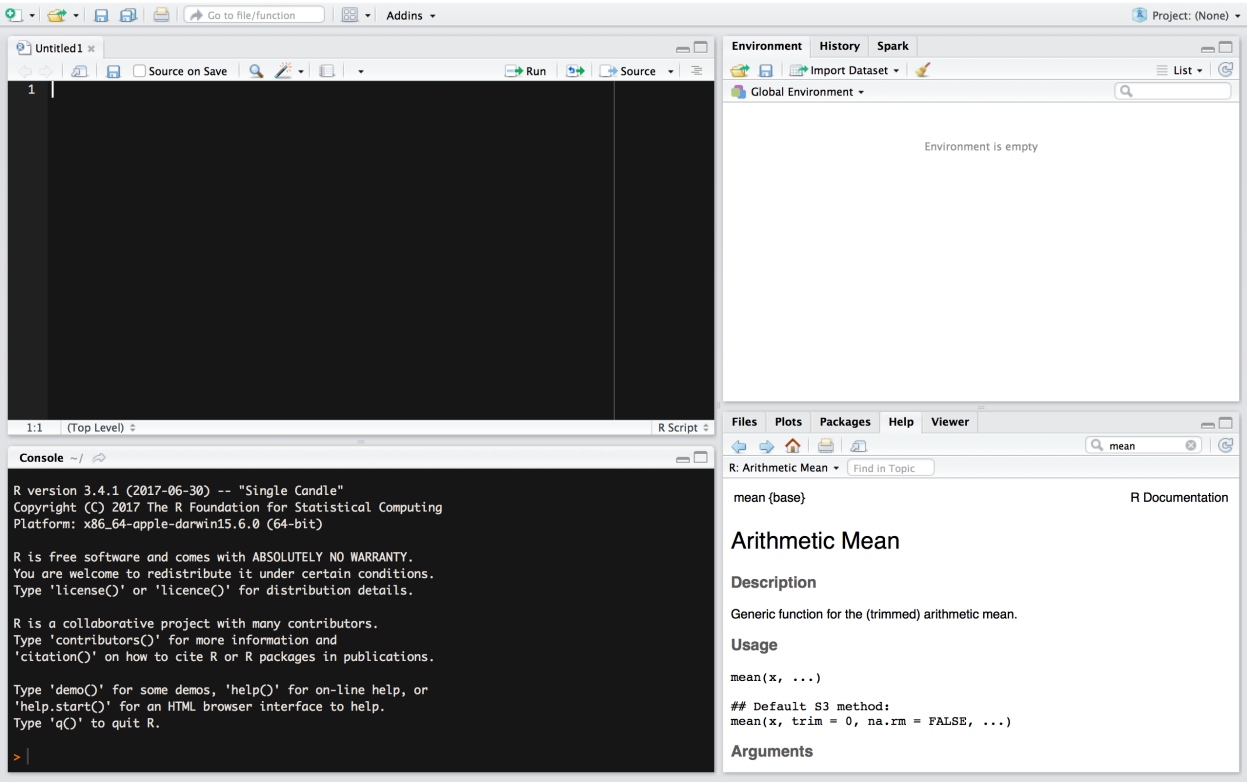
- konto loomiseks mine lehele `https://github.com`. Loo endale oma nimega seotud avalik konto. Tulevikule mõeldes vali kasutajanimi hoolikalt. Ära muretse detailide pärast, need on võimalik täita hiljem.
- Loo repo nimega `intro_demo`.
- Lisa repole lühike ja informatiivne kirjeldus.
- Vali "Public".
- Pane linnuke kasti "Initialize this repository with a README".
- Klikka "Create Repository".

0.2.3 Loo uus R projekt

> NB! Loo kataloogide nimed ilma tühikuteta. Tühikute asemel kasuta alakriipsu "_".

4. Ava RStudio (R ise töötab taustal ja sa ei pea seda kunagi ise avama)

[1] `https://cran.r-project.org`
[2] `https://www.rstudio.com/products/rstudio/download/`
[3] `https://git-scm.com/downloads`



Joonis 1: RStudio konsoolis on neli akent. Üleval vasakul on sinu poolt nimega varustatud koodi ja teksti editor kuhu kirjutad R skripti. Sinna kirjutad oma koodi ja kommentaarid sellele. All vasakul on konsool. Sinna sisestatakse käivitamisel sinu R kood ja sinna trükitakse väljund. Üleval paremal on Environment aken olulise sakiga . Seal on näha R-i objektid, mis on sulle töökeskkonnas kättesaadavad ja millega sa saad töötada. menüüs on võimalik muutusi vaadata ja 'commit'ida ja -ga suhelda. All paremal on paneel mitme sakiga. Files tab töötab nagu failihaldur. Kui sa lood või avad R projekti, siis näidatakse seal vaikimisi sinu töökataloogi. Kui kasutad R projekti, siis ei ole vaja töökataloogi eraldi seadistada. Plots paneelile ilmuvad joonised, mille sa teed. Packages näitab sulle sinu arvutis olevaid R-i pakette ehk raamatukogusid. Help paneeli avanevad help failid (ka need, mida konsooli kaudu otsitakse).

5. Ava RStudio akna (Joonis 1) paremalt ülevalt nurgast "Project" menüüst "New Project" dialoog.
6. Ava "New Directory" > "Empty Project" > vali projekti_nimi ja oma failisüsteemi alamkataloog kus see projekti kataloog asuma hakkab. Meie kursusel pane projekti/kataloogi nimeks "rstats2017".

Rohkem infot R projekti loomise kohta leiad RStudio infoleheküljelt: Using Projects[4].

[4] https://support.rstudio.com/hc/en-us/articles/200526207-Using-Projects

0.2.4 Git *Merge* konfliktid

Kollaboreerides üle GitHubi tekivad varem või hiljem konfliktid projekti failide versioonide vahel nn. "merge conflicts", nende korrektselt lahendama õppimine on väga oluline.

- Oma repo GitHubi veebilehel muuda/paranda README.md dokumenti ja "Commit"-i seda lühisõnumiga mis sa muutsid/parandasid.
- Seejärel, muuda oma arvutis olevat README.md faili RStudio-s viies sinna sisse mingi teistsuguse muudatuse. Tee "Commit" oma muudatustele.
- Proovi "push"-ida – sa saad veateate!
- Proovi "pull".
- Lahenda "merge" konflikt ja seejärel "commit" + "push".

Githubi veateadete lugemine ja Google otsing aitavad sind.

0.2.5 R projekti kataloogi soovitatav minimaalne struktuur

Iga R projekt peab olema täiesti iseseisev (*selfcontained*) ja sisaldama kogu infot, andmeid ja instruktsioone, et projektiga seotud arvutused läbi viia ja raport genereerida. Kõik faili *path*-id peavad olema suhtelised.

R projekti kataloog peaks sisaldama projekti kirjeldavaid faile, mis nimetatakse DESCRIPTION ja README.md. **DESCRIPTION** on tavaline tekstifail ja sisaldab projekti metainfot ja infot projekti sõltuvuste kohta, nagu väliste andmesettide asukoht, vajalik tarkvara jne. **README.md** on markdown formaadis projekti info, sisaldab juhendeid kasutajatele. Igale GitHubi repole on soovitav koostada README.md, esialgu kasvõi projekti pealkiri ja üks kirjeldav lause. README.md ja DESCRIPTION asuvad projekti juurkataloogis.

Projekti juurkataloogi jäävad ka kõik .Rmd laiendiga teksti ja analüüsi tulemusi sisaldavad failid, millest genereeritakse lõplik raport/dokument.

Suuremad projektid, nagu näiteks teadusartikkel või raamat, võivad sisaldada mitmeid Rmd faile ja võib tekkida kange kisatus need mõnda alamkataloogi tõsta. Aga `knitr::knit()`, mis Rmarkdowni markdowniks konverteerib, arvestab, et Rmd fail asub juurkataloogis ja arvestab juurkataloogi suhtes ka failis olevaid *path*-e teistele failidele (näiteks "data/my_data.csv").

data/ kataloog sisaldab faile toorandmetega. Need failid peavad olema R-i poolt loetavad ja soovitavalt tekstipõhised, laienditega TXT, CSV, TSV jne. Neid faile ei muudeta, ainult loetakse. Kogu algandmete töötlus toimub programmaatiliselt. Suured failid muudavad versioonikontrolli aeglaseks, samuti on suheliselt mõttetu versioonikontroll binaarsete failide korral (MS näiteks), sest diffid pole lihtsalt inimkeeles. Github ütleb suurte failide kohta nii: *"GitHub will warn you when pushing files larger than 50 MB. You will not be allowed to push files larger than 100 MB."*

src/ kataloog sisaldab analüüsi skripte, sealhulgas ka andmetöötluse skripte.

lib/ kataloogis on kasutaja poolt tehtud funktsioonide definitsioone sisaldavad R skriptid.

```
project/
|- DESCRIPTION       # project metadata and dependencies
|- README.md         # description of contents and guide to users
|- my_analysis.Rmd   # markdown file containing analysis
|                    # writeup together with R code chunks
|
|- data/             # raw data, not changed once created
|  +-my_data.csv     # data files in open formats,
|                    # such as TXT, CSV, TSV etc.
|
|- src/              # any programmatic code
|  +-my_scripts.R    # R code used to analyse and
|                    # visualise data
|
|- lib/              # user generated functions
|  +-my_functions.R  # R code defining functions
```

On ka teisi konventsioone, näiteks R pakkide puhul paigutatakse kõik R skriptid taaskasutatavate funktsioonidega kataloogi **R/**. Kui selles kataloogis olevad skriptid on annoteeritud kasutades Roxygeni (Wickham et al., 2017), siis genereeritakse automaatselt funktsioonide dokumentatsioon kataloogi **man/**. Rohkem projekti pakkimise kohta loe värskest preprindist "Packaging data analytical work reproducibly using R" (Marwick et al., 2017).

0.2.6 Pakettide installeerimine

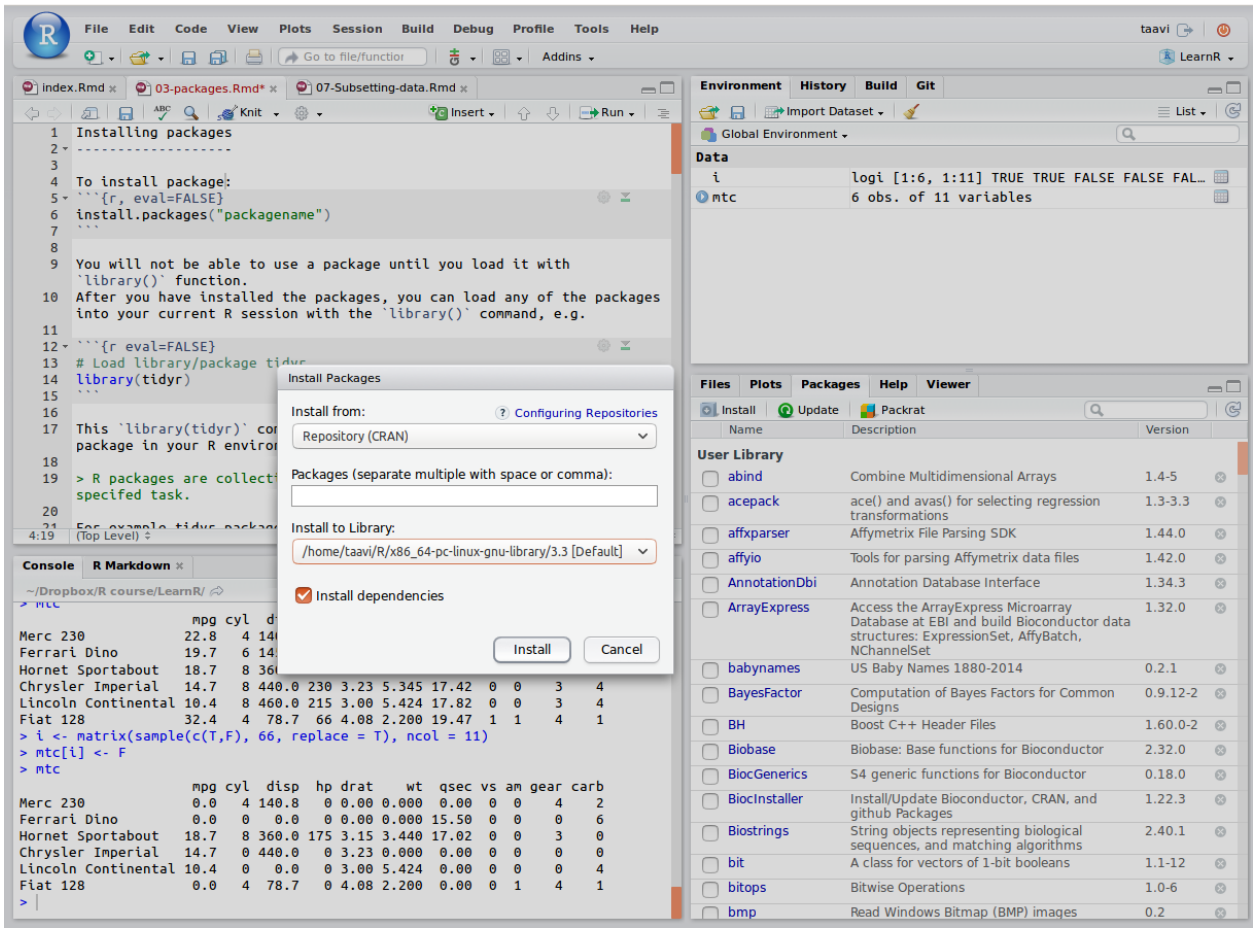
R *library*-d ehk paketid sisaldavad ühte või enamat mingit kindlat operatsiooni läbi viivat funktsiooni. **R baaspakett sisaldab juba mitmeid funktsioone.** Kõige esimene sõnum `sum()` help lehel on "sum {base}", mis tähendab, et see funktsioon kuulub nn. baasfunktsioonide hulka. Need funktsioonid on alati kättesaadavad sest neid sisaldavad raamatukogud laetakse vaikimisi teie töökeskkonda. Näiteks "base" raamatukogu versioon 3.4.2 sisaldab 453 funktsiooni. Enamasti on sarnaseid asju tegevad funktsioonid koondatud kokku raamatukogudesse ehk pakettidesse, mis tuleb eraldi R kesksest repositooriumist CRAN[5] alla laadida ja installeerida.

Selleks, et installeerida pakett, sisesta järgnev käsurida R konsooli:

```
## eg use "ggplot2" as packagename
install.packages("packagename")
```

NB! Kui mõni raamatukogu sel viisil alla ei tule, siis guugeldage selle nime + R ja vaadake instrukt-

[5] https://cran.r-project.org



Joonis 2: RStudio 'Install Packages' dialoogiaken.

sioone installeerimiseks. Suure tõenäosusega on tegemist mõnes teises repos (näiteks Bioconductor) või ainult GitHubis asuva paketiga.

RStudio võimaldab ka *point-and-click* stiilis pakettide installeerimist:

> Sa ei saa installeeritud pakette enne kasutada, kui laadid nad töökeskkonda kasutades `library()` funktsiooni.

Peale installeerimist lae pakett oma R sessiooni kasutades `library()` käsku, näiteks:

```
## Load library/package dplyr
library(dplyr)
```

`library(dplyr)` käsk teeb R sessioonis kasutatavaks kõik "dplyr" paketi funktsioonid.

Näiteks “dplyr” pakett sisaldab 237 funktsiooni:

```
library(dplyr)
## let's look at the head of package list
head(ls("package:dplyr"), 20)
#>  [1] "%>%"           "add_count"     "add_count_"
#>  [4] "add_row"       "add_rownames"  "add_tally"
#>  [7] "add_tally_"    "all_equal"     "all_vars"
#> [10] "anti_join"     "any_vars"      "arrange"
#> [13] "arrange_"      "arrange_all"   "arrange_at"
#> [16] "arrange_if"    "as_data_frame" "as_tibble"
#> [19] "as.tbl"        "as.tbl_cube"
```

Konfliktide korral eri pakettide sama nimega funktsioonide vahel saab `::` operaatorit kasutades kutsuda välja/importida funktsiooni spetsiifilisest paketist:

```
dplyr::select(df, my_var)
```

Sellisel kujul funktsioonide kasutamisel pole vaja imporditavat funktsiooni sisaldavat raamatukogu töökeskkonda laadida.

Funktsioonide-pakettide help failid RStudio kasutajaliidesest: Kui te lähete RStudios paremal all olevale “Packages” tabile, siis on võimalik klikkida raamatukogu nimele ja näha selle help-faile, tutooriale ja kõiki selle raamatukogu funktsioone koos nende help failidega.

0.2.7 R repositooriumid

R pakid on saadaval kolmest põhilisest repositooriumist:

1. **CRAN** https://cran.r-project.org

```
install.packages("ggplot2")
```

2. **Bioconductor** https://www.bioconductor.org

```
# First run biocLite script fron bioconductor.org
source("https://bioconductor.org/biocLite.R")
# use 'http' in url if 'https' is unavailable.
biocLite("edgeR")
```

3. **GitHub** https://github.com

```
## Näiteks järgnev käsk installeerib xaringan
## presentation ninja paketi
devtools::install_github("yihui/xaringan")
```

NB! antud praktilise kursuse raames tutvume ja kasutame 'tidyverse' metapaketi funktsioone, laadides need iga sessiooni alguses:

```
## install.packages("tidyverse")
library(tidyverse)
```

Nüüd on teil `tidyverse` pakett arvutis. Tegelikult kuuluvad siia raamatukokku omakorda tosinkond raamatukogu — tidyverse on pisut meta. Igal juhul muutuvad selle funktsioonid kättesaadavaks peale seda, kui te need töökeskkonda sisse loete

Veel üks tehniline detail. `library(tidyverse)` käsk ei loe sisse kõiki alam-raamatukogusid, mis selle nime all CRAN-ist alla laaditi. Need tuleb vajadusel eraldi ükshaaval sisse lugeda.

Paiguta kõigi raamatukogude lugemine koodi algusesse. Enamasti kirjutatakse sisse loetavad raamatukogud kohe R scripti algusesse. Siis on teile endale ja teistele kes teie koodi loevad ilusti näha, mida hiljem vaja läheb.

0.3 R on kalkulaator

Liidame `2 + 2`.

```
2 + 2
#> [1] 4
```

Nüüd trükiti see vastus konsooli kujul `[1] 4`. See tähendab, et `2 + 2 = 4`.

Kontrollime seda:

```
## liidame 2 ja 2 ning vaatame kas vastus võrdub 4
answer <- (2 + 2) == 4
## Trükime vastuse välja
answer
#> [1] TRUE
```

Vastus on TRUE, (logical).

Pane tähele, et aritmeetiline võrdusmärk on == (sest = tähendab hoopis väärtuse määramist objektile/argumendile).

Veel mõned näidisarvutused:

```
## 3 astmes 2; Please read Note ?'**'
3 ^ 2 # 3**2 also works
## Ruutjuur 3st
sqrt(3)
## Naturaallogaritm sajast
log(100)
```

Arvule π on määratud oma objekt `pi`. Seega on soovitav enda poolt loodavatele objektidele mitte panna nimeks “pi”.

```
## Ümarda pi neljale komakohale
round(pi, 4)
#> [1] 3.14
```

Ümardamine on oluline tulemuste väljaprintimisel.

0.3.1 Sama koodi saab kirjutada neljal viisil

Hargnevate teede aed: kui me muudame olemasolevat objekti on meil alati kaks valikut. Me kas jätame muudetud objektile vana objekti nime või me anname talle uue nime. Esimesel juhul läheb vana muutmata objekt workspacest kaduma aga nimesid ei tule juurde ja säilib teatud workflow sujuvus. Teisel juhul jäävad analüüsi vaheobjektid meile alles ja nende juurde saab alati tagasi tulla. Samas tekkib meile palju sarnaste nimedega objekte.

Kõigepealt laadime vajalikud raamatukogud.

```
## We need piping operator '%>%' from magrittr.
## We can import '%>%' via dplyr from tidyverse
library(dplyr)
```

Esimene võimalus:

```
a <- c(2, 3)
a <- sum(a)
a <- sqrt(a)
a <- round(a, 2)
a
#> [1] 2.24
```

Teine võimalus:

```
a <- c(2, 3)
a1 <- sum(a)
a2 <- sqrt(a1)
a3 <- round(a2, 2)
a3
#> [1] 2.24
```

Kolmas võimalus on lühem variant esimesest. Me nimelt ühendame etapid toru `%>%` kaudu. Siin me võtame objekti "a" (nö. andmed), suuname selle funktsiooni `sum()`, võtame selle funktsiooni väljundi ja suuname selle omakorda funktsiooni `sqrt()`. Seejärel võtame selle funktsiooni outputi ja määrame selle nimele "result" (aga võime selle ka mõne teise nimega siduda). Kui mõni funktsioon võtab ainult ühe parameetri, mille me talle toru kaudu sisse sõõdame, siis pole selle funktsiooni taga isegi sulge vaja.

NB! R hea stiili juhised soovitavad siiski ka *pipe*-s kasutada funktsiooni koos sulgudega!

See on hea lühike ja inimloetav viis koodi kirjutada, mis on masina jaoks identne esimese koodiga.

```
a <- c(2, 3)
result <- a %>% sum() %>% sqrt() %>% round(2)
result
#> [1] 2.24
```

Neljas võimalus, klassikaline baas R lahendus:

```
a <- c(2, 3)
a1 <- round(sqrt(sum(a)), 2)
a1
#> [1] 2.24
```

Sellist koodi loetakse keskelt väljappoole ja kirjutatakse alates viimasest operatsioonist, mida soovitakse, et kood teeks. Masina jaoks pole vahet. Inimese jaoks on küll: 4. variant nõuab hästi pestud ajusid.

Koodi lühidus 4 –> 3 –> 1 –> 2 (pikem) Lollikindlus 1 –> 2 –> 3 –> 4 (vähem lollikindel)

See on teie otsustada, millist koodivormi te millal kasutate, aga te peaksite oskama lugeda neid kõiki.

0.4 R objektid

R-i töökeskkonnas "workspace" asuvad **objektid**, millega me töötame. Tüüpilised objektid on:

- Vektorid, maatriksid, listid ja tabelid.
- Statistiliste analüüside väljundid (S3, S4 klass).
- Funktsioonid, mille oleme ise sisse lugenud.

Käsk `ls()` annab objektide nimed teie workspace-s:

```
ls()
#> [1] "old"
```

`rm(a)` removes object a from the workspace

Selleks, et salvestada töökeskkond faili kasuta "Save" nuppu "Environment" akna servast või menüüst "Session" -> "Save Workspace As".

Projekti sulgemisel salvestab RStudio vaikimisi töökeskkonna. **Parema reprodutseeritavuse huvides pole siiski soovitav töökeskkonda peale töö lõppu projekti sulgemisel salvestada!**. Lülitame automaatse salvestamise välja:

- Selleks mine "Tools" > "Global Options" > kõige ülemine, "R General" menüüs vali "Save workspace to .RData on exit" > "Never" ever!
- Võta ära linnuke "Restore .RData to workspace at startup" eest.

Kui on mingid kaua aega võtvad kalkulatsioonid või allalaadimised salvesta need eraldi .rds faili ja laadi koodis vastavalt vajadusele.

Nüüd laadime hiljem vaja minevad libraryd:

```
library(tidyverse)
library(VIM)
library(readxl)
## Install gotta read em all as R studio addin
## install.packages("devtools")
#devtools::install_github("Stan125/GREA")
```

0.4.1 Objekt ja nimi

Kui teil sünnib laps, annate talle nime. R-s on vastupidi: nimele antakse objekt

```
babe <- "beebi"
babe
#> [1] "beebi"
```

Siin on kõigepealt nimi (babe), siis assingmenti sümbol <- ja lõpuks objekt, mis on nimele antud (string "beebi").

NB! Stringid on jutumärkides, nimed mitte. Nimi üksi evalueeritakse kui "print object", mis antud juhul on string "beebi"

Nüüd muudame objekti nime taga:

```
babe <- c("saatan", "inglike")
babe
#> [1] "saatan"  "inglike"
```

Tulemuseks on sama nimi, mis tähistab nüüd midagi muud (vektorit, mis koosneb 2st stringist). Objekt "beebi" kaotas oma nime ja on nüüd workspacest kadunud. `class()` annab meile objekti klassi.

```
class(babe)
#> [1] "character"
```

Antud juhul character.

> Ainult need objektid, mis on assigneeritud nimele, lähevad workspace ja on sellistena kasutatvad edasises analüüsis.

```
apples <- 2
bananas <- 3
apples + bananas
#> [1] 5
```

Selle ekspressiooni tulemus trükitakse ainult R konsooli, kuna teda ei määrata nimele siis ei ilmu see ka workspace.

```
a <- 2
b <- 3
a <- a + b
# objekti nimega 'a' struktuur
str(a)
#>  num 5
```

Nüüd on nimega a seostatud uus objekt, mis sisaldab numbrit 5 (olles ühe elemendiga vektor). Ja nimega a eelnevalt seostatud objekt, mis koosnes numbrist 2, on workspacest lahkunud.

0.4.2 Nimede vorm

- Nimed algavad tähemärgiga, mitte numbriga ega $€%&/?~ˇöõüä
- Nimed ei sisalda tühikuid
- Tühiku asemel kasuta alakriipsu: näiteks eriti_pikk_nimi
- SUURED ja väiksed tähed on nimes erinevad
- Nimed peaksid kirjeldama objekti, mis on sellele nimele assigneeritud ja nad võivad olla pikad sest TAB klahv annab meile auto-complete.
- alt + - on otsetee <- jaoks

0.4.3 Andmete tüübid

- numeric / integer
- logical – 2 väärtust TRUE/FALSE
- character
- factor (ordered and unordered) - 2+ diskreetset väärtust, mis võivad olla järjestatud suuremast väiksemani (aga ei asu üksteisest võrdsel kaugusel). Faktoreid käsitleme põhjalikumalt hiljem.

Andmete tüüpe saab üksteiseks konverteerida `as.numeric()`, `as.character()`, `as.factor()`.

0.4.4 Vektor

Vektor on rida kindlas järjekorras arve, sõnu või TRUE/FALSE loogilisi väärtusi. Iga vektor ja maatriks (2D vektor) sisaldab ainult ühte tüüpi andmeid. Vektor on elementaarüksus, millega me teeme tehteid. Andmetabelis ripuvad kõrvuti ühepikad vektorid (üks vektor = üks tulp) ja R-le meeldib arvutada vektori kaupa vasakult paremale (mis tabelis on ülevalt alla sest vektori algus on üleval tabeli peas). Pikema kui üheelemendise vektori loomiseks kasuta funktsiooni `c()` – combine

Loome numbrilise vektori ja vaatame ta struktuuri:

```
minu_vektor <- c(1, 3, 4)
str(minu_vektor)
#>  num [1:3] 1 3 4
```

Loome vektori puuduva väärtusega, vaatame vektori klassi:

```
minu_vektor <- c(1, NA, 4)
minu_vektor
#> [1]  1 NA  4
class(minu_vektor)
#> [1] "numeric"
```

Klass jääb *numeric*-uks.

Kui vektoris on segamini numbrid ja stringid, siis muudetakse numbrid ka stringideks:

```
minu_vektor <- c(1, "2", 2, 4, "joe")
minu_vektor
#> [1] "1"   "2"   "2"   "4"   "joe"
class(minu_vektor)
#> [1] "character"
```

Piisab ühest "tõrvatilgast meepotis", et teie vektor ei sisaldaks enam numbreid.

Eelnevast segavektorist on võimalik numbrid päästa kasutades käsku `as.numeric()`:

```
as.numeric(minu_vektor)
#> Warning: NAs introduced by coercion
#> [1]  1  2  2  4 NA
```

Väärtus "joe" muudeti NA-ks, kuna seda ei olnud võimalik numbriks muuta. Samuti peab olema tähelepanelik faktorite muutmisel numbriteks:

```
minu_vektor <- factor(c(9, "12", 12, 1.4, "joe"))
minu_vektor
#> [1] 9   12  12  1.4 joe
#> Levels: 1.4 12 9 joe
class(minu_vektor)
#> [1] "factor"
## Kui muudame faktori otse numbriks, saame faktori taseme numbri
as.numeric(minu_vektor)
#> [1] 3 2 2 1 4
```

Faktorite muutmisel numbriteks tuleb need kõigepealt stringideks muuta:

```
as.numeric(as.character(minu_vektor))
#> Warning: NAs introduced by coercion
#> [1]  9.0 12.0 12.0  1.4   NA
```

Järgneva trikiga saab stringidest ekstraheerida numbrid:

```
minu_vektor <- c(1, "A2", "$2", "joe")
## parse_number() is imported from tidyverse 'readr'
minu_vektor <- as.vector(parse_number(minu_vektor))
#> Warning: 1 parsing failure.
#> row # A tibble: 1 x 4 col     row   col expected actual expected   <int> <int> <chr>    <chr>  actual 1
minu_vektor
#> [1]  1  2  2 NA
str(minu_vektor)
#>  num [1:4] 1 2 2 NA
```

R säilitab vektori algse järjekorra. Sageli on aga vaja tulemusi näiteks vaatamiseks ja presenteerimiseks sorteerida suuruse või tähestiku järjekorras:

```
## sorts vector in ascending order
sort(x, decreasing = FALSE, ...)
```

Vektori unikaalsed väärtused saab kätte käsuga `unique()`:

```
## returns a vector or data frame, but with duplicate elements/rows removed
unique(c(1,1,1,2,2,2,2,2,3,3,4,5,5))
#> [1] 1 2 3 4 5
```

0.4.4.1 Uus vektor: `seq()` ja `rep()`

```
seq(2, 3, by = 0.5)
#> [1] 2.0 2.5 3.0
seq(2, 3, length.out = 5)
#> [1] 2.00 2.25 2.50 2.75 3.00
rep(1:2, times = 3)
#> [1] 1 2 1 2 1 2
rep(1:2, each = 3)
#> [1] 1 1 1 2 2 2
rep(c("a", "b"), each = 3, times = 2)
#>  [1] "a" "a" "a" "b" "b" "b" "a" "a" "a" "b" "b" "b"
```

0.4.4.2 Tehted arvuliste vektoritega

Vektoreid saab liita, lahutada, korrutada ja jagada.

```
a <- c(1, 2, 3)
b <- 4
a + b
#> [1] 5 6 7
```

Kõik vektor a liikmed liideti arvuga 3 (kuna vektor b koosnes ühest liikmest, läks see kordusesse)

```
a <- c(1, 2, 3)
b <- c(4, 5)
a + b
#> Warning in a + b: longer object length is not a
#> multiple of shorter object length
#> [1] 5 7 7
```

Aga see töötab veateatega, sest vektorite pikkused ei ole üksteise kordajad 1 + 4; 2 + 5, 3 + 4

```
a <- c(1, 2, 3, 4)
b <- c(5, 6)
a + b
#> [1]  6  8  8 10
```

See töötab: 1 + 5; 2 + 6; 3 + 5; 4 + 6

```
a <- c(1, 2, 3, 4)
b <- c(5, 6, 7, 8)
a + b
#> [1]  6  8 10 12
```

Samuti see (ühepikkused vektorid — igat liiget kasutatakse üks kord)

```
a <- c(TRUE, FALSE, TRUE)
sum(a)
#> [1] 2
mean(a)
#> [1] 0.667
```

Mis siin juhtus? R kodeerib sisemiselt TRUE kui 1 ja FALSE kui 0-i. summa 1 + 0 + 1 = 2. Seda loogiliste väärtuste omadust õpime varsti praktikas kasutama.

0.4.5 List

List on objektitüüp, kuhu saab koondada kõiki teisi objekte, kaasa arvatud listid. See on lihtsalt viis objektid koos hoida ühes suuremas meta-objektis. List on nagu jõuluvana kingikott, kus kommid, sokipaarid ja muud kingid kõik segamini loksuvad.

Näiteks siin list, kus loksuvad 1 vektor nimega a, 1 tibble nimega b ja 1 list nimega c, mis omakorda sisaldab vektorit nimega d ja tibblet nimega e. Seega on meil tegu rekursiivse listiga.

```
# numeric vector a
a <- runif(5)
# data.frame
ab <- data.frame(a, b = rnorm(5))
# linear model
model <- lm(mpg ~ hp, data = mtcars)
# your grandma on bongos
grandma <- "your grandma on bongos"
# let's creat list
happy_list <- list(a, ab, model, grandma)
happy_list
#> [[1]]
#> [1] 0.5786 0.4685 0.9278 0.0331 0.9821
#>
#> [[2]]
#>        a      b
#> 1 0.5786 -0.158
#> 2 0.4685 -0.188
#> 3 0.9278 -0.379
#> 4 0.0331 -1.147
#> 5 0.9821  0.110
#>
#> [[3]]
#>
#> Call:
#> lm(formula = mpg ~ hp, data = mtcars)
#>
#> Coefficients:
#> (Intercept)           hp
#>     30.0989      -0.0682
#>
#>
#> [[4]]
#> [1] "your grandma on bongos"
```

Võtame listist välja elemndi “ab”:

```
happy_list$ab
#> NULL
```

0.4.6 data frame ja tibble

Andmeraam on eriline list, mis koosneb ühepikkustest vektoritest. Andmeraam on ühtlasi teatud liiki tabel, kus igas veerus on ainult ühte tüüpi andmed. Need vektorid ripuvad andmeraamis kõrvuti nagu tuulehaugid suitsuahjus, kusjuures vektori algus vastab tuulehaugi peale, mis on konksu otsas (konks vastab andmeraamis tulba nimele ja ühtlasi vektori nimele). Iga vektori nimi muutub sellises tabelis tulba nimeks. Igas tulbas saab olla ainult ühte tüüpi andmeid.

R-s on 2 andmeraami tüüpi: data frame ja tibble, mis on väga sarnased. Tibble on uuem, veidi kaunima väljatrükiga, pisut mugavam kasutada.

> Oluline on, et erinevalt data frame-st saab tibblesse lisada ka list tulpasid, mis võimaldab sisuliselt suvalisi R objekte tibblesse paigutada. Põhimõtteliselt piisab ainult ühest andmestruktuurist – tibble, et R-is töötada. Kõik mis juhtub tibbles jääb tibblesse. Nice and tidy – tidyverse.

"Tidyverse" töötab tibblega veidi paremini kui data frame-ga, aga see vahe ei ole suur.

Siin on meil 3 vektorit: shop, apples ja oranges, millest me paneme kokku tibble nimega fruits

```
## loome kolm vektorit
shop <- c("maxima", "tesco", "lidl")
apples <- c(1, 4, 43)
oranges <- c(2, 32, NA)
vabakava <- list(letters, runif(10), lm(mpg ~ cyl, mtcars))
## paneme need vektorid kokku tibble-sse
fruits <- tibble(shop, apples, oranges, vabakava)
fruits
#> # A tibble: 3 x 4
#>   shop   apples oranges vabakava
#>   <chr>   <dbl>   <dbl> <list>
#> 1 maxima   1.00    2.00 <chr [26]>
#> 2 tesco    4.00   32.0  <dbl [10]>
#> 3 lidl    43.0    NA    <S3: lm>
```

Siin ta on, ilusti meie workspace-s. Pange tähele viimast tulpa "vabakava", mis sisaldab *character* vektorit, numbrilist vektorit ja lineaarse mudeli objekti.

Listi juba nii lihtsalt data.frame-i ei pane:

```
dfs <- try(data.frame(shop, apples, oranges, vabakava))
dfs
#> [1] "Error in as.data.frame.default(x[[i]], optional = TRUE, stringsAsFactors = stringsAsFactors) : \n  cann
#> attr(,"class")
#> [1] "try-error"
#> attr(,"condition")
#> <simpleError in as.data.frame.default(x[[i]], optional = TRUE, stringsAsFactors = stringsAsFactors): cannot
```

Mõned asjad, mida tibblega (ja data framega) saab teha:

```
count(fruits, apples)
#> # A tibble: 3 x 2
#>   apples     n
#>    <dbl> <int>
#> 1   1.00     1
#> 2   4.00     1
#> 3  43.0      1
count(fruits, shop)
#> # A tibble: 3 x 2
#>   shop       n
#>   <chr>  <int>
#> 1 lidl       1
#> 2 maxima     1
#> 3 tesco      1
summary(fruits)
#>      shop               apples        oranges
#>  Length:3           Min.   : 1.0   Min.   : 2.0
#>  Class :character   1st Qu.: 2.5   1st Qu.: 9.5
#>  Mode  :character   Median : 4.0   Median :17.0
#>                     Mean   :16.0   Mean   :17.0
#>                     3rd Qu.:23.5   3rd Qu.:24.5
#>                     Max.   :43.0   Max.   :32.0
#>                                    NA's   :1
#>  vabakava.Length  vabakava.Class  vabakava.Mode
#>  26         -none-     character
#>  10         -none-     numeric
#>  12         lm         list
#>
#>
#>
#>
names(fruits)
#> [1] "shop"     "apples"   "oranges"  "vabakava"
```

```
colnames(fruits)
#> [1] "shop"     "apples"   "oranges"  "vabakava"
nrow(fruits)
#> [1] 3
ncol(fruits)
#> [1] 4
arrange(fruits, desc(apples)) #sorteerib tabeli veeru "apples" väärtuste järgi langevalt (default on tõusev sor
#> # A tibble: 3 x 4
#>   shop   apples oranges vabakava
#>   <chr>   <dbl>   <dbl> <list>
#> 1 lidl    43.0    NA    <S3: lm>
#> 2 tesco    4.00   32.0  <dbl [10]>
#> 3 maxima   1.00    2.00 <chr [26]>
top_n(fruits, 2, apples) #saab 2 rida, milles on kõige rohkem õunu
#> # A tibble: 2 x 4
#>   shop  apples oranges vabakava
#>   <chr>  <dbl>   <dbl> <list>
#> 1 tesco   4.00    32.0 <dbl [10]>
#> 2 lidl   43.0     NA   <S3: lm>
top_n(fruits, -2, apples) #saab 2 rida, milles on kõige vähem õunu
#> # A tibble: 2 x 4
#>   shop   apples oranges vabakava
#>   <chr>   <dbl>   <dbl> <list>
#> 1 maxima   1.00    2.00 <chr [26]>
#> 2 tesco    4.00   32.0  <dbl [10]>
```

Tibblega saab teha maatriksarvutusi, kui kasutada ainult arvudega ridu. `apply()` arvutab maatriksi rea (1) või veeru (2) kaupa, vastavalt funktsioonile, mille sa ette annad.

```
colSums(fruits[ , 2:3])
#>  apples oranges
#>      48      NA
rowSums(fruits[ , 2:3])
#> [1]  3 36 NA
rowMeans(fruits[ , 2:3])
#> [1]  1.5 18.0   NA
colMeans(fruits[ , 2:3])
#>  apples oranges
#>      16      NA
fruits_subset <- fruits[ , 2:3]
# 1 tähendab, et arvuta sd rea kaupa
apply(fruits_subset, 1, sd)
#> [1]  0.707 19.799     NA
```

```
# 2 tähendab, et arvuta sd veeru kaupa
apply(fruits_subset, 2, sd)
#>  apples oranges
#>    23.4      NA
```

Lisame käsitsi meie tabelile 1 rea:

```
fruits <- add_row(fruits,
                  shop = "konsum",
                  apples = 132,
                  oranges = -5,
                  .before = 3)
fruits
#> # A tibble: 4 x 4
#>   shop   apples oranges vabakava
#>   <chr>   <dbl>   <dbl> <list>
#> 1 maxima   1.00    2.00 <chr [26]>
#> 2 tesco    4.00   32.0  <dbl [10]>
#> 3 konsum 132     - 5.00 <NULL>
#> 4 lidl    43.0    NA    <S3: lm>
```

Proovi ise:

```
add_column()
```

Eelnevaid verbe ei kasuta me vist enam kunagi sest tavaliselt loeme me andmed sisse väljaspoolt R-i. Aga väga kasulikud on järgmised käsud:

0.4.6.1 Rekodeerime tibble väärtusi

```
fruits$apples[fruits$apples==43] <- 333
fruits
#> # A tibble: 4 x 4
#>   shop   apples oranges vabakava
#>   <chr>   <dbl>   <dbl> <list>
#> 1 maxima   1.00    2.00 <chr [26]>
#> 2 tesco    4.00   32.0  <dbl [10]>
#> 3 konsum 132     - 5.00 <NULL>
#> 4 lidl   333      NA    <S3: lm>
fruits$shop[fruits$shop=="tesco"] <- "TESCO"
fruits
#> # A tibble: 4 x 4
```

```
#>   shop   apples oranges vabakava
#>   <chr>   <dbl>   <dbl> <list>
#> 1 maxima   1.00    2.00 <chr [26]>
#> 2 TESCO    4.00   32.0  <dbl [10]>
#> 3 konsum 132     - 5.00 <NULL>
#> 4 lidl   333      NA    <S3: lm>
fruits$apples[fruits$apples>100] <- NA
fruits
#> # A tibble: 4 x 4
#>   shop   apples oranges vabakava
#>   <chr>   <dbl>   <dbl> <list>
#> 1 maxima   1.00    2.00 <chr [26]>
#> 2 TESCO    4.00   32.0  <dbl [10]>
#> 3 konsum  NA     - 5.00 <NULL>
#> 4 lidl    NA      NA    <S3: lm>
```

Remove duplicate rows where specific column (col1) contains duplicated values:

```
distinct(dat, col1, .keep_all = TRUE)
# kõikide col vastu
distinct(dat)
```

Rekodeerime `Inf` ja `NA` väärtused nulliks (mis küll tavaliselt on halb mõte):

```
# inf to 0
x[is.infinite(x)] <- 0
# NA to 0
x[is.na(x)] <- 0
```

0.4.6.2 Ühendame kaks tibblet rea kaupa

Tabeli veergude arv ei muutu, ridade arv kasvab.

```
dfs <- tibble(colA = c("a", "b", "c"), colB = c(1, 2, 3))
dfs1 <- tibble(colA = "d", colB =  4)
#id teeb veel ühe veeru, mis näitab, kummast algtabelist iga uue tabeli rida pärit on
bind_rows(dfs, dfs1, .id = "id")
#> # A tibble: 4 x 3
#>   id    colA   colB
#>   <chr> <chr> <dbl>
#> 1 1     a      1.00
#> 2 1     b      2.00
```

```
#> 3 1     c      3.00
#> 4 2     d      4.00
```

Vaata Environmentist need tabelid üle ja mõtle järgi, mis juhtus.

Kui `bind_rows()` miskipärast ei tööta, proovi `do.call(rbind, dfs)`, mis on väga sarnane.

NB! Alati kontrollige, et ühendatud tabel oleks selline, nagu te tahtsite!

Näiteks, võib-olla te tahtsite järgnevat tabelit saada, aga võib-olla ka mitte:

```
df2 <- tibble(ColC = "d", ColD = 4)
## works by guessing your true intention
bind_rows(dfs1, df2)
#> # A tibble: 2 x 4
#>   colA   colB ColC   ColD
#>   <chr> <dbl> <chr> <dbl>
#> 1 d      4.00 <NA>  NA
#> 2 <NA>  NA    d      4.00
```

0.4.6.3 ühendame kaks tibblet veeru kaupa

Meil on 2 verbi: bind_cols ja cbind, millest esimene on konservatiivsem. Proovige eelkõige bind_col-ga läbi saada, aga kui muidu ei saa, siis cbind ühendab vahest asju, mida bind_cols keeldub puutumast. NB! Alati kontrollige, et ühendatud tabel oleks selline, nagu te tahtsite!

```
dfx <- tibble(colC = c(4, 5, 6))
bind_cols(dfs, dfx)
#> # A tibble: 3 x 3
#>   colA   colB  colC
#>   <chr> <dbl> <dbl>
#> 1 a      1.00  4.00
#> 2 b      2.00  5.00
#> 3 c      3.00  6.00
```

0.4.6.4 tabelite ühendamine join()-ga

Kõigepealt 2 tabelit: df1 ja df2.

```
df1 <- tribble(
  ~ Member,         ~ yr_of_birth,
  "John Lennon",    1940,
  "Paul McCartney", 1942
```

```
)

df1
#> # A tibble: 2 x 2
#>   Member         yr_of_birth
#>   <chr>                <dbl>
#> 1 John Lennon           1940
#> 2 Paul McCartney        1942
```

```
df2 <- tribble(
  ~ Member,            ~ instrument,    ~ yr_of_birth,
  "John Lennon",      "guitar",         1940,
  "Ringo Starr",      "drums",          1940,
  "George Harrisson", "guitar",         1942
)
df2
#> # A tibble: 3 x 3
#>   Member           instrument yr_of_birth
#>   <chr>            <chr>            <dbl>
#> 1 John Lennon      guitar            1940
#> 2 Ringo Starr      drums             1940
#> 3 George Harrisson guitar            1942
```

Ühendan 2 tabelit nii, et mõlema tabeli kõik read ilmuvad uude tabelisse.

```
full_join(df1, df2)
#> # A tibble: 4 x 3
#>   Member           yr_of_birth instrument
#>   <chr>                  <dbl> <chr>
#> 1 John Lennon             1940 guitar
#> 2 Paul McCartney          1942 <NA>
#> 3 Ringo Starr             1940 drums
#> 4 George Harrisson        1942 guitar
```

Ühendan esimese tabeliga df2 nii, et ainult df1 read säilivad, aga df2-lt võetakse sisse veerud, mis df1-s puuduvad. See on hea join, kui on vaja algtabelile lisada infot teistest tabelitest.

```
left_join(df1, df2)
#> # A tibble: 2 x 3
#>   Member         yr_of_birth instrument
#>   <chr>                <dbl> <chr>
```

```
#> 1 John Lennon           1940 guitar
#> 2 Paul McCartney        1942 <NA>
```

Filtreerin välja need df1 read, millele vastab rida df2-s.

```
semi_join(df1, df2)
#> # A tibble: 1 x 2
#>   Member      yr_of_birth
#>   <chr>             <dbl>
#> 1 John Lennon        1940
```

Filtreerin välja need df1 read, millele ei vasta rida df2-s.

```
anti_join(df1, df2)
#> # A tibble: 1 x 2
#>   Member         yr_of_birth
#>   <chr>                <dbl>
#> 1 Paul McCartney        1942
```

0.4.6.5 Nii saab tibblest kätte vektori, millega saab tehteid teha.

Tibble jääb muidugi endisel kujul alles.

```
ubinad <- fruits$apples
ubinad <- ubinad + 2
ubinad
#> [1]  3  6 NA NA
## see on jälle vektor
str(ubinad)
#>  num [1:4] 3 6 NA NA
```

0.4.6.6 Andmeraamide salvestamine (eksport-import)

Andmeraami saame salvestada näiteks csv-na (comma separated file) oma kõvakettale, kasutame "tidyverse" analooge paketist "readr", mille nimed on baas R funktsioonidest eristatavad alakriipsu "_" kasutamisega. "readr" laaditakse "tidyverse" laadimisega.

```
## loome uuesti fruits data tibble
shop <- c("maxima", "tesco", "lidl")
apples <- c(1, 4, 43)
oranges <- c(2, 32, NA)
```

```
fruits <- tibble(shop, apples, oranges, vabakava)
## kirjutame fruits tabeli csv faili fruits.csv kataloogi data
write_csv(fruits, "data/fruits.csv")
```

Kuhu see fail läks? See läks meie projekti juurkataloogi kausta "data/", juurkataloogi asukoha oma arvuti kõvakettal leiame käsuga:

```
getwd()
#> [1] "/home/travis/build/rstats-tartu/lectures"
```

Andmete sisselugemine töökataloogist:

```
fruits <-  read_csv("data/fruits.csv")
```

MS exceli failist saab tabeleid importida "readxl" raamatukogu abil.

```
library(readxl)
## kõigepealt vaatame kui palju sheete failis on
sheets <- excel_sheets("data/excelfile.xlsx")
## siis impordime näiteks esimese sheeti
dfs <- read_excel("data/excelfile.xlsx", sheet = sheets[1])
```

Excelist csv-na eksporditud failid tuleks sisse lugeda käsuga `read_csv2` või `read.csv2` (need on erinevad funktsioonid; read.csv2 loeb selle sisse data framena ja read_csv2 tibble-na).

R-i saab sisse lugeda palju erinevaid andmeformaate. Näiteks, installi RStudio addin: "Gotta read em all R", vaata eespool. See läheb ülesse tab-i Addins. Sealt saab selle avada ja selle abil tabeleid oma workspace üles laadida. Selline point-and-click lahendus sobib ehk tabelite esialgseks tutvumiseks, kuid korrektne on andmed importida programmaatiliselt oma skriptis.

Alternatiiv: mine alla paremake Files tab-le, navigeeri sinna kuhu vaja ja kliki faili nimele, mida tahad R-i importida.

Mõlemal juhul ilmub alla konsooli (all vasakul) koodijupp, mille jooksutamine peaks asja ära tegema. Te võite tahta selle koodi kopeerida üles vasakusse aknasse kus teie ülejäänud kood tulevastele põlvedele säilub.

Tüüpiliselt töötate R-s oma algse andmestikuga. Reprodutseeruvaks projektiks on vaja 2 asja: algandmeid ja koodi, millega neid manipuleerida.

NB! R ei muuda algandmeid, mille te näiteks csv-na sisse loete - need jäävad alati selliseks nagu need instrumendi või andmesisestaja poolt väljastati.

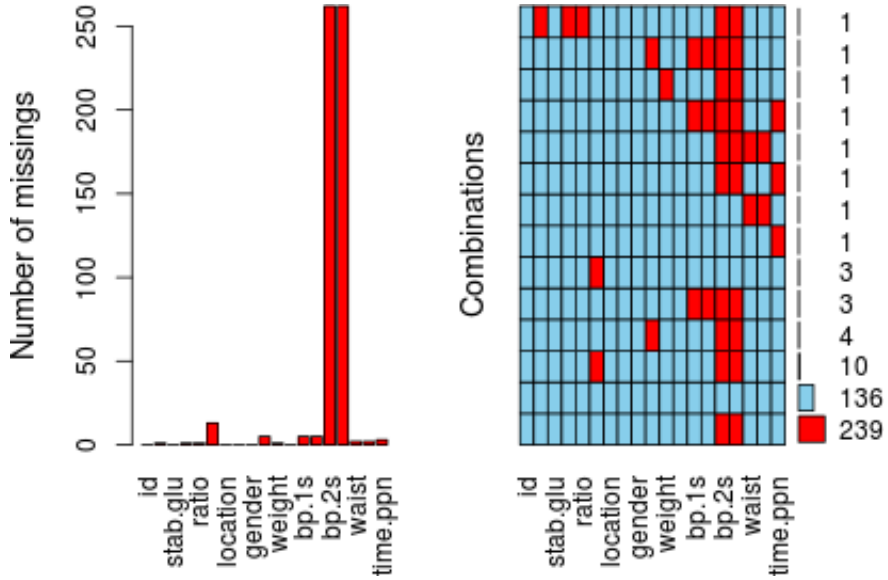
Seega ei ole andmetabelite salvestamine töö vaheproduktidena sageli vajalik sest te jooksutate iga kord, kui te oma projekti juurde naasete, kogu analüüsi uuesti kuni kohani, kuhu te pooleli jäite. See tagab kõige paremini, et teie kood töötab tervikuna. Erandiks on tabelid, mille arvutamine võtab palju aega.

Tibble konverteerimine data frame-ks ja tagasi tibbleks:

```
class(fruits)
#> [1] "tbl_df"     "tbl"        "data.frame"
fruits <- as.data.frame(fruits)
class(fruits)
#> [1] "data.frame"
fruits <- as_tibble(fruits)
class(fruits)
#> [1] "tbl_df"     "tbl"        "data.frame"
```

0.4.7 Tabelit sisse lugedes vaata üle NA-d

```
diabetes <- read.table(file = "data/diabetes.csv", sep = ";", dec = ",", header = TRUE)
str(diabetes)
#> 'data.frame':    403 obs. of  19 variables:
#>  $ id      : int  1000 1001 1002 1003 1005 1008 1011 1015 1016 1022 ...
#>  $ chol    : int  203 165 228 78 249 248 195 227 177 263 ...
#>  $ stab.glu: int  82 97 92 93 90 94 92 75 87 89 ...
#>  $ hdl     : int  56 24 37 12 28 69 41 44 49 40 ...
#>  $ ratio   : num  3.6 6.9 6.2 6.5 8.9 ...
#>  $ glyhb   : num  4.31 4.44 4.64 4.63 7.72 ...
#>  $ location: Factor w/ 2 levels "Buckingham","Louisa": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
#>  $ age     : int  46 29 58 67 64 34 30 37 45 55 ...
#>  $ gender  : Factor w/ 2 levels "female","male": 1 1 1 2 2 2 2 2 2 1 ...
#>  $ height  : int  62 64 61 67 68 71 69 59 69 63 ...
#>  $ weight  : int  121 218 256 119 183 190 191 170 166 202 ...
#>  $ frame   : Factor w/ 4 levels "","large","medium",..: 3 2 2 2 3 2 3 3 2 4 ...
#>  $ bp.1s   : int  118 112 190 110 138 132 161 NA 160 108 ...
#>  $ bp.1d   : int  59 68 92 50 80 86 112 NA 80 72 ...
#>  $ bp.2s   : int  NA NA 185 NA NA NA 161 NA 128 NA ...
#>  $ bp.2d   : int  NA NA 92 NA NA NA 112 NA 86 NA ...
#>  $ waist   : int  29 46 49 33 44 36 46 34 34 45 ...
#>  $ hip     : int  38 48 57 38 41 42 49 39 40 50 ...
#>  $ time.ppn: int  720 360 180 480 300 195 720 1020 300 240 ...
aggr(diabetes, prop = FALSE, numbers = TRUE)
```



Siit on näha, et kui me viskame välja 2 tulpa ja seejärel kõik read, mis sisaldavad NA-sid, kaotame me umbes 20 rida 380-st, mis ei ole suur kaotus.

Kui palju ridu, milles on 0 NA-d? Mitu % kõikidest ridadest?

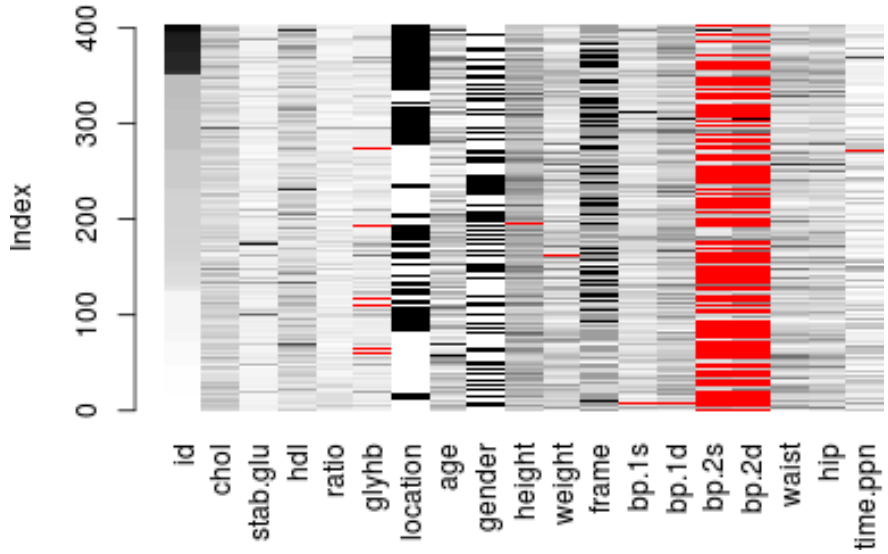
```
nrows <- nrow(diabetes)
  ncomplete <- sum(complete.cases(diabetes))
  ncomplete #136
#> [1] 136
  ncomplete/nrows #34%
#> [1] 0.337
```

Mitu NA-d on igas tulbas?

```
sapply(diabetes, function(x) sum(is.na(x)))
#>       id     chol stab.glu      hdl    ratio    glyhb
#>        0        1        0        1        1       13
#> location      age   gender   height   weight    frame
#>        0        0        0        5        1        0
#>    bp.1s    bp.1d    bp.2s    bp.2d    waist      hip
#>        5        5      262      262        2        2
#> time.ppn
#>        3
```

Ploti NAd punasega igale tabeli reale ja tulbale mida tumedam halli toon seda suurem number selle tulba kontekstis:

```
matrixplot(diabetes)
```



Kuidas rekodeerida NA-d näiteks 0-ks:

```
dfs[is.na(dfs)] <- 0
dfs[is.na(dfs)] <- "other"
dfs[dfs == 0] <- NA # teeb vastupidi 0-d NA-deks
```

Pane tähele, et NA tähistamine ei käi character vectorina vaid dedikeeritud `is.na()` funktsiooniga.

coalesce teeb seda peenemalt. kõigepealt kõik

```
x <- c(1:5, NA, NA, NA)
coalesce(x, 0L)
#> [1] 1 2 3 4 5 0 0 0
```

Nii saab 2 vektori põhjal kolmanda nii, et NA-d asendatakse vastava väärtusega:

```
y <- c(1, 2, NA, NA, 5)
z <- c(NA, NA, 3, 4, 5)
coalesce(y, z)
#> [1] 1 2 3 4 5
```

`filter_all(weather, any_vars(is.na(.)))` näitab ridu, mis sisaldavad NA-sid

`filter_at(weather, vars(starts_with("wind")), all_vars(is.na(.)))` read, kus veerg, mis sisaldab wind, on NA.

Rekodeerime numbri vm NA-ks

```
na_if(x, y)
```

```
x - vektor ehk tabeli veerg, mida modifitseerime
y - väärtus, mida soovime NA-ga asendada
```

0.4.8 Matrix

Maatriks on 2-dimensionaalne vektor, sisaldab ainult ühte tüüpi andmeid – numbrid, stringid, faktorid. Tip: me saame sageli andmeraami maatriksina kasutada kui me viskame sealt välja mittenumbrilised tulbad.

Aga saame ka andmeraame konverteerida otse maatriksiks (ja tagasi).

```
fruits <- as.matrix(fruits)
class(fruits)
```

0.4.9 Indekseerimine

Igale vektori, listi, andmeraami ja maatriksi elemendile vastab unikaalne postiindeks, mille abil saame just selle elemendi unikaalselt indentifitseerida, välja võtta ja töödelda.

Seega on indeksi mõte väga lühikese käsuga välja võtta R-i objektide üksikuid elemente.

R-s algab indeksi numeratsioon 1-st (mitte 0-st, nagu näiteks Pythonis).

0.4.9.1 Vektorid ja nende indeksid on ühedimensionaalsed

```
my_vector <- 2:5
my_vector
#> [1] 2 3 4 5
my_vector[1] #1. element ehk number 2
#> [1] 2
my_vector[c(1,3)] #1. ja 3. element
#> [1] 2 4
my_vector[-1] #kõik elemendid, v.a. element number 1
#> [1] 3 4 5
my_vector[c(-1, -3)] #kõik elemendid, v.a. element number 1 ja 3
#> [1] 3 5
my_vector[3:5] #elemendid 3, 4 ja 5 (element 5 on määramata, seega NA)
#> [1]  4  5 NA
my_vector[-(3:length(my_vector))] #1. ja 2. element
#> [1] 2 3
```

0.4.9.2 Andmeraamid ja maatriksid on kahedimensionaalsed, nagu ka nende indeksid

2D indeksi kuju on [rea_indeks, veeru_indeks].

```
dat <- tibble(colA = c("a", "b", "c"), colB = c(1, 2, 3))
dat
# üks andmepunkt: 1 rida, 2. veerg
dat[1, 2]
# 1. rida, kõik veerud
dat[1, ]
# 2. veerg, kõik read
dat[, 2]
# kõik read peale 1.
dat[-1, ]
# viskab välja 2. veeru
dat[, -2]
# 2 andmepunkti: 2. rida, 1. ja 2. veerg
dat[2, 1:2]
# 2 andmepunkti: 2. rida, 3. ja 4. veerg
dat[2, c(1, 2)]
#viskab välja 1. ja 2. rea
dat[-c(1, 2), ]
#veerg nimega colB, output on erandina vektor!
dat$colB
```

Kui me indekseerimisega tibblest veeru ehk vektori välja võtame, on output class: tibble. Kui me teeme sama data frame-st, siis on output class: vector.

Nüüd veidi keerulisemad konstruktsioonid, mis võimaldavad tabeli ühe kindla veeru väärtusi välja tõmmata teise veeru väärtuste järgi filteerides. Püüdke sellest koodist aru saada, et te hiljem ära tunneksite, kui midagi sellist vastu tuleb. Õnneks ei ole teil endil vaja sellist koodi kirjutada, me õpetame teile varsti lihtsama filtri meetodi.

```
dat <- tibble(colA = c("a", "b", "c"), colB = c(1, 2, 3))
dat$colB[dat$colA != "a" ] #jätab sisse kõik vektori colB väärtused, kus samas tabeli reas olev colA väärtus e
#> [1] 2 3
dat$colA[dat$colB > 1] #jätab sisse kõik vektori colA väärtused, kus samas tabeli reas olev colB väärtus >1. ou
#> [1] "b" "c"
```

0.4.9.3 Listide indekseerimine

Listi indekseerimisel kasutame kahte sorti nurksulge, "[ ]" ja "[[ ]]", mis töötavad erinevalt.

Kui listi vaadata nagu objektide vanglat, siis kaksiksulgude `[[ ]]` abil on võimalik üksikuid objekte

vanglast välja päästa nii, et taastub nende algne kuju ehk class. Seevastu üksiksulud `[ ]` tekitavad uue listi, kus on säilinud osad algse listi elemendid, ehk uue vangla vähemate vangidega.

> Kaksiksulud "[[ ]]" päästavad listist välja ühe elemendi ja taastavad selle algse class-i (data.frame, vektor, list jms). Üksiksulud "[ ]" võtavad algsest listist välja teie poolt valitud elemendid aga jätavad uue objekti ikka listi kujule.

```
my_list <- list(a = tibble(colA = c("A", "B"), colB = c(1, 2)), b = c(1, NA, "s"))
## this list has two elements, a data frame called "a" and a character vector called "b".
str(my_list)
#> List of 2
#>  $ a:Classes 'tbl_df', 'tbl' and 'data.frame':   2 obs. of  2 variables:
#>   ..$ colA: chr [1:2] "A" "B"
#>   ..$ colB: num [1:2] 1 2
#>  $ b: chr [1:3] "1" NA "s"
```

Tõmbame listist välja tibble:

```
my_tibble <- my_list[[1]]
my_tibble
#> # A tibble: 2 x 2
#>   colA   colB
#>   <chr> <dbl>
#> 1 A      1.00
#> 2 B      2.00
```

See ei ole enam list.

Nüüd võtame üksiksuluga listist välja 1. elemendi, mis on tibble, aga output ei ole mitte tibble, vaid ikka list. Seekord ühe elemendiga, mis on tibble.

```
aa <- my_list[1]
str(aa)
#> List of 1
#>  $ a:Classes 'tbl_df', 'tbl' and 'data.frame':   2 obs. of  2 variables:
#>   ..$ colA: chr [1:2] "A" "B"
#>   ..$ colB: num [1:2] 1 2
```

```
aa1 <- my_list$a[2,] #class is df
aa1
#> # A tibble: 1 x 2
#>   colA   colB
#>   <chr> <dbl>
#> 1 B      2.00
```

```
aa3 <- my_list[[1]][1,]
aa3
#> # A tibble: 1 x 2
#>   colA   colB
#>   <chr> <dbl>
#> 1 A      1.00
```

Kõigepealt läksime kaksiksulgudega listi taseme võrra sisse ja võtsime välja objekti my_list 1. elemendi, tema algses tibble formaadis, (indeksi 1. dimensioon). Seejärel korjame sealt välja 1. rea, tibble formaati muutmata ja seega üksiksulgudes (indeksi 2. ja 3. dimensioon).

Pane tähele, et `[[ ]]` lubab ainult ühe elemendi korraga listist välja päästa.

0.5 Regular expression ja find & replace

Regular expression annab võimaluse lühidalt kirjeldada mitte-üheseid otsinguparameetreid.

---

regular expression on string, mis kirjeldab mitut stringi

A regular expression[6] Regular Expressions as used in R[7]

string on märkide järjestus, mis on jutumärkide vahel (“” või ”). Osad märgid ei ole R stringis otse representeeritavad. Neid representeerivad nn special characters ehk erimärgid. Iga kord kui te regular expressionis näete peate seda stringis, mis representeerib seda rexexp-i, kirjutama kui \.

`writeLines()` näitab kuidas R näeb su stringi peale seda, kui erimärgid on välja loetud (parsitud).

[6] https://stat.ethz.ch/R-manual/R-devel/library/base/html/regex.html
[7] https://stat.ethz.ch/R-manual/R-devel/library/base/html/regex.html

```
writeLines("\\.") # \.
writeLines("\\ is a backslash") # \ is a backslash
```

Enamus märke (k.a. tähed ja numbrid) tähistavad ainult iseennast.

- . tähistab igat märki.

Märgiklass on märkide nimekiri nurksulgude vahel, nagu näiteks `[[:alnum:]]`, mis on sama kui `[A-z0-9]`. Enamasti tuleb need stringi kirjutada topelt nurksulgudes: [[:siia_märgiklass:]]. Aga näiteks [0-9] on üksik nurksulgudes.

- tavalised märgiklassid:
- `[:alnum:]` numbrid ja tähed: AacF123
- `[:digit:]` numbrid: 123
- `[:alpha:]` tähed: asdf
- `[:upper:]` suured tähed: ASDF
- `[:lower:]` väiksed tähed: asdf
- `[:punct:]` ! " # $ % & ' ( ) * + , - / : ; < = > ? @ [ ] ^ _ ‘ ‘ { | } ~.
- `[:space:]` space, tab ja newline.
- `[:blank:]` tab ja newline.

Metamärgid on `. \ | ( ) [ { ^ $ * + ?`. Nende tähendus sõltub kontekstist. `\\` teeb metamärgist tavalise märgi.

```
trüki see   regex
\\n         \n   new line (return)
\\t         \t   tab
\\s         \s   any whitespace (\S - any non-whitespace)
\\d         \d   any digit (\D - any non-digit)
\\w         \w   any word character (\W - non-word char)
\\b         \b   word boundaries

Selleks, et trükkida erimärk tavalise märgina:

trüki  selleks
\\.    .
\\!    !
\\?    ?
\\\\   \
\\(    (
\\{    {
```

- Repetition quantifiers put after regex specify how many times regex is matched: `?`, zero or one; `*`, zero or more times; `+`, one or more times; `{n}`, n times; `{n,}`, n or more times; `{n,m}`, n to m times.

- ^ anchors the regular expression to the start of the string.
- $ anchors the the regular expression to end of the string.
- ab|d tähendab ab või d
- [abe] tähendab ühte kolmest (kas a või b või e)
- [^abe] tähendab kõike, mis ei ole a või b või e
- [a-c] tähendab a või b või c

Sulud annavad eelistuse

- (ab|d)e tähendab abe või de

Leia string, millele järgneb või eelneb mingi string

- a(?=c) annab need a-d, millele järgneb c
- a(?!c) annab need a-d, millele ei järgne c
- (?<=b)a annab need a-d, millele eelneb b
- (?<!b)a annab need a-d, millele ei eelne b

patterns that match more than one character:

```
. (dot): any character apart from a newline.

\\d: any digit.

\\s: any whitespace (space, tab, newline).

\[abc]: match a, b, or c.

\[!abc]: match anything except a, b, or c.

To create a regular expression containing \d or \s, you???ll need to escape the \ for the string, so you will t

abc|d..f will match either "abc", or "deaf".
```

Et mitte interpreteerida stringi tavalise regex-ina: `regex(pattern, ignore_case = FALSE, multiline = FALSE, comments = FALSE, dotall = FALSE, ...)` ignore cases, match end of lines and end of strings, allow R comments within regex's , and/or to have . match everything including `\n`. Näiteks `str_detect("I", regex("i", TRUE))`

0.5.1 Common operations with regular expressions

- Locate a pattern match (positions)
- str_detect() annab TRUE/FALSE

- str_which() annab stringide, mis sisaldavad otsingumustrit, indeksinumbrid
- str_count() annab esinemiste arvu stringis
- str_locate_all() annab otsingumustri positsiooninumbri (indeksi) stringis
- Extract a matched pattern
- str_sub() võtab välja otsitud alamstringi; otsing indeksinumbrite järgi
- str_subset() võtab välja terve stringi; regex otsing
- str_extract_all() võtab välja mustri (alamstringi); regex otsing
- str_match_all() annab maatriksi, millel on veerg igale grupile regeximustris
- Replace a matched pattern
- str_replace_all()
- str_to_lower()
- str_to_upper()
- str_to_title()
- stringi pikkus
- str_length() annab märkide arvu stringis
- str_trim() võtab maha whitespace stringi algusest/lõpust
- ühenda ja eralda stringe
- str_c() ühendab, k.a. kollapseerib mitu stringi üheks (arg collapse=)
- str_dup() kordab stringi n korda
- str_split_fixed() jagab stringi alamstringide maatriksiks
- glue::glue_data() teeb stringi df-st, listist v environmentist
- järjesta stringe
- str_sort() annab sorditud character vectori

0.5.2 Find and replace

```
library(stringr)
x<- c("apple", "ananas", "banana")

#replaces all a-s at the beginning of strings with e-s
str_replace(x, "^a", "e")
```

```
#> [1] "epple"  "enanas" "banana"

# str_replace only replaces at the first occurence at each string
str_replace(x, "a", "e")
#> [1] "epple"  "enanas" "benana"

#str_replace_all replaces all a-s anywhere in the strings
str_replace_all(x, "a", "e")
#> [1] "epple"  "enenes" "benene"

#replaces a and the following character at the end of string with nothing (i.e. deletes 2 chars)
str_replace(x, "a.$", "")
#> [1] "apple"  "anan"   "banana"

#replaces a-s or s-s at the end of string with e-s
str_replace(x, "(a|s)$", "e")
#> [1] "apple"  "ananae" "banane"

#replaces a-s or s-s anywhere in the string with e-s
str_replace_all(x, "a|s", "e")
#> [1] "epple"  "enenee" "benene"

#remove all numbers.
y<-c("as1", "2we3w", "3e")
str_replace_all(y, "\\d", "")
#> [1] "as"  "wew" "e"

#remove everything, except numbers.
str_replace_all(y, "[A-Za-z_]", "")
#> [1] "1"  "23" "3"
```

```
x<- c("apple", "apple pie")
str_replace_all(x, "^apple$","m") #To force to only match a complete string:
#> [1] "m"         "apple pie"
str_replace_all(x, "\\s","_") #space to _
#> [1] "apple"     "apple_pie"
str_replace_all(x, "[apl]","_") #a or p or l to _
#> [1] "____e"     "____e _ie"
str_replace_all(x, "[ap|p.e]","_") # ap or p.e to _
#> [1] "___l_"     "___l_ _i_"
```

näide: meil on vector v, milles täht tähistab katse tüüpi, number, mis on tähe ees, tähistab mõõtmisob-

jekti identiteeti ja tähe järel asuv number tähistab ajapunkti tundides (h). F ja f tähistavad sama asja. Kõigepealt võtame välja F-i mõõtmisojbekti ehk subjekti koodid

```
library(stringr)
v <- c("1F1", "12F2h", "13f1", "2S")


v_f <- str_subset(v, "[Ff]")
#filtreerime F ja f sisaldavad stringid
v_f
#> [1] "1F1"   "12F2h" "13f1"
v_f_subject <- str_replace_all(v_f, "[Ff][0-9]+h?", "")
#string "F või f, number üks või enam korda, h 0 või enam korda" asendada tühja stringiga
v_f_subject
#> [1] "1"  "12" "13"
```

Ja nääd võtame välja ajapunktide koodid. Kõigepealt asendame stringid, mis sisaldavad vähemalt üht numbrit, millele järgneb F v f tühja stringiga. Seejärel asendame tühja stringiga h-d. Ja lõpuks avaldame iga ajapunkti numbrina (mitte enam stringina).

```
library(tidyverse)
str_replace_all(v_f, "[0-9]+[Ff]", "") %>% str_replace_all("h", "") %>% as.integer
#> [1] 1 2 1
```

0.6 Funktsioonid on R keele verbid

Kasutaja ütleb nii täpselt kui oskab, mida ta tahab ja R-s elab kratt, kes püüab ära arvata, mida on vaja teha. Vahest teeb kah. Vahest isegi seda, mida kasutaja tahtis. Mõni arvab, et R-i puudus on veateadete puudumine või krüptilised veateated. Sama kehtib ka R-i helpi kohta. Seega tasub alati kontrollida, kas R ikka tegi seda, mida sina talle enda arust ette kirjutasid.

Paljudel juhtudel ütleb (hea) funktsiooni nimi mida see teeb:

```
# create two test vectors
x <- c(6, 3, 3, 4, 5)
y <- c(1, 3, 4, 2, 7)
```

```
# calculate correlation
cor(x, y)
#> [1] -0.117
```

```
# calculate sum
sum(x)
#> [1] 21
# calculate sum of two vectors
sum(x, y)
#> [1] 38
# calculate average
mean(x)
#> [1] 4.2
# calculate median
median(x)
#> [1] 4
# calculate standard deviation
sd(x)
#> [1] 1.3
# return quantiles
quantile(x)
#>   0%  25%  50%  75% 100%
#>    3    3    4    5    6
# return maximum value
max(x)
#> [1] 6
# return minimum value
min(x)
#> [1] 3
```

R-is teevad asju programmikesed, mida kutsutakse **funktsioonideks**. Te võite mõelda funktsioonist nagu verbist. Näiteks funktsiooni `sum()` korral loe: "võta summa". Iga funktsiooni nime järel on sulud. Nende sulgude sees asuvad selle funktsiooni **argumendid**. Argumendid määravad ära funktsiooni käitumise. Et näha, millised argumendid on funktsiooni käivitamiseks vajalikud ja milliseid on üldse võimalik seadistada, kasuta 'help' käsku.

```
?sum
```

Help paneelis paremal all ilmub nüüd selle funktsiooni R dokumentatsioon. Vaata seal peatükki Usage: `sum(..., na.rm = FALSE)` ja edasi peatükki Arguments, mis ütleb, et ... (ellipsis) tähistab vektoreid.

```
sum {base}  R Documentation
Sum of Vector Elements

Description:

sum returns the sum of all the values present in its arguments.
```

```
Usage

sum(..., na.rm = FALSE)

Arguments

... - numeric or complex or logical vectors.

na.rm   - logical. Should missing values (including NaN) be removed?
```

Seega võtab funktsioon `sum()` kaks argumenti: vektori arvudest (või loogilise vektori, mis koosneb TRUE ja FALSE määrangutest), ning "na.rm" argumendi, millele saab anda väärtuseks kas, TRUE või FALSE. Usage ütleb ka, et vaikimisi on `na.rm = FALSE`, mis tähendab, et sellele argumendile on antud vaikeväärtus – kui me seda ise ei muuda, siis jäävad NA-d arvutusse sisse. Kuna NA tähendab "tundmatu arv" siis iga tehe NA-dega annab vastuseks "tundmatu arv" ehk NA (tundmatu arv + 2 = tundmatu arv). Seega NA tulemus annab märku, et teie andmetes võib olla midagi valesti.

```
## moodustame vektori
apples <- c(1, 34, 43, NA)
## arvutame summa
sum(apples, na.rm = TRUE)
#> [1] 78
```

Niimoodi saab arvutada summat vektorile nimega "apples".

Sisestades R käsureale funktsiooni ilma selle sulgudeta saab masinast selle funktsiooni koodi. Näiteks:

```
sum
#> function (..., na.rm = FALSE)  .Primitive("sum")
```

Tulemus näitab, et `sum()` on `Primitive` funktsioon, mis põhimõtteliselt tähendab, et ta põhineb C koodil ja ei kasuta R koodi.

0.6.1 Kirjutame R funktsiooni

Võib ju väita, et funktsiooni ainus mõte on peita teie eest korduvad vajalikud koodiread kood funktsiooni nime taha. Põhjus, miks R-s on funktsioonid, on korduse vähendamine, koodi loetavaks muutmine ja seega ka ruumi kokkuhoid. Koodi funktsioonidena kasutamine suurendab analüüside reprodutseeritavust, kuna funktsioonis olev kood pärineb ühest allikast, mitte ei ole paljude koopiatena igal pool laiali. See muudab pikad koodilõigud hõlpsalt taaskasutatavaks sest lihtsam on kirjutada lühike funktsiooni nimi ja sisestada selle funktsiooni argumendid. Koodi funktsioonidesse kokku surumine vähendab võimalusi lollideks vigadeks, mida te võite teha pikkade koodijuppidega manipuleerides. Seega tasub teil õppida ka oma korduvaid koodiridu funktsioonidena vormistama.

Kõige pealt kirjutame natuke koodi.

```
# two apples
apples <- 2
# three oranges
oranges <- 3
# parentheses around expression assigning result to an object
# ensure that result is also printed to R console
(inventory <- apples + oranges)
#> [1] 5
```

Ja nüüd pakendame selle tehte funktsiooni `add2()`. Funktsiooni defineerimiseks kasutame järgmist r ekspressiooni `function( arglist ) expr`, kus "arglist" on tühi või ühe või rohkema nimega argumenti kujul `name=expression`; "expr" on R-i ekspressioon st. kood mida see funktsioon käivitab. Funktsiooni viimane evlueeritav koodirida on see, mis tuleb välja selle funktsiooni outputina.

All toodud näites on selleks `x + y` tehte vastus.

```
add2 <- function(x, y) {
    x + y
}
```

Seda koodi jooksutades näeme, et meie funktsioon ilmub R-i Environmenti, kuhu tekib Functions lahter. Seal on näha ka selle funktsiooni kaks argumenti, apples ja oranges.

Antud funktsiooni käivitamine annab veateate, sest funktsiooni argumentidel pole väärtusi:

```
## run function in failsafe mode
inventory <- try(add2())
## when function fails, error message is returned
class(inventory)
#> [1] "try-error"
## print error message
cat(inventory)
#> Error in add2() : argument "x" is missing, with no default
```

Andes funktsiooni argumentidele väärtused, saab väljundi:

```
## run function with proper arguments
inventory <- add2(x = apples, y = oranges)
## numeric vector is returned
class(inventory)
#> [1] "numeric"
## result
inventory
#> [1] 5
```

Nüüd midagi kasulikumat!

Funktsioon standrardvea arvutamiseks (baas R-s sellist funktsiooni ei ole): `sd()` funktsioon arvutab standardhälbe. Sellel on kaks argumenti: x and na.rm. Me teame, et SEM=SD/sqrt(N) kus N = length(x)

```
calc_sem <- function(x) {
  stdev <- sd(x)
  n <- length(x)
  stdev / sqrt(n)
}
```

x hoiab lihtsalt kohta andmetele, mida me tahame sinna funktsiooni suunata. `sd()`, `sqrt()` ja `length()` on olemasolevad baas R funktsioonid, mille me oma funktsiooni hõlmame.

```
## create numeric vector
numbers <- c(2, 3.4, 54, NA, 3)
calc_sem(numbers)
#> [1] NA
```

No jah, kui meil on andmetes tundmatu arv (`NA`) siis on ka tulemuseks tundmatu arv.

Sellisel juhul tuleb NA väärtused vektorist enne selle funktsiooni kasutamist välja visata:

```
numbers_filtered <- na.omit(numbers)
calc_sem(numbers_filtered)
#> [1] 12.8
```

On ka võimalus funktsiooni sisse kirjutada **NA väärtuste käsitlemine**. Näiteks, üks võimalus on **anda viga** ja funktsioon katkestada, et kasutaja saaks ise ühemõtteliselt oma andmetest NA väärtused eemaldada. Teine võimalus on funktsioonis **NA-d vaikimisi eemaldada** ja anda selle kohta näiteks teade.

NA-de vaikimisi eemaldamiseks on hetkel mitu võimalust, kasutame kõigepealt nö. valet lahendust:

```
calc_sem <- function(x) {
  ## kasutame sd funktsiooni argumenti na.rm
  stdev <- sd(x, na.rm = TRUE)
  n <- length(x)
  stdev / sqrt(n)
}

calc_sem(numbers)
#> [1] 11.5
```

See annab meile vale tulemuse sest `na.rm = TRUE` viskab küll NA-d välja meie vektorist aga jätab vektori pikkuse muutmata (`length(x)` rida).

Teeme uue versiooni oma funktsioonist, mis viskab vaikimisi välja puuduvad väärtused, kui need on olemas ja annab siis ka selle kohta hoiatuse.

```
## x on numbriline vektor
calc_sem <- function(x) {

  ## viskame NA väärtused vektorist välja
  x <- na.omit(x)

  ## kui vektoris on NA väärtusi, siis hoiatame kasutajat
  if(inherits(na.action(x), "omit")) {
    warning("Removed NAs from vector.\n")
  }

  ## arvutame standardvea kasutades filtreeritud vektorit
  stdev <- sd(x)
  n <- length(x)
  stdev / sqrt(n)
}

calc_sem(numbers)
#> Warning in calc_sem(numbers): Removed NAs from vector.
#> [1] 12.8
length(numbers)
#> [1] 5
```

Missugune funktsiooni käitumine valida, sõltub kasutaja vajadusest. Rohkem infot NA käsitlemise funktsioonide kohta saab `?na.omit` abifailist.

Olgu see õpetuseks, et funktsioonide kirjutamine on järk-järguline protsess ja sellele, et alati saab paremini teha.

0.7 Graafilised lahendused

R-s on kaks olulisemat graafikasüsteemi mida võib vaadata nagu kaht eraldi keelt mis mõlemad elavad R keele sees.

- **Baasgraafika** võimaldab väga lihtsate vahenditega teha kiireid ja suhteliselt ilusaid graafikuid. Seda kasutame sageli enda tarbeks kiirete plottide tegemiseks. Baasgraafika abil saab teha ka väga keerukaid ja komplekssseid publitseerimiskavaliteedis graafikuid.
- **"ggplot2"** raamatukogu on hea ilupiltide vormistamiseks ja keskmiselt keeruliste visualiseeringute tegemiseks.

Kuigi "ggplot2" ja tema sateliit-raamatukogud on meie põhilised huviobjekid, alustame siiski baasgraafikast. Ehki me piirdume vaid väga lihtsate näidetega tasub teada, et baasgraafikas saab teha ka komplekseid visualiseeringuid: http://shinyapps.org/apps/RGraphCompendium/index.php

Laadime peatükis edaspidi vajalikud libraryd:

```
library(tidyverse)
library(ggthemes)
library(ggrepel)
library(ggjoy)
library(wesanderson)
```

0.7.1 Baasgraafika

Kõigepealt laadime tabeli, mida me visuaalselt analüüsima hakkame:

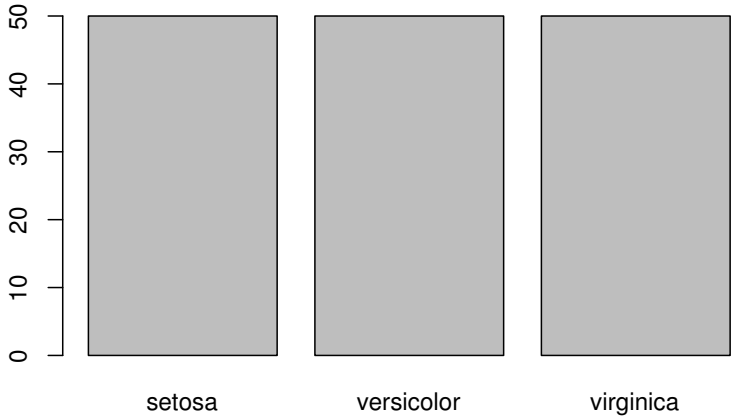
```
iris <- as_tibble(iris)
iris
#> # A tibble: 150 x 5
#>   Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.W~ Spec~
#>          <dbl>       <dbl>        <dbl>    <dbl> <fct>
#> 1         5.10        3.50         1.40    0.200 seto~
#> 2         4.90        3.00         1.40    0.200 seto~
#> 3         4.70        3.20         1.30    0.200 seto~
#> 4         4.60        3.10         1.50    0.200 seto~
#> 5         5.00        3.60         1.40    0.200 seto~
#> 6         5.40        3.90         1.70    0.400 seto~
#> # ... with 144 more rows
```

See sisaldab mõõtmistulemusi sentimeetrites kolme iirise perekonna liigi kohta. Esimest korda avaldati need andmed 1936. aastal R.A. Fisheri poolt.

Baasgraafika põhiverb on `plot()`. See püüab teie poolt ette antud andmete pealt ära arvata, millist graafikut te soovite. `plot()` põhiargumendid on x ja y, mis määravad selle, mis väärtused asetatakse x-teljele ja mis läheb y-teljele. Esimene argument on vaikimisi x ja teine y.

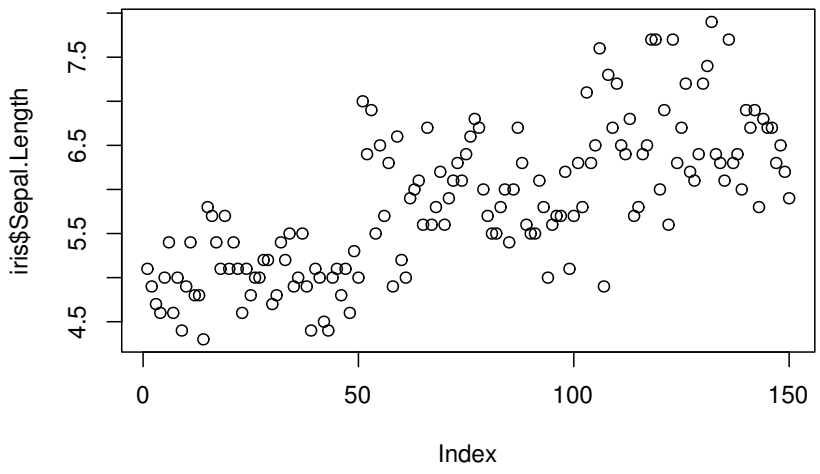
Kui te annate ette faktorandmed, on vastuseks tulpdiagramm, kus tulbad loevad üles selle faktori kõigi tasemete esinemiste arvu. Antud juhul on meil igast liigist mõõdetud 50 isendit.

```
plot(iris$Species)
```



Kui te annate ette ühe pideva muutuja:

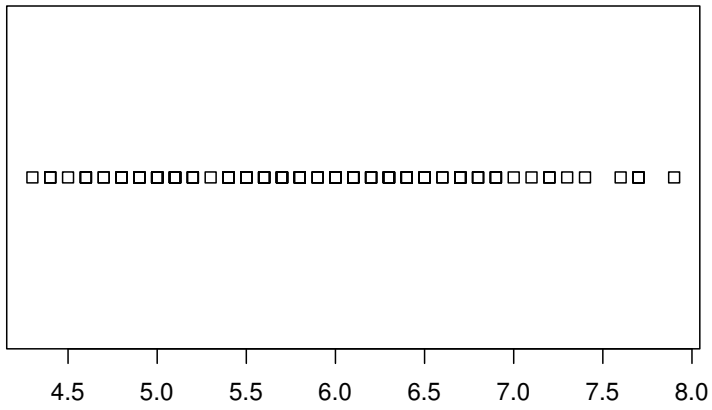
```
plot(iris$Sepal.Length)
```



Nüüd on tulemuseks graafik, kus on näha mõõtmisete rea (ehk tabeli) iga järgmise liikme (tabeli rea) väärtus. Siin on meil kokku 150 mõõtmist muutujale `Sepal.Length`.

Alternatiiv sellele vaatele on `stripchart()`

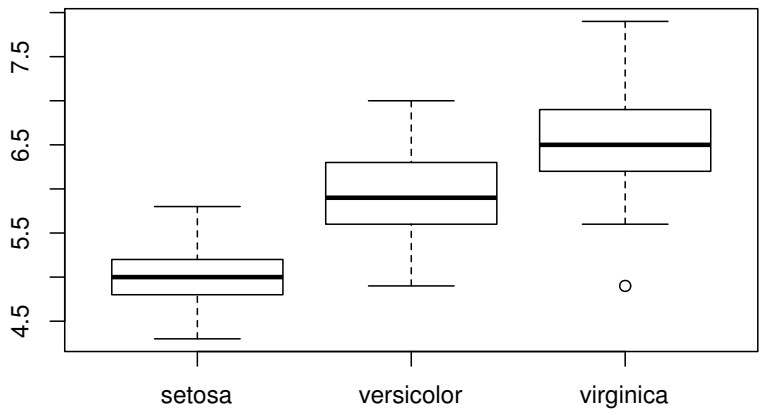
```
stripchart(iris$Sepal.Length)
```



Enam lihtsamaks üks joonis ei lähe!

Mis juhtub, kui me x-teljele paneme faktortunnuse ja y-teljele pideva tunnuse?

```
plot(iris$Species, iris$Sepal.Length)
```



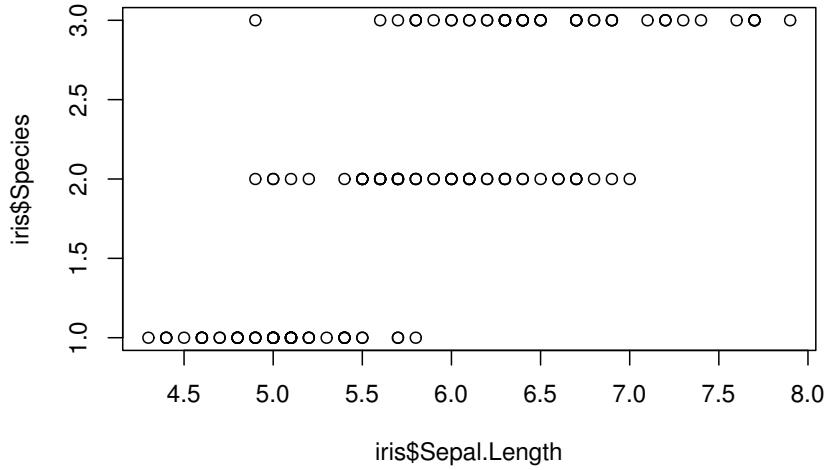
Vastuseks on boxplot. Sama graafiku saame ka nii:

```
boxplot(iris$Sepal.Length ~ iris$Species).
```

Siin on tegu R-i mudeli notatsiooniga: y-telje muutuja, tilde, x-telje muutuja. Tilde näitab, et y sõltub x-st stohhastiliselt, mitte deterministlikult. Deterministliku seost tähistatakse võrdusmärgiga (=).

Aga vastupidi?

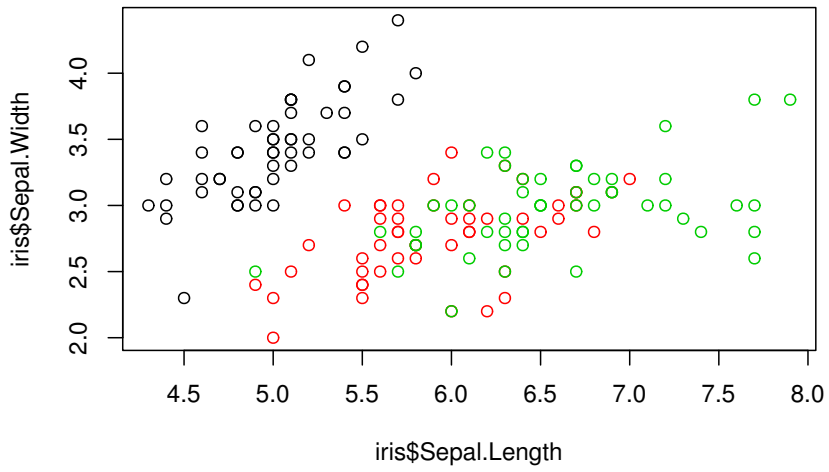
```
plot(iris$Sepal.Length, iris$Species)
```



Pole paha, see on üsna informatiivne scatterplot.

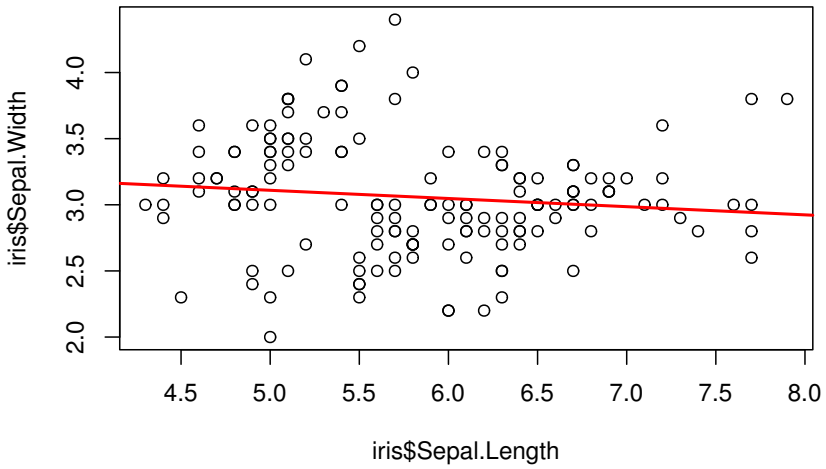
Järgmiseks kahe pideva muutuja scatterplot, kus me veel lisaks värvime punktid liikide järgi.

```
plot(iris$Sepal.Length, iris$Sepal.Width, col = iris$Species)
```



Ja lõpuks tõmbame läbi punktide punase regressioonijoone:

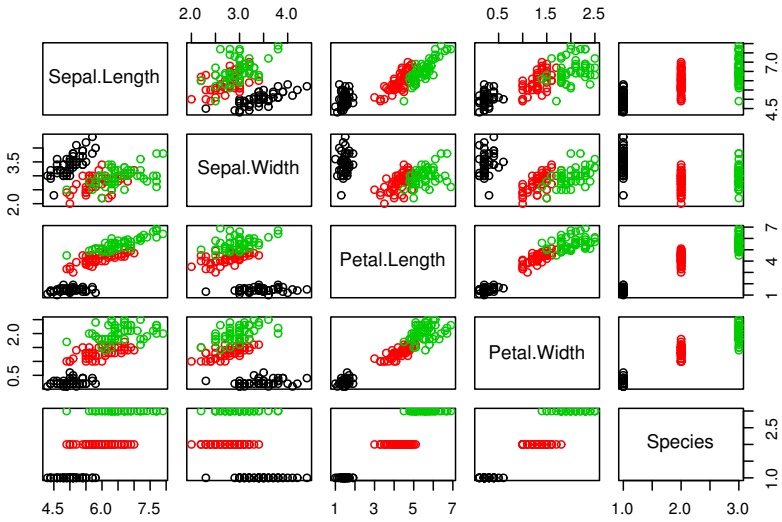
```
plot(iris$Sepal.Length, iris$Sepal.Width)
model <- lm(iris$Sepal.Width ~ iris$Sepal.Length)
abline(model, col = "red", lwd = 2)
```



"lwd" parameeter reguleerib joone laiust. `lm()` on funktsioon, mis fitib sirge vähimruutude meetodil.

Mis juhtub, kui me anname `plot()` funktsioonile sisse kogu irise tibble?

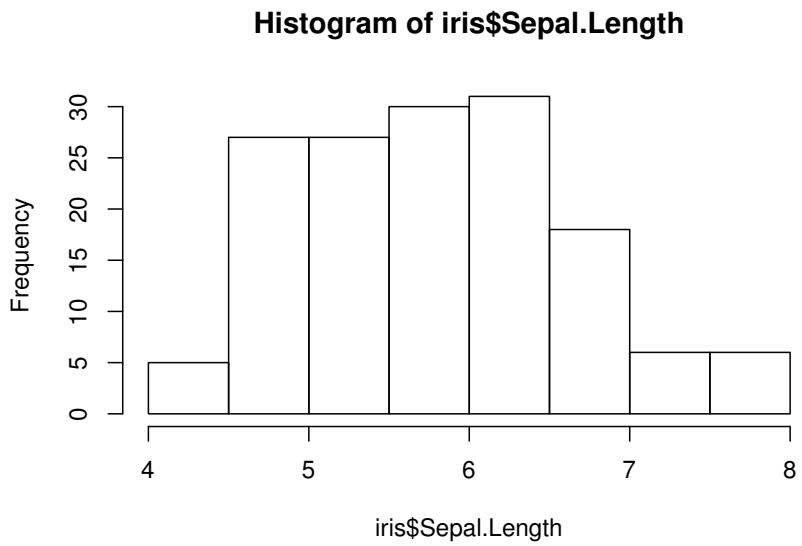
```
plot(iris, col = iris$Species)
```



Juhhei, tulemus on paariviisiline graafik kõigist muutujate kombinatsioonidest.

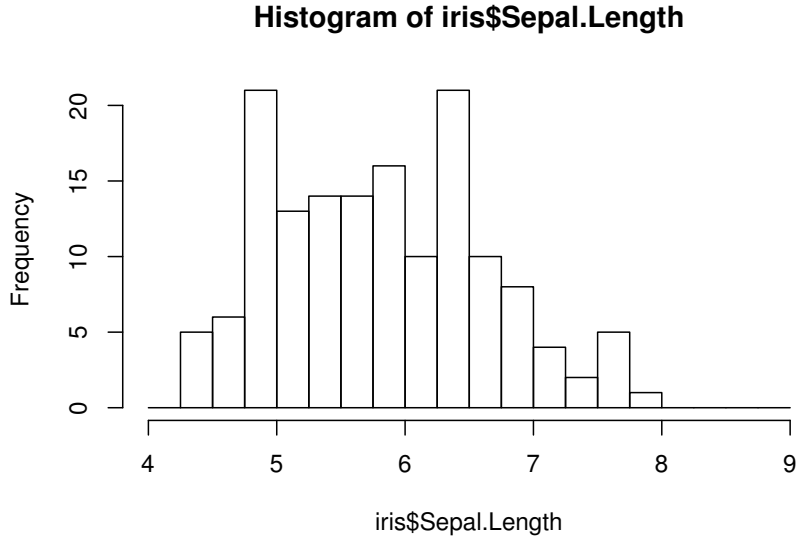
Ainus mitte-plot verb, mida baasgraafikas vajame, on `hist()`, mis joonistab histogrammi.

```
hist(iris$Sepal.Length)
```



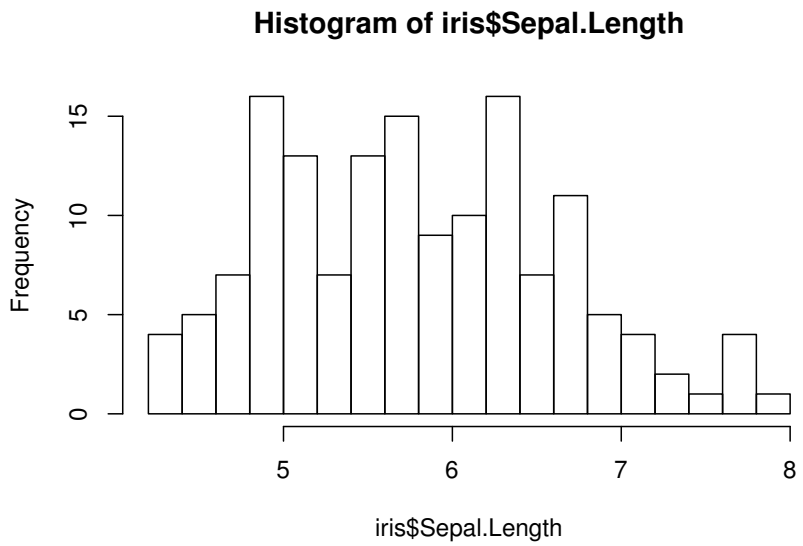
Histogrammi tegemiseks jagatakse andmepunktid nende väärtuste järgi bin-idesse ja plotitakse igasse bin-i sattunud andmepunktide arv. Näiteks esimeses bin-is on "Sepal.Length" muutuja väärtused, mis jäävad 4 ja 4.5 cm vahele ja selliseid väärtusi on kokku viis. Histogrammi puhul on oluline teada, et selle kuju sõltub bin-ide laiusest. Bini laiust saab muuta kahel viisil, andes ette bin-ide piirid või arvu:

```
hist(iris$Sepal.Length, breaks = seq(4, 9, by = 0.25))
```



või

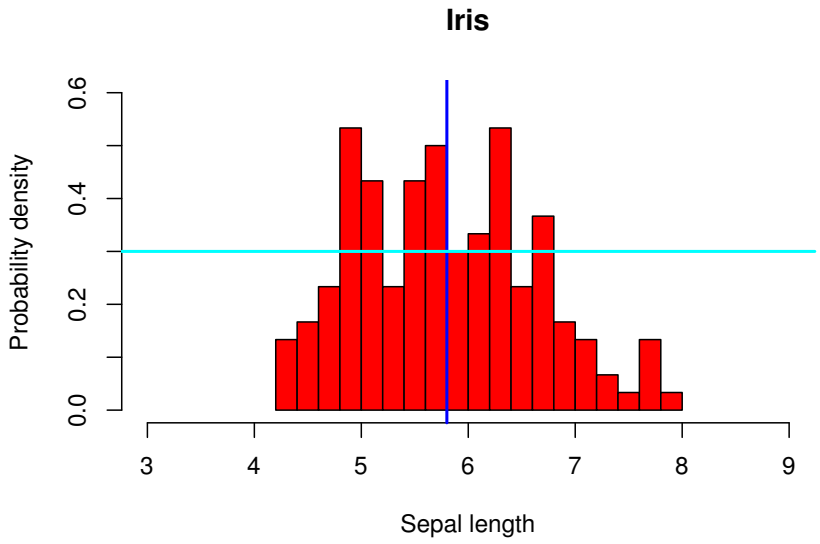
```
hist(iris$Sepal.Length, breaks = 15)
```



See viimane on kiire viis bin-i laiust reguleerida, aga arvestage, et sõltuvalt andmetest ei pruugi "breaks = 15" tähendada, et teie histogrammil on 15 bin-i.

Ja lõpuks veel üks histogramm, et demonstreerida baas R-i võimalusi (samad argumendid töötavad ka `plot()` funktsioonis):

```
hist(iris$Sepal.Length,
     freq = FALSE,
     col="red",
     breaks = 15,
     xlim = c(3, 9),
     ylim = c(0, 0.6),
     main = "Iris",
     xlab = "Sepal length",
     ylab = "Probability density")

abline(v = median(iris$Sepal.Length), col = "blue", lwd = 2)
abline(h = 0.3, col = "cyan", lwd = 2)
```



0.7.2 ggplot2

Ggplot on avaldamiseks sobiva tasemega lihtne aga võimas graafikasüsteem. Näiteid selle abil tehtud visualiseeringutest leiab näiteks järgnevatelt linkidelt:

- http://ggplot2.tidyverse.org/reference/
- http://www.r-graph-gallery.com
- http://www.ggplot2-exts.org
- http://www.cookbook-r.com

"ggplot2" paketi põhiverb on `ggplot()`. See graafikasüsteem töötab kiht-kihi-haaval ja uusi kihte lisatakse pluss-märgi abil. See annab modulaarsuse kaudu lihtsuse ja võimaluse luua ka keerulisi taieseid. Tõenäoliselt on ggplot hetkel kättesaadavatest graafikasüsteemidest parim (kaasa arvates tasulised programmid!).

ggploti töövoog on järgmine, minimaalselt pead ette andma kolm asja:

1. **andmed**, mida visualiseeritakse,
2. `aes()` funktsiooni, mis määrab, milline muutuja läheb x-teljele ja milline y-teljele, ning
3. **geom**, mis määrab, mis tüüpi visualiseeringut sa tahad.

Lisaks määrad sa `aes()`-is, kas ja kuidas sa tahad grupeerida pidevaid muutujaid faktori tasemete järgi.

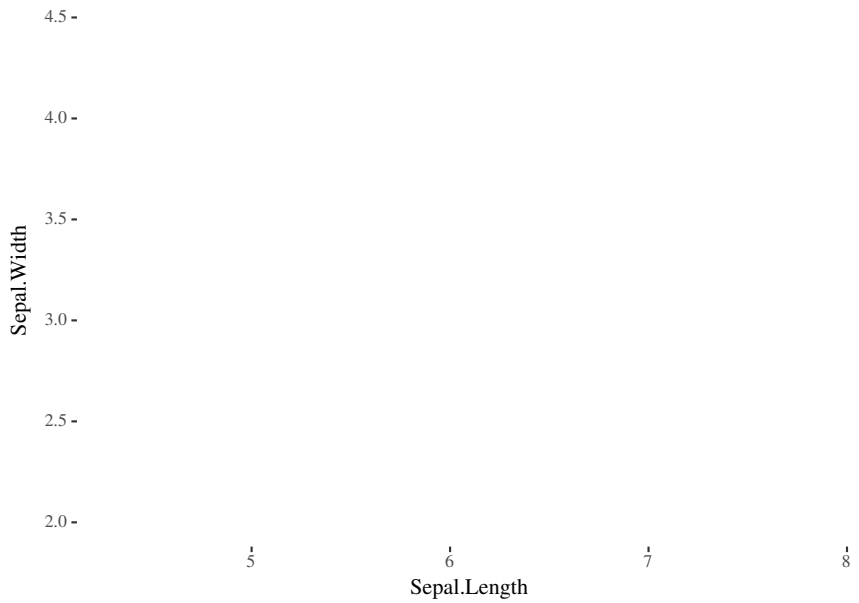
Kõigepealt suuname oma andmed `ggplot()` funktsiooni:

```
ggplot(iris)
```

Saime tühja ploti. Erinevalt baasgraafikast, ggplot-i puhul ainult andmetest ei piisa, et graafik valmis joonistataks. Vaja on lisada kiht-kihilt instruktsioonid, kuidas andmed graafikule paigutada ja missugust graafikutüüpi visualiseerimiseks kasutada.

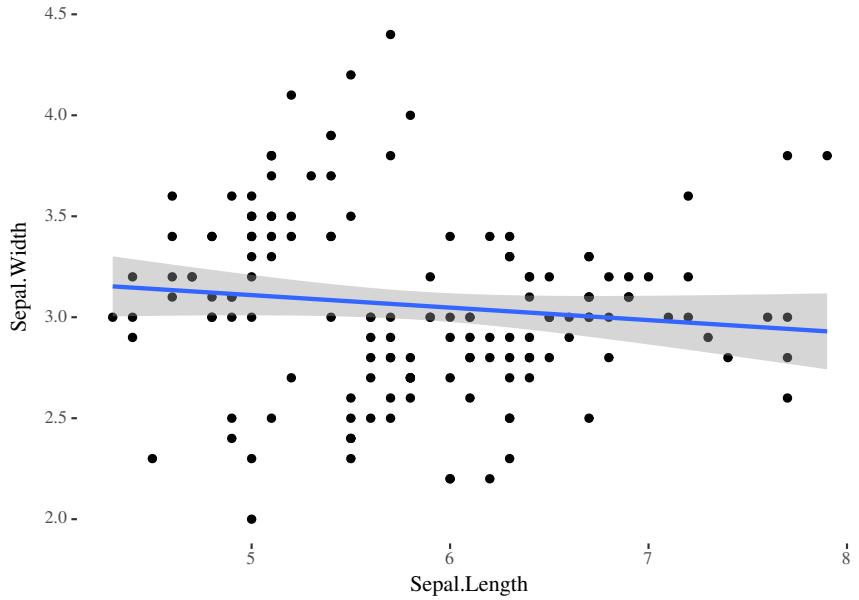
Nüüd ütleme, et x-teljele pannakse "Sepal.Length" ja y-teljele "Sepal.Width" andmed.

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



Aga graafik on ikka tühi sest me pole ggplotile öelnud, millist visualiseeringut me tahame. Teeme seda nüüd.

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



Me lisasime kaks kihti: esimene kiht `geom_point()` visualiseerib andmepunktid ja teine `geom_smooth(method = "lm")` joonistab regressioonisirge koos usaldusintervalliga (standardviga).

Plussmärk peab ggplot-i koodireas olema vana rea lõpus, mitte uue rea (kihi) alguses

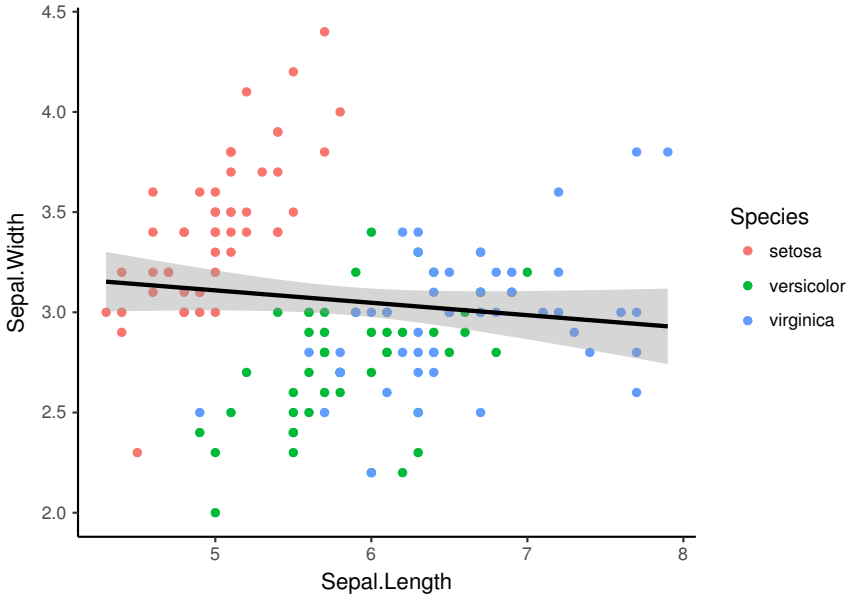
---

0.7.3 Regressioonisirgete plottimine

Järgmiseks värvime eelnevalt tehtud plotil punktid iirise liigi kaupa aga joonistame ikkagi regressioonisirge läbi kõikide punktide.

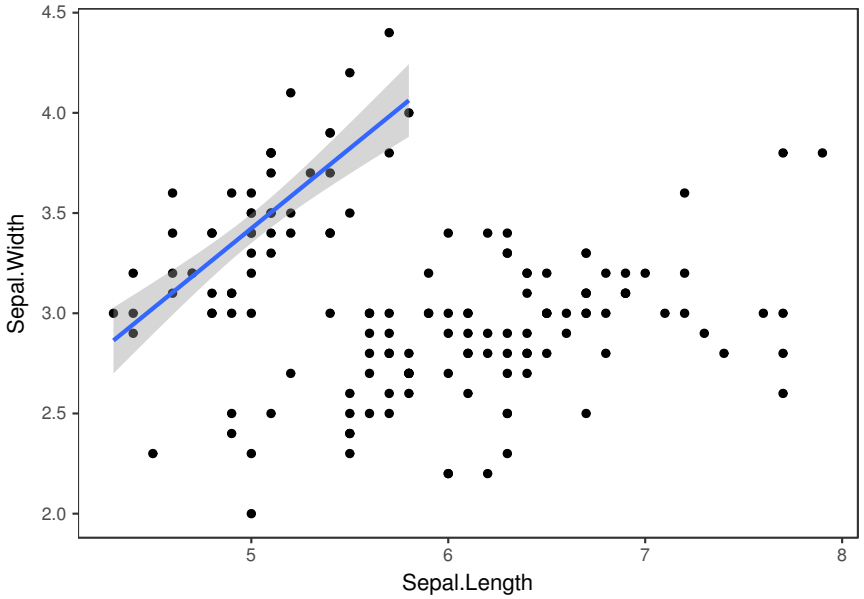
Vaata mis juhtub, kui värvide lahutamine toimub `ggplot()`-i enda `aes()`-s. `theme_classic()` muudab graafiku üldist väljanägemist.

```
ggplot(iris, aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width)) +
  geom_point(aes(color = Species)) +
  geom_smooth(method = "lm", color = "black") +
  theme_classic()
```



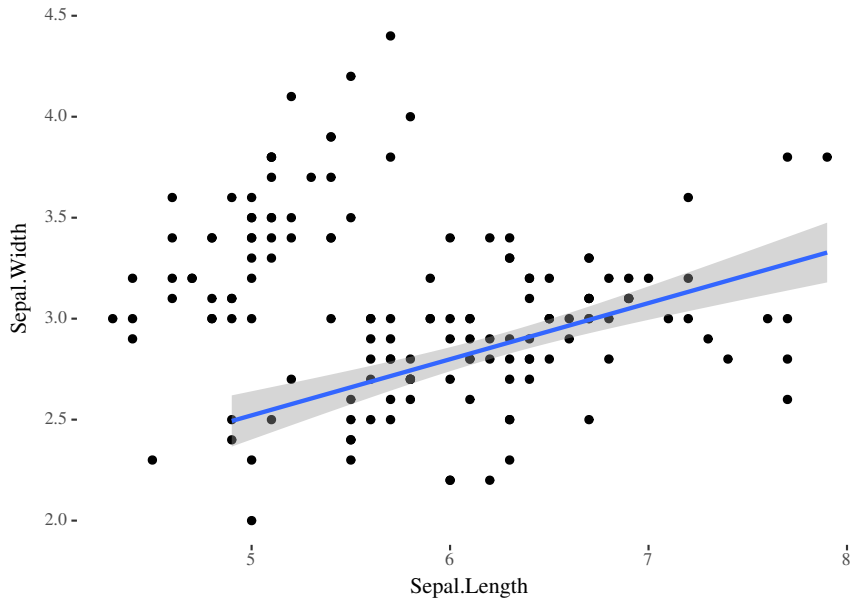
Me võime `geom_smooth()`-i anda erineva andmeseti kui `ggplot()` põhifunktsiooni. Nii joonistame me regressioonisirge ainult nendele andmetele. Proovi ka `theme_bw()`.

```
ggplot(iris, aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width)) +
  geom_point() +
  geom_smooth(data = filter(iris, Species == "setosa"), method = lm) +
  theme_bw()
```



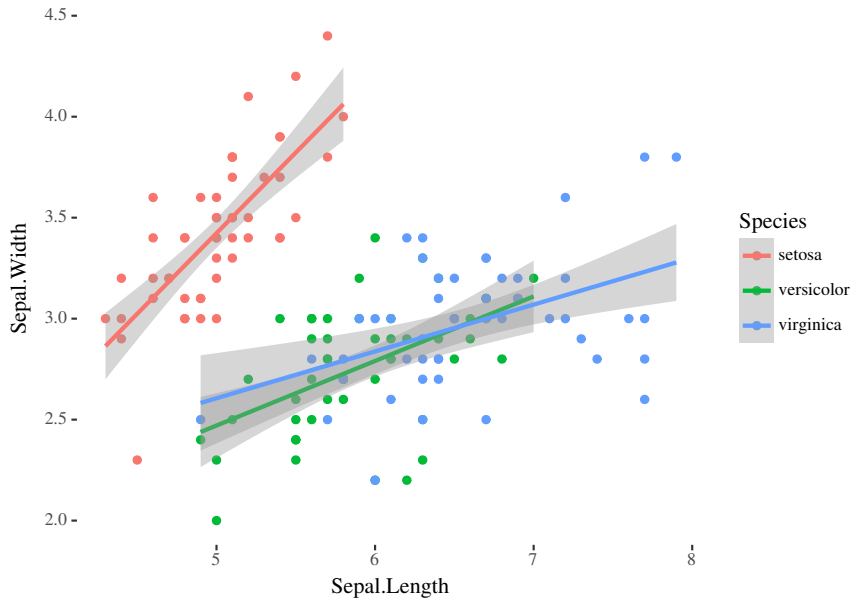
Alljärgnevalt näiteks moodus kuidas öelda, et me soovime regressioonijoont näidata ainult iiriseliikide virginica või versicolor andmetele.

```
## First we filter only data that we want to use for regressionline
smooth_data <- filter(iris, Species %in% c("virginica", "versicolor"))
## Then we use this filtered dataset in geom_smooth
ggplot(iris, aes(x = Sepal.Length, y = Sepal.Width)) +
  geom_point() +
  geom_smooth(data = smooth_data, method = lm)
```



Ja lõpuks joonistame kolm regressioonisirget – üks igale liigile.

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



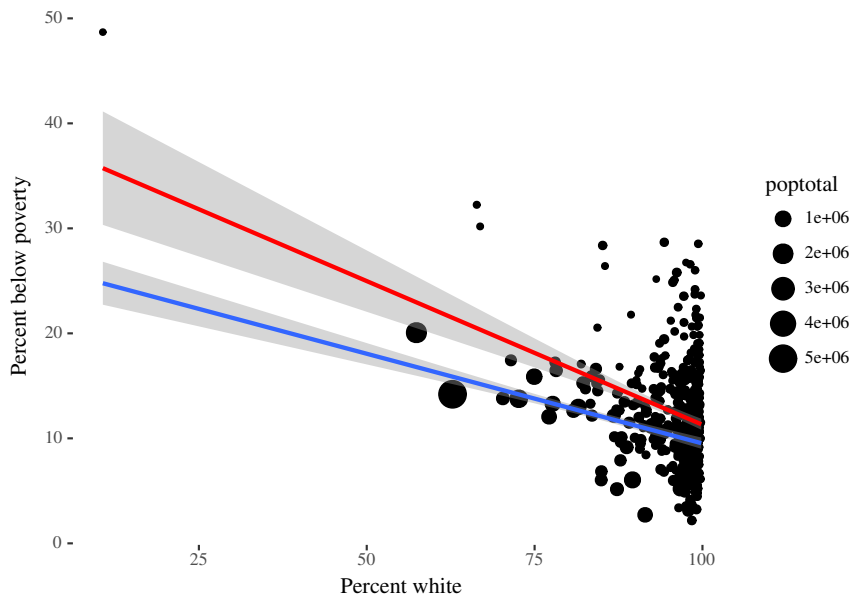
Nüüd üks näide teiste andmetega. Kaalutud lineaarne mudel on viis anda andmepunktidele, mida me tähtsamaks peame (või mis on täpsemalt mõõdetud) suurem kaal. Kõigepealt, siin on USA demograafilised andmed `midwest` "ggplot2" library-st erinevate kesk-lääne omavalitsuste kohta (437 omavalitsust).

Me valime `midwest` andmetest välja kolm muutujat: "percwhite", "percbelowpoverty", "poptotal".

```
midwest_subset <- midwest %>% select(percwhite, percbelowpoverty, poptotal)
midwest_subset
#> # A tibble: 437 x 3
#>   percwhite percbelowpoverty poptotal
#>       <dbl>            <dbl>    <int>
#> 1      96.7             13.2    66090
#> 2      66.4             32.2    10626
#> 3      96.6             12.1    14991
#> 4      95.3              7.21   30806
#> 5      90.2             13.5     5836
#> 6      98.5             10.4    35688
#> # ... with 431 more rows
```

Me tahame teada, kuidas valge rassi osakaal ennustab vaesust, aga me arvame, et suurematel omavalitsustel peaks selles ennustuses olema suurem kaal kui väiksematel. Selleks lisame `geom_smooth()`-i lisaargumendi "weight".

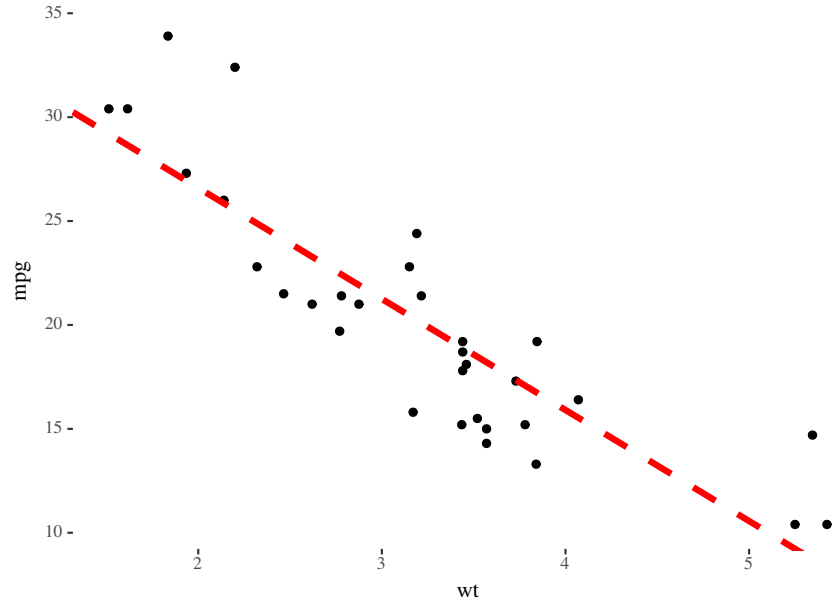
```
ggplot(midwest_subset, aes(percwhite, percbelowpoverty)) +
  geom_point(aes(size = poptotal)) +
  geom_smooth(aes(weight = poptotal), method = lm, size = 1) +
  geom_smooth(method = lm, color = "red") +
  labs(x = "Percent white", y = "Percent below poverty")
```



Punane on kaalumata regressioonisirge ja sinine on populatsioonisuuruse suhtes kaalutud regressioonisirge. Kaalumine mitte ainult ei muutnud sirge asukohta vaid vähendas ka ebakindlust sirge asukoha kohta.

Regeressioonijoone saab ggplotil määrata ka x-telje lõikumispunkti ja tõusu abil. See on kasulik mudelite visualiseerimisel mudeli koefitsientide põhjal. Kasuta `geom_abline()`.

```
## Create plot
p <- ggplot(data = mtcars, aes(x = wt, y = mpg)) +
  geom_point()
## Fit model and extract coefficients
model <- lm(mpg ~ wt, data = mtcars)
coefs  <- coef(model)
## Add regressionline to the plot
p + geom_abline(intercept = coefs[1],
                slope = coefs[2],
                color = "red",
                linetype = "dashed",
                size = 1.5)
```

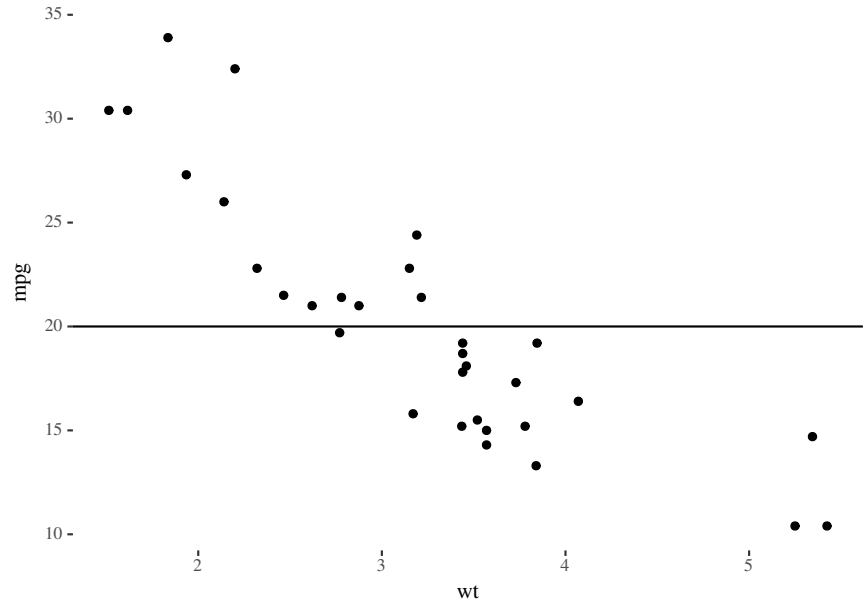


0.7.3.1 Lisame plotile sirgjooni

Horisontaalsed sirged saab graafikule lisada `geom_hline()` abil. Pane tähele, et eelnevalt me andsime oma ggplot-i põhikihtidele nime "p" ja seega panime selle alusploti oma töökeskkonda, et saaksime seda korduvkasutada.

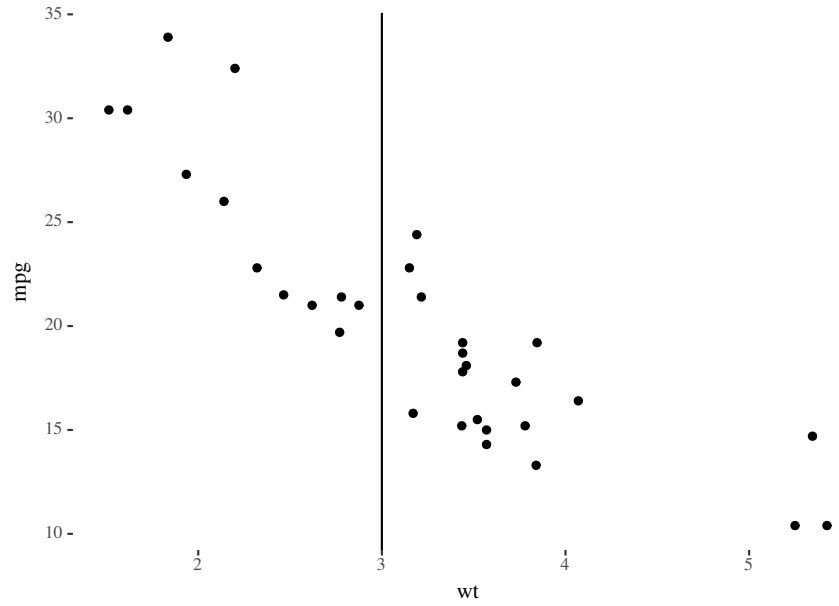
Lisame graafikule horisontaaljoone y = 20:

```
# Add horizontal line at y = 20
p + geom_hline(yintercept = 20)
```



Vertikaalseid sirgeid saab lisada `geom_vline()` abil, näiteks vertikaalne sirge asukohas x = 3:

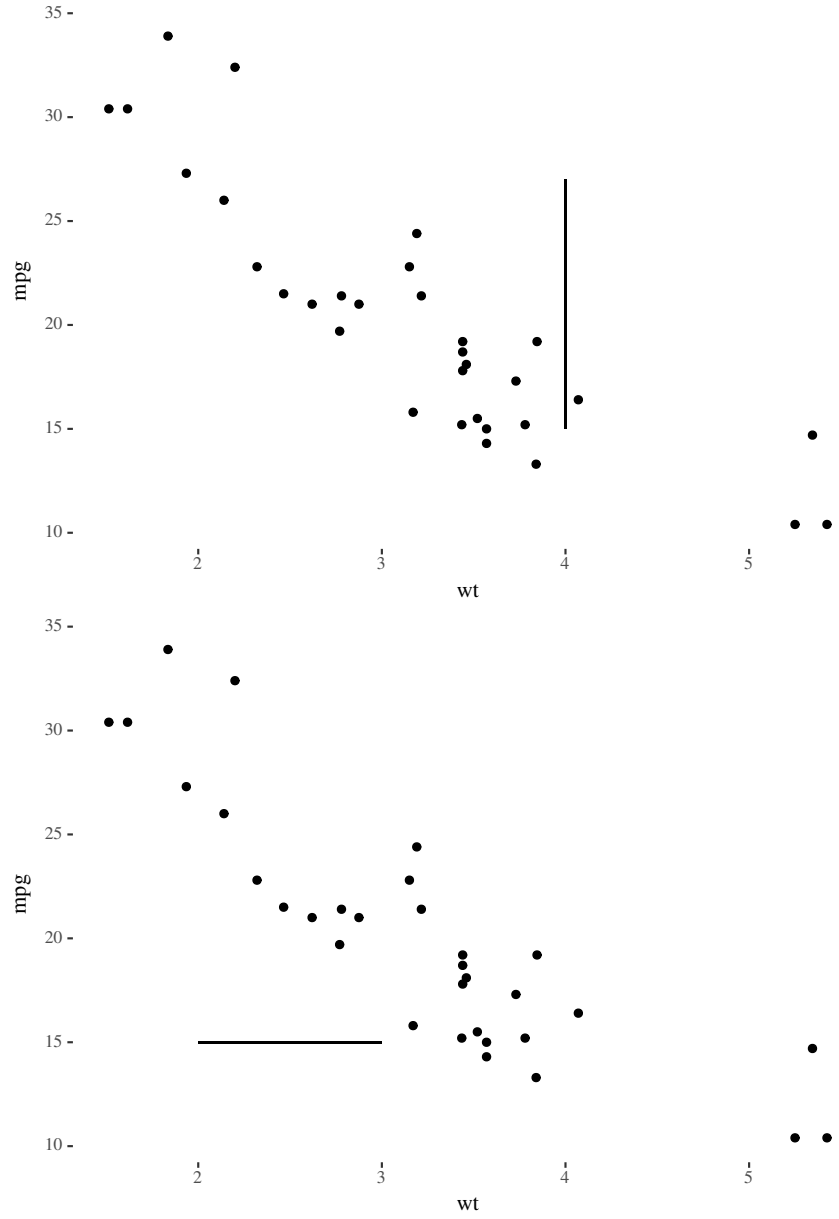
```
# Add a vertical line at x = 3
p + geom_vline(xintercept = 3)
```



0.7.3.2 Segmendid ja nooled

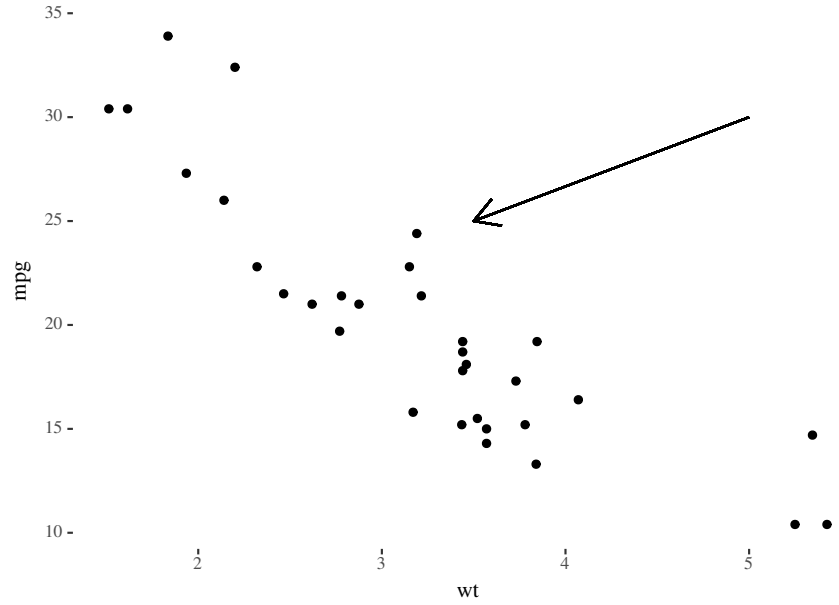
"ggplot2" funktsioon `geom_segment()` lisab joonejupi, mille algus ja lõpp on ette antud.

```
# Add a vertical line segment
p + geom_segment(aes(x = 4, y = 15, xend = 4, yend = 27))

# Add horizontal line segment
p + geom_segment(aes(x = 2, y = 15, xend = 3, yend = 15))
```



Saab joonistada ka **nooli**, kasutades arumenti “arrow” funktsioonis `geom_segment()`

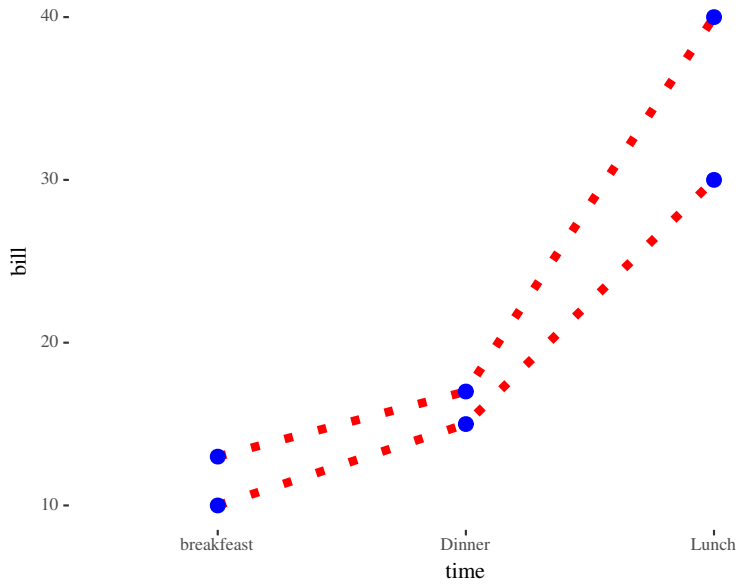
```
p + geom_segment(aes(x = 5, y = 30, xend = 3.5, yend = 25),
                 arrow = arrow(length = unit(0.5, "cm")))
```



0.7.3.3 Joongraafikud

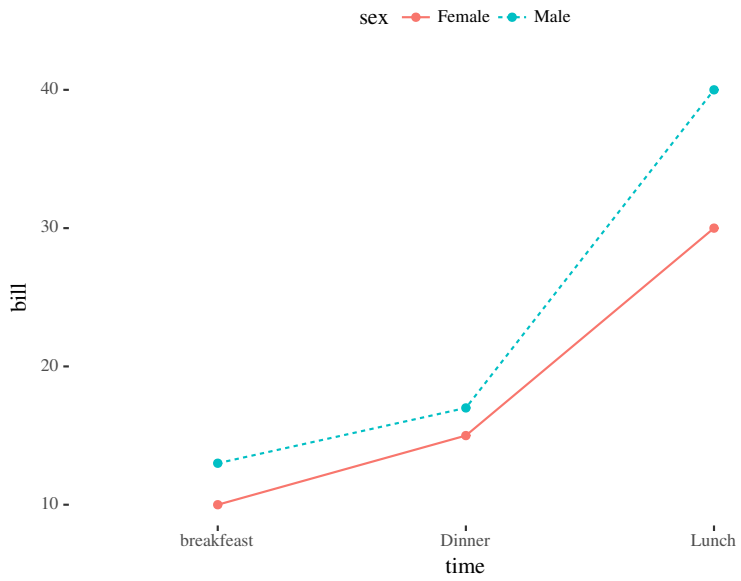
"ggplot2"-s on näiteks joonetüübid on "blank", "solid", "dashed", "dotted", "dotdash", "longdash", "twodash".

```
meals <- data.frame(sex = rep(c("Female", "Male"), each = 3),
                    time = c("breakfeast", "Lunch", "Dinner"),
                    bill = c(10, 30, 15, 13, 40, 17) )

# Change line colors and sizes
ggplot(data = meals, aes(x = time, y = bill, group = sex)) +
  geom_line(linetype = "dotted", color = "red", size = 2) +
  geom_point(color = "blue", size = 3)
```



Järgneval graafikul muudame joonetüüpi automaatselt muutuja sex taseme järgi:

```
# Change line types + colors
ggplot(meals, aes(x = time, y = bill, group = sex)) +
  geom_line(aes(linetype = sex, color = sex)) +
  geom_point(aes(color = sex)) +
  theme(legend.position = "top")
```

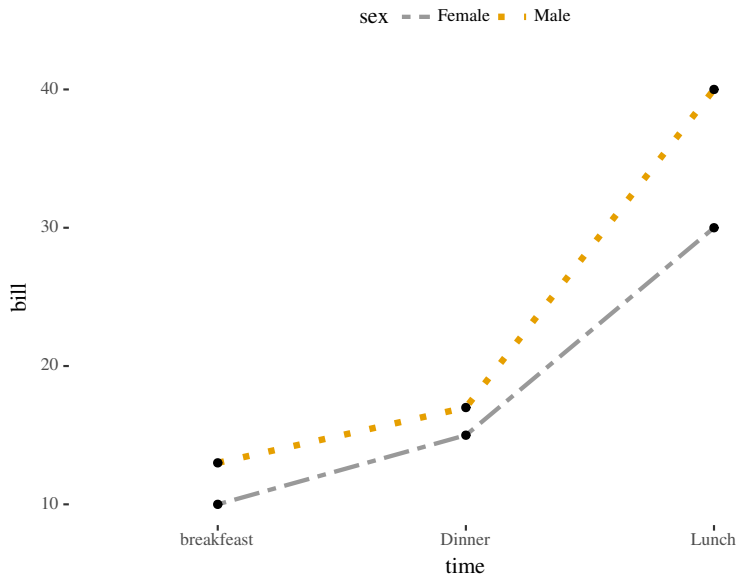


Muuda jooni käsitsi:

- `scale_linetype_manual()`: joone tüüp

- `scale_color_manual()`: joone värv
- `scale_size_manual()`: joone laius

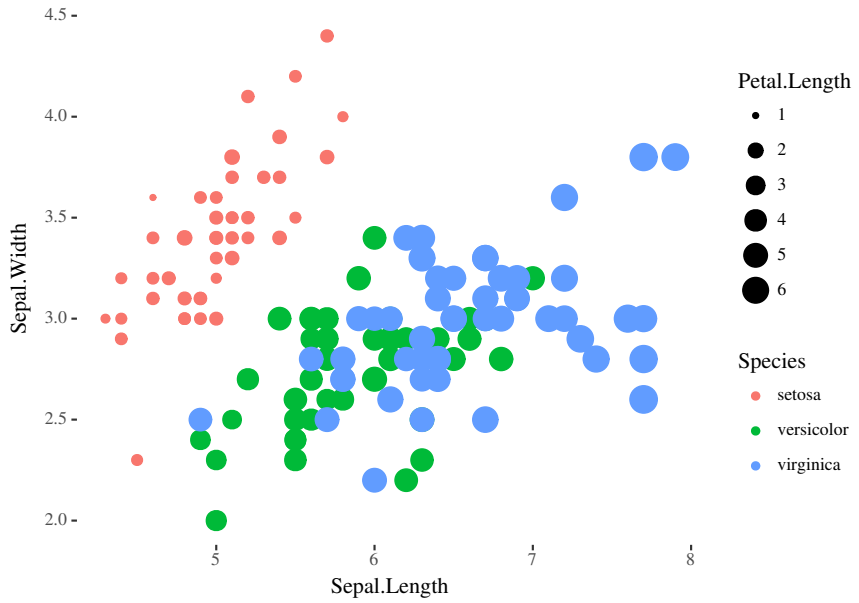
```
ggplot(meals, aes(x = time, y = bill, group = sex)) +
  geom_line(aes(linetype = sex, color = sex, size = sex)) +
  geom_point() +
  scale_linetype_manual(values = c("twodash", "dotted")) +
  scale_color_manual(values = c('#999999', '#E69F00')) +
  scale_size_manual(values = c(1, 1.5)) +
  theme(legend.position = "top")
```



0.7.3.4 Punktide tähistamise trikid

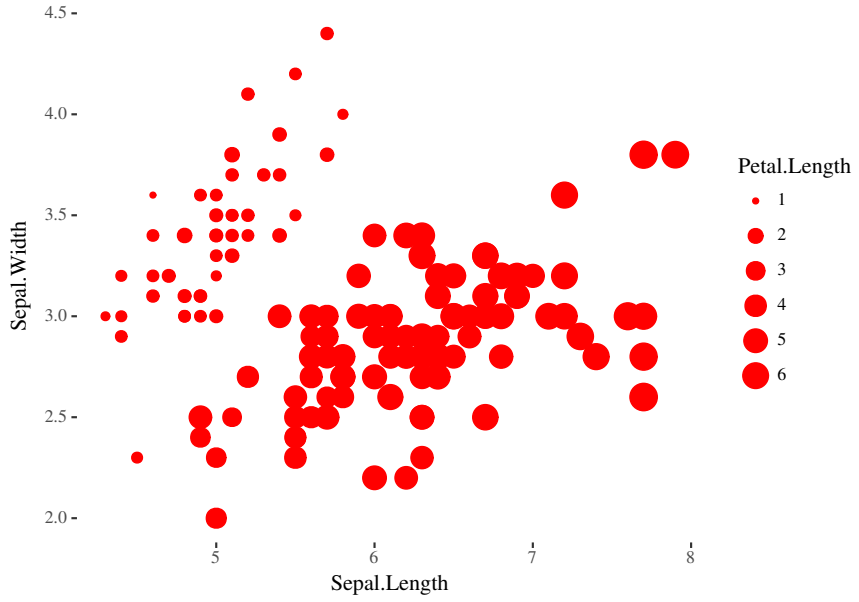
`aes()` töötab nii `ggplot()` kui `geom_` funktsioonides.

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



Kui me kasutame color argumenti `aes()`-st väljaspool, siis värvime kõik punktid sama värvi.

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



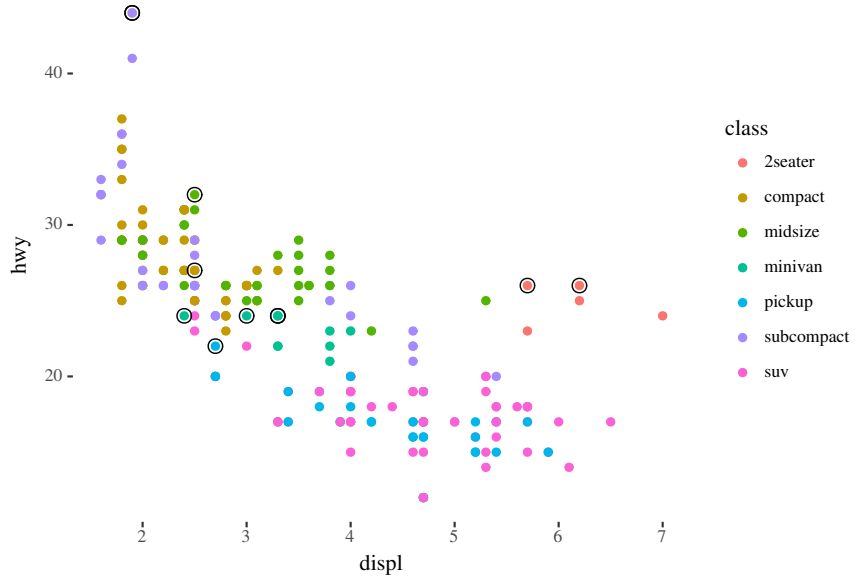
Kasulik trikk on kasutada mitut andmesetti sama ploti tegemiseks. Uus andmestik – "mpg" – on autode kütusekulu kohta.

```
head(mpg, 2)
#> # A tibble: 2 x 11
#>   manufac~ model displ  year   cyl trans   drv     cty
```

```
#>   <chr>    <chr> <dbl> <int> <int> <chr>   <chr> <int>
#> 1 audi     a4     1.80  1999     4 auto(l~ f        18
#> 2 audi     a4     1.80  1999     4 manual~ f        21
#> # ... with 3 more variables: hwy <int>, fl <chr>,
#> #   class <chr>

best_in_class <- mpg %>%
  group_by(class) %>%
  top_n(1, hwy)

head(best_in_class)
#> # A tibble: 6 x 11
#> # Groups:   class [2]
#>   manufa~ model   displ  year   cyl trans  drv     cty
#>   <chr>   <chr>   <dbl> <int> <int> <chr>  <chr> <int>
#> 1 chevro~ corvet~  5.70  1999     8 manua~ r        16
#> 2 chevro~ corvet~  6.20  2008     8 manua~ r        16
#> 3 dodge   carava~  2.40  1999     4 auto(~ f        18
#> 4 dodge   carava~  3.00  1999     6 auto(~ f        17
#> 5 dodge   carava~  3.30  2008     6 auto(~ f        17
#> 6 dodge   carava~  3.30  2008     6 auto(~ f        17
#> # ... with 3 more variables: hwy <int>, fl <chr>,
#> #   class <chr>
```

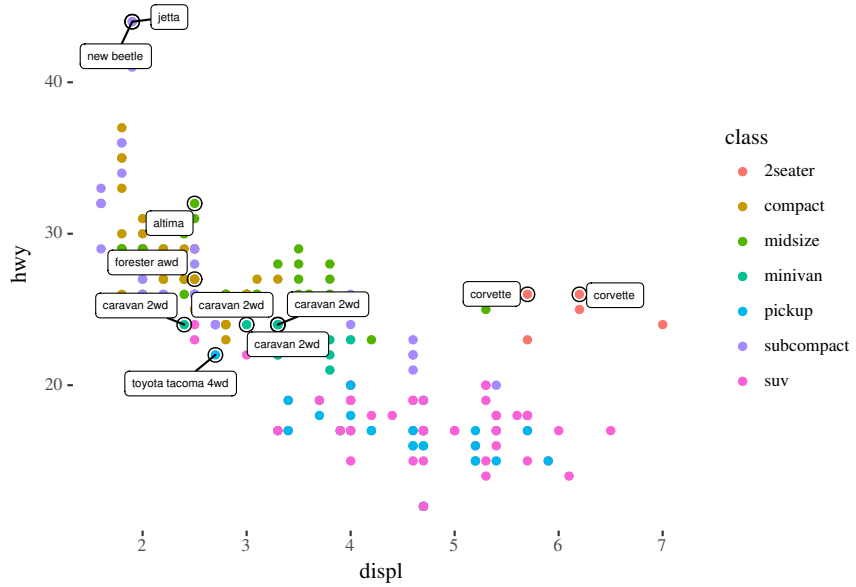
Siin läheb kitsam andmeset uude `geom_point()` kihti ja teeb osad punktid teistsuguseks. Need on oma klassi parimad autod.

```
ggplot(mpg, aes(displ, hwy)) +
  geom_point(aes(colour = class))+
  geom_point(size = 3, shape = 1, data = best_in_class)
```



Lõpuks toome graafikul eraldi välja nende parimate autode mudelite nimed. Selleks kasutame "ggrepel" raamatukogu funktsiooni `geom_label_repel()`.

```
ggplot(mpg, aes(displ, hwy)) +
  geom_point(aes(colour = class))+
  geom_point(size = 3, shape = 1, data = best_in_class) +
  geom_label_repel(aes(label = model), data = best_in_class, cex = 2)
```

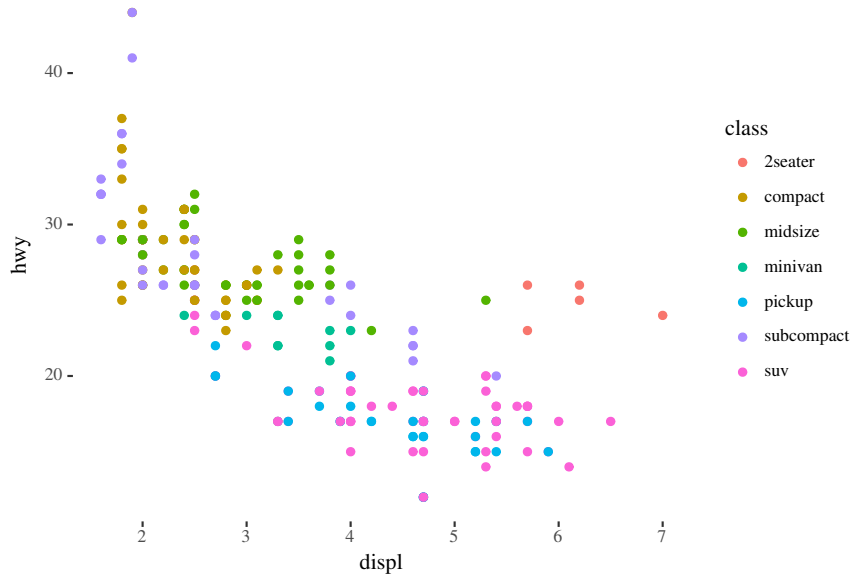


0.7.4 *Facet* – pisigraafik

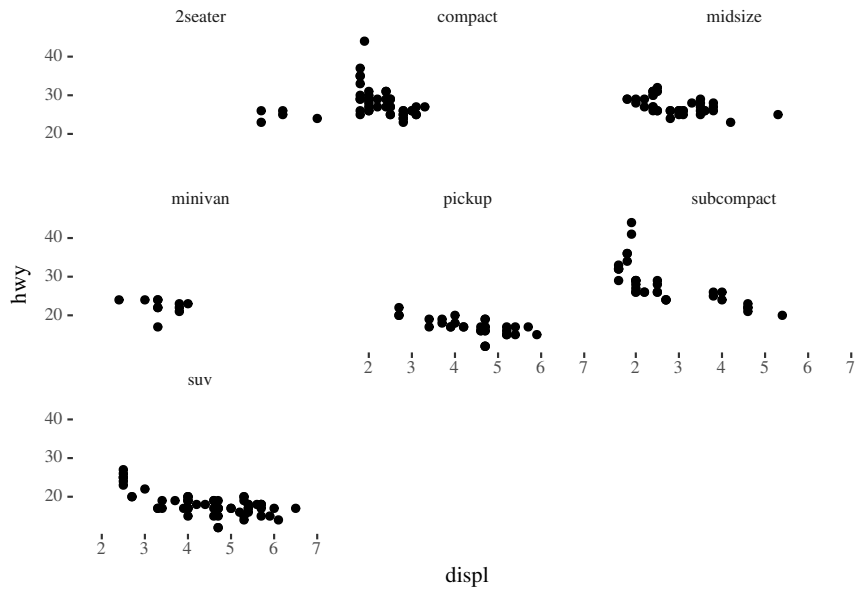
Kui teil on mitmeid muutujaid või nende alamhulki, on teil kaks võimalust.

1. grupeeri pidevad muutujad faktormuutujate tasemete järgi ja kasuta color, fill, shape, size alpha parameetreid, et erinevatel gruppidel vahet teha.
2. grupeeri samamoodi ja kasuta facet-it, et iga grupp omaenda paneelile panna.

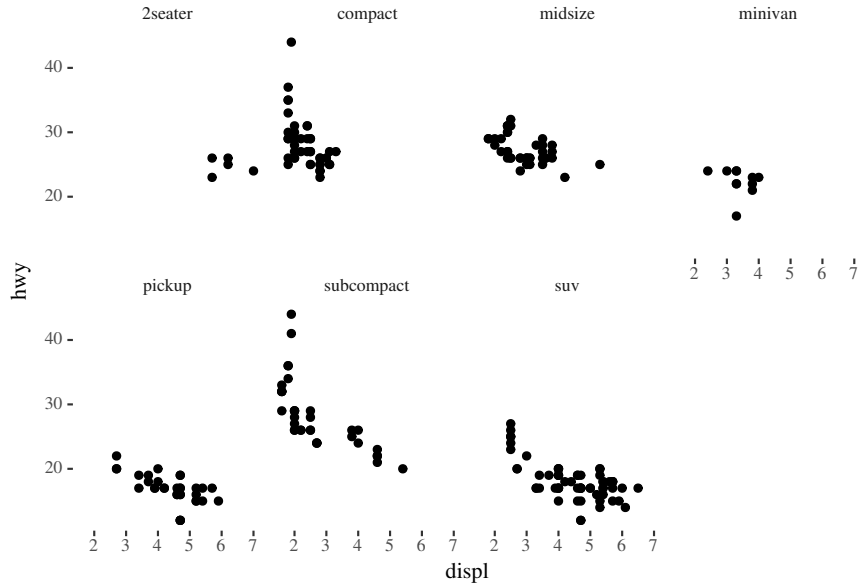
```
#here we separate different classes of cars into different colors
p <- ggplot(mpg, aes(displ, hwy))
p + geom_point(aes(colour = class))
```




```
p + geom_point() +
  facet_wrap(~ class)
```

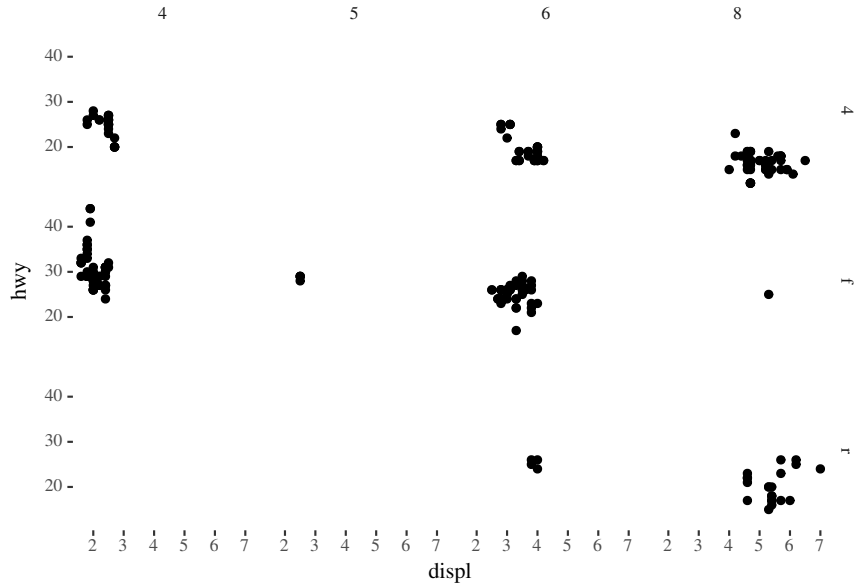



```
p + geom_point() +
  facet_wrap(~ class, nrow = 2)
```



Kui me tahame kahe muutuja kõigi kombinatsioonide vastu paneele, siis kasuta `facet_grid()` funktsiooni.

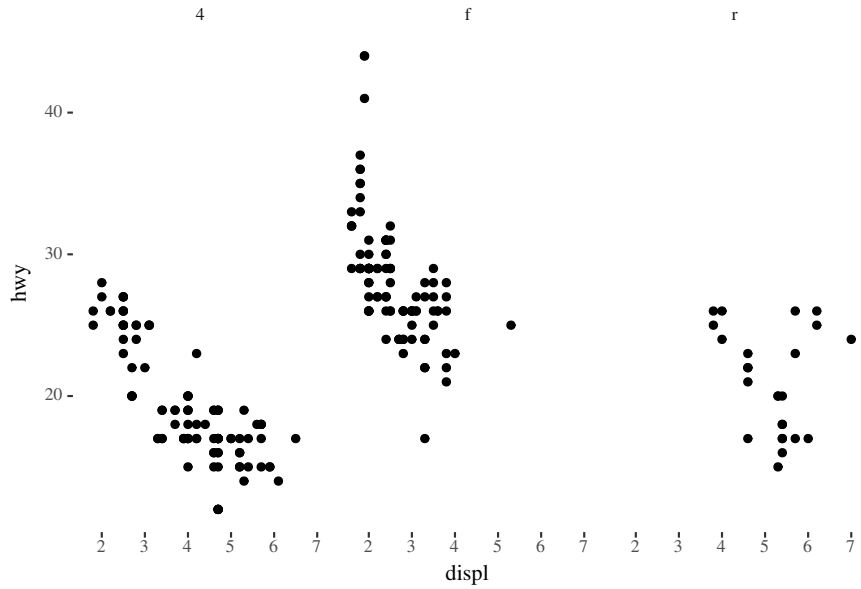
```
p + geom_point() +
  facet_grid(drv ~ cyl)
```



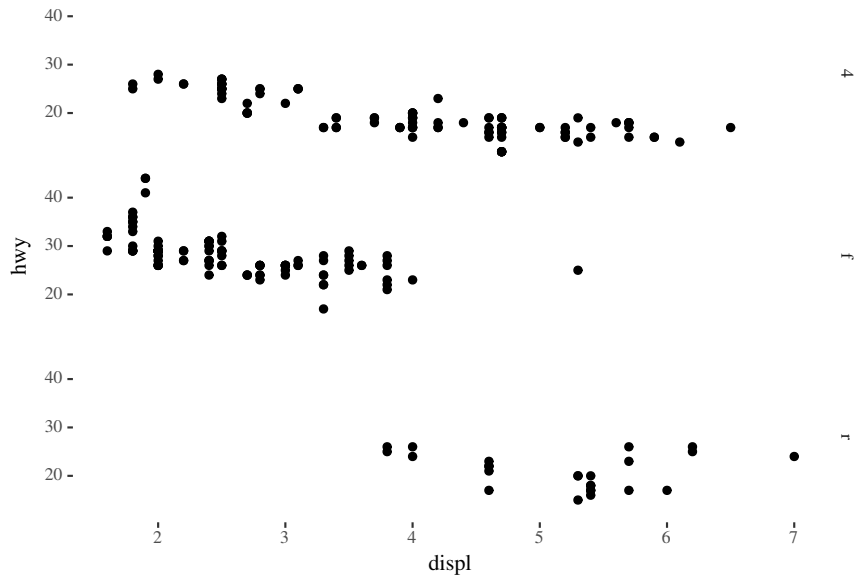
- "drv" – drive - 4(-wheel), f(orward), r(ear).
- "cyl" – cylinders - 4, 5, 6, or 8.

Kasutades punkti `.` on võimalik asetada kõik alamgraafikud kõrvuti `(. ~ var)` või üksteise peale `(var ~ .)`.

```
p + geom_point() +
  facet_grid(. ~ drv)
```



```
p + geom_point() +
  facet_grid(drv ~ .)
```



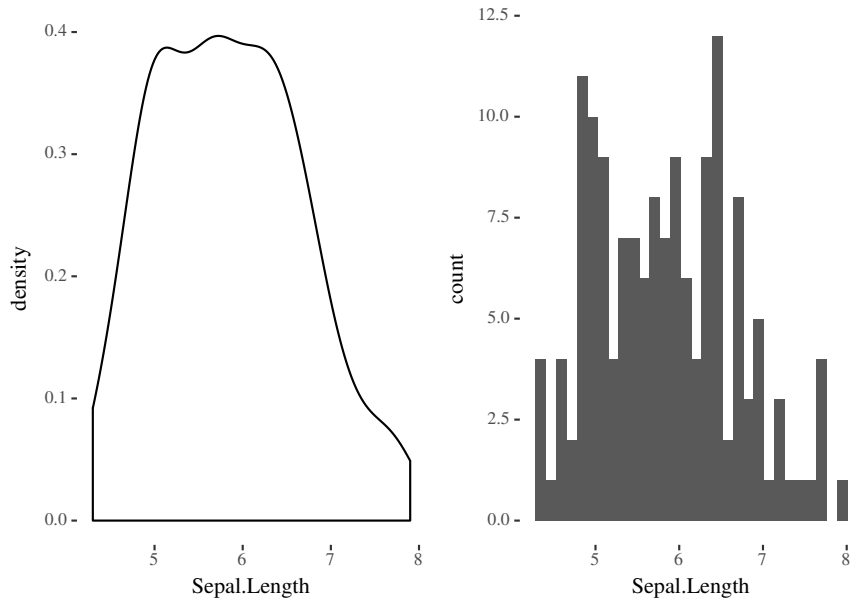
0.7.5 Mitu graafikut paneelidena ühel joonisel

Kõigepealt tooda komponentgraafikud ggplot() abil ja tee nendest graafilised objektid. Näiteks nii:

```
library(tidyverse)
i1 <- ggplot(data= iris, aes(x=Sepal.Length)) + geom_histogram()
i2 <- ggplot(data= iris, aes(x=Sepal.Length)) + geom_density()
```

Seejäral, kasuta funktsioon `gridExtra::grid.arrange()` et graafikud kõrvuti panna

```
library(gridExtra)
grid.arrange(i2, i1, nrow = 1) # ncol = 2 also works
```



0.7.5.1 Telgede ulatus

Telgede ulatust saab määrata kolmel erineval viisil

1. filtreeri andmeid, mida plotid
2. pane x- ja y-teljele piirangud `xlim()`, `ylim()`
3. kasuta `coord_cartesian()` ja xlim, ylim on parameetrid selle sees: `coord_cartesian(xlim = c(5, 7), ylim = c(10, 30))`

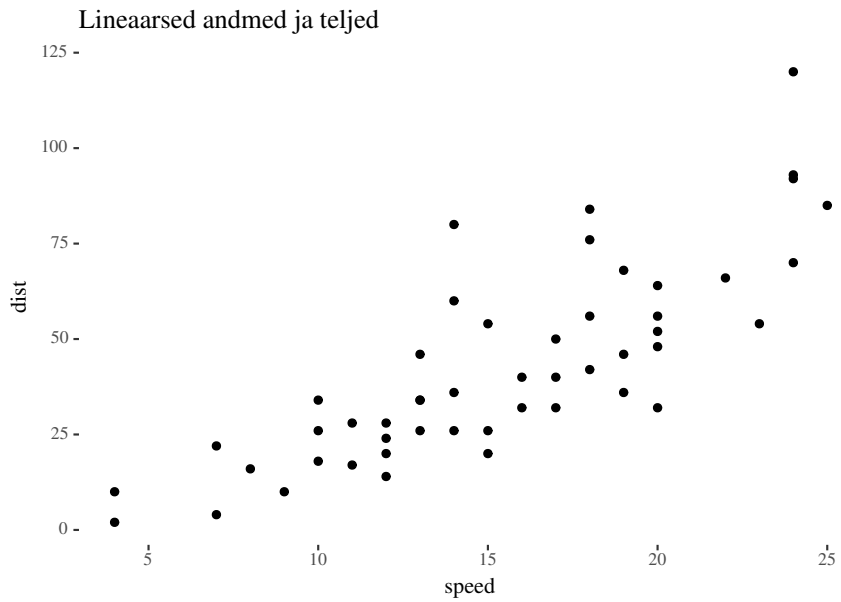
Telgede ulatust saab muuta ka x- ja y-teljele eraldi:

- `scale_x_continuous(limits = range(mpg$displ))`
- `scale_y_continuous(limits = range(mpg$hwy))`

0.7.5.2 Log skaalas teljed

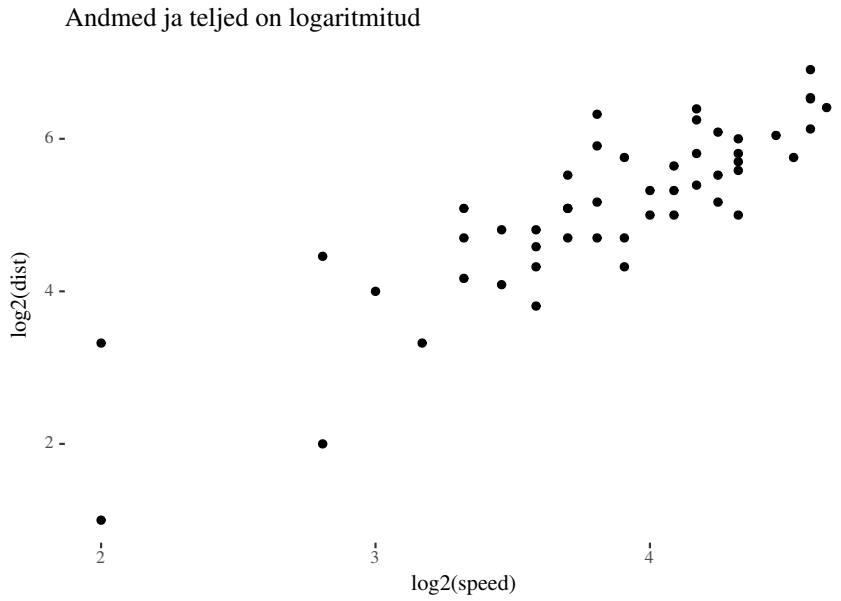
1. Lineaarsed andmed lineaarsetel telgedel.

```
ggplot(cars, aes(x = speed, y = dist)) +
  geom_point() +
  ggtitle("Lineaarsed andmed ja teljed")
```



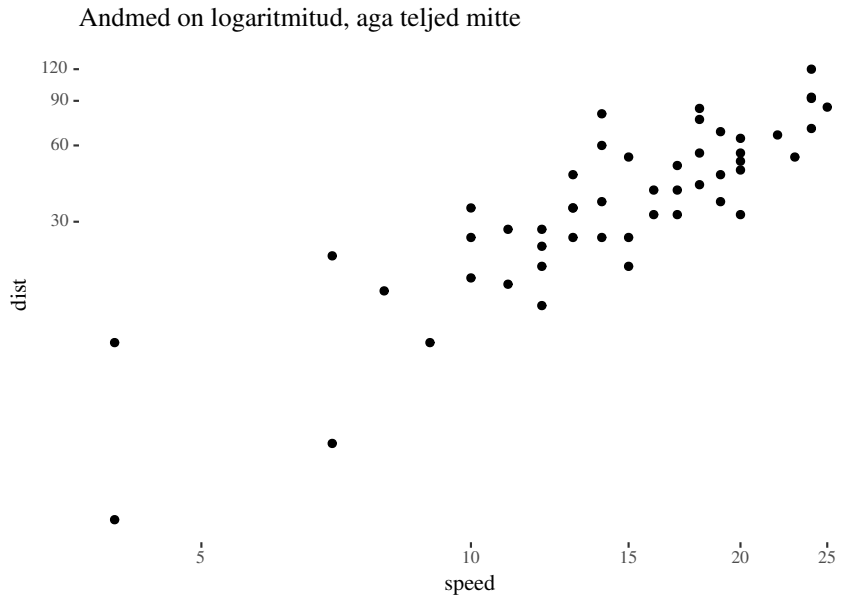
2. Logaritmi andmed `aes()`-s.

```
ggplot(cars, aes(x = log2(speed), y = log2(dist))) +
  geom_point() +
  ggtitle("Andmed ja teljed on logaritmitud")
```



3. Andmed on logaritmitud, aga teljed mitte.

```
ggplot(cars, aes(x = speed, y = dist)) +
  geom_point() +
  coord_trans(x = "log2", y = "log2") +
  ggtitle("Andmed on logaritmitud, aga teljed mitte")
```



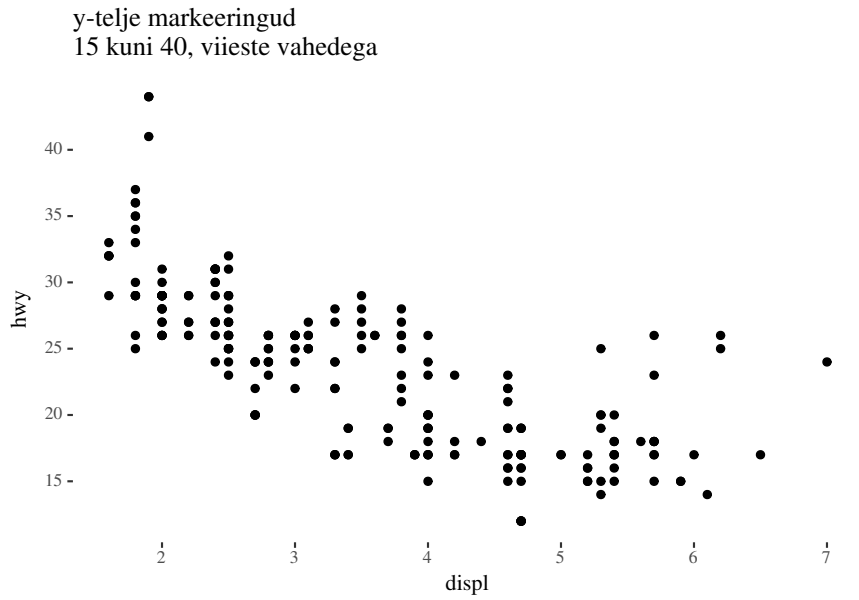
0.7.5.3 Pöörame graafikut 90 kraadi

```
ggplot(iris, mapping = aes(x = Species, y = Sepal.Length)) +
  geom_boxplot() +
  coord_flip()
```

0.7.5.4 Muudame telgede markeeringuid

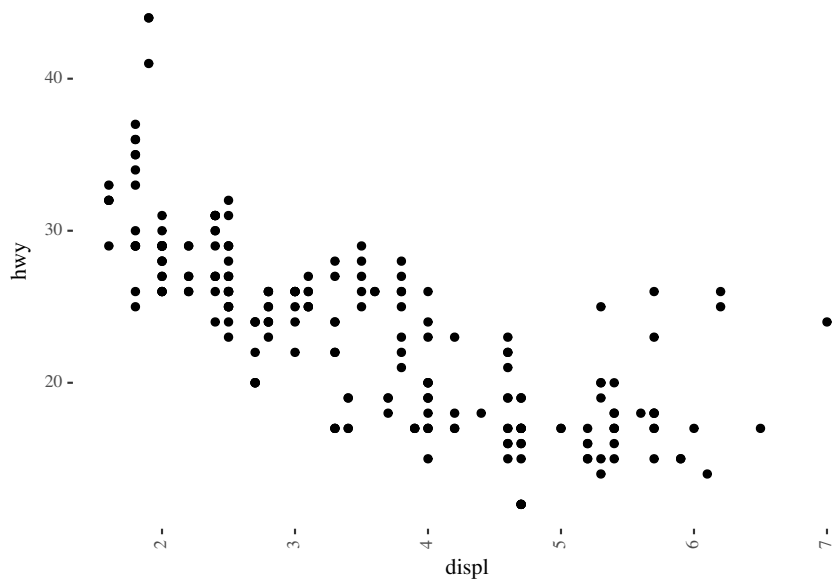
Muudame y-telje markeeringut:

```
ggplot(mpg, aes(displ, hwy)) +
  geom_point() +
  scale_y_continuous(breaks = seq(15, 40, by = 5)) +
  ggtitle("y-telje markeeringud\n15 kuni 40, viieste vahedega")
```



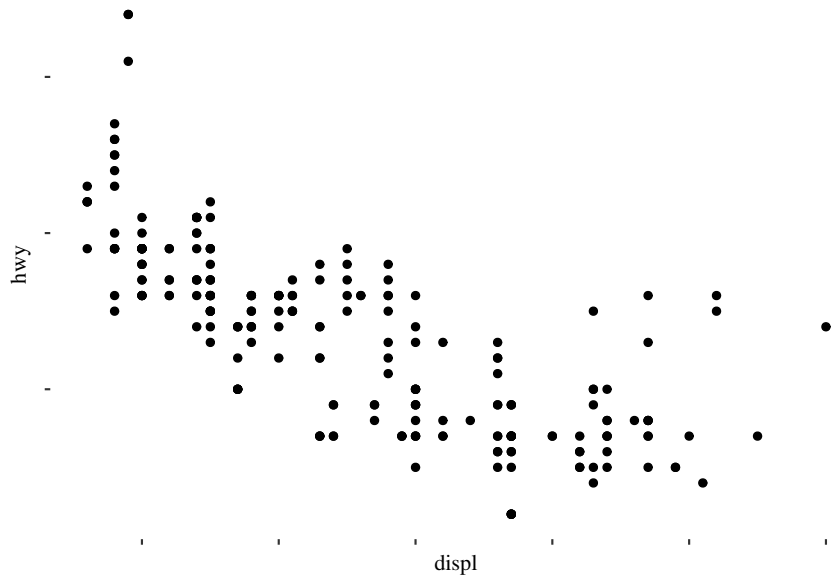
Muudame x-telje markeeringute nurka muutes `theme()` funktsiooni argumenti “axis.text.x”:

```
ggplot(mpg, aes(displ, hwy)) +
  geom_point() +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 90, hjust = 1, vjust = 0.5))
```



Eemaldame telgede markeeringud, ka läbi `theme()` funktsiooni:

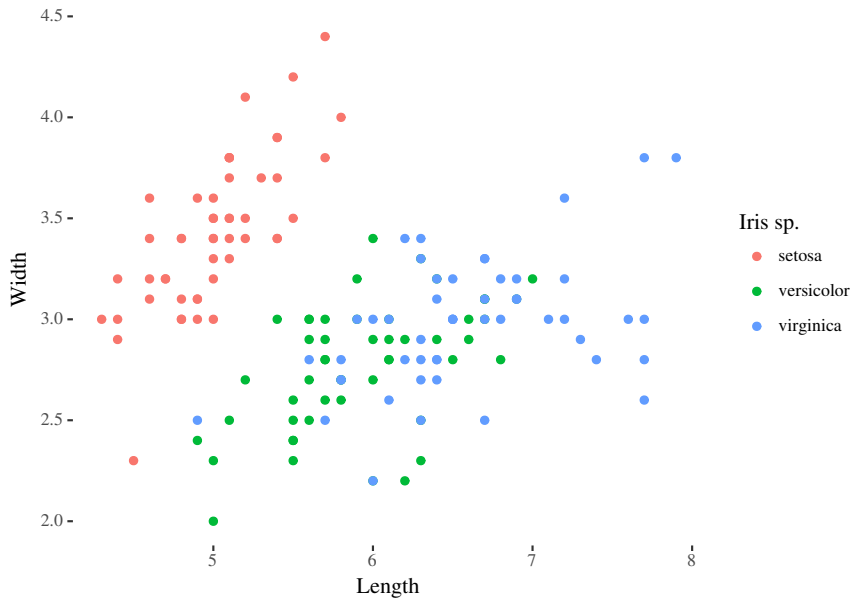
```
ggplot(mpg, aes(displ, hwy)) +
  geom_point() +
  theme(axis.text = element_blank())
```



0.7.6 Telgede tekst ja pealkirjad

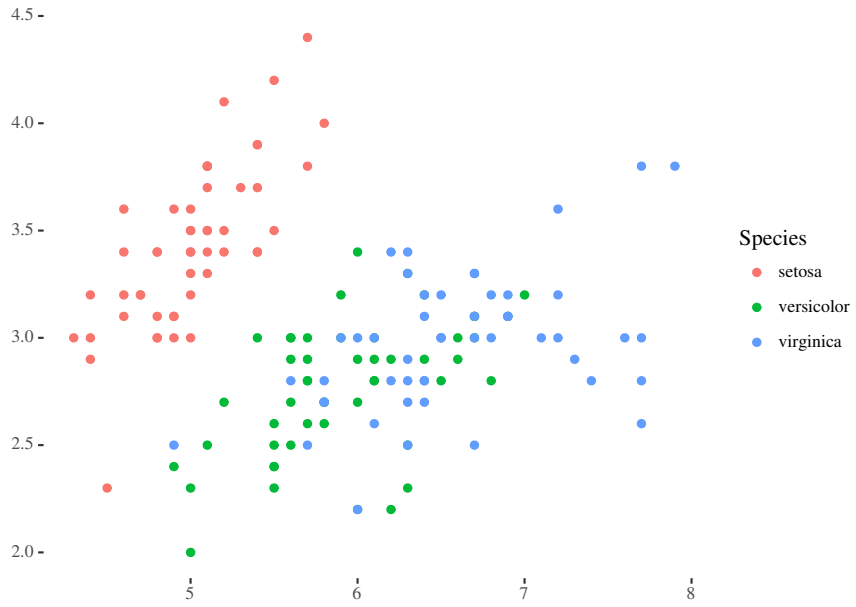
0.7.6.1 Muudame telgede ja legendi nimed

```
p <- ggplot(iris, aes(Sepal.Length, Sepal.Width, color = Species)) +
  geom_point()
p + labs(
     x = "Length",
     y = "Width",
     color = "Iris sp."
     )
```



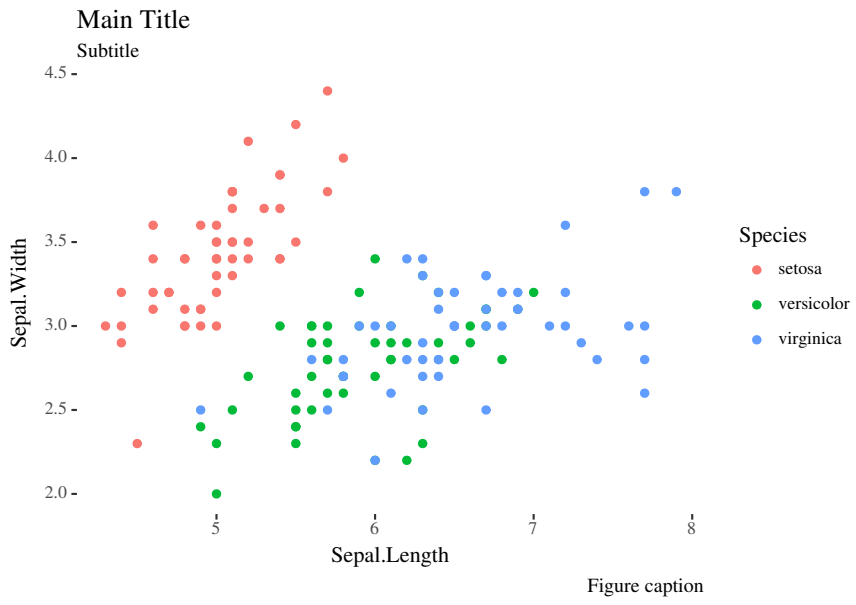
Eemaldame telgede nimed:

```
p + theme(axis.title = element_blank())
```



0.7.6.2 Graafiku pealkiri, alapeakiri ja allkiri

```
ggplot(iris, aes(Sepal.Length, Sepal.Width, color = Species)) +
  geom_point() +
  labs(
     title = "Main Title",
     subtitle = "Subtitle",
     caption = "Figure caption"
      )
```



`ggtitle()` annab graafikule pealkirja

0.7.6.3 Graafiku legend

Legend erinevalt graafikust endast ei ole pool-läbipaistev.

```
norm <- tibble(x = rnorm(1000), y = rnorm(1000))
norm$z <- cut(norm$x, 3, labels = c( "a" ,  "b" ,  "c" )) #creates a new column

ggplot(norm, aes(x, y)) +
  geom_point(aes(colour = z), alpha = 0.3) +
  guides(colour = guide_legend(override.aes = list(alpha = 1)))
```

legend graafiku sisse

```
df <- data.frame(x = 1:3, y = 1:3, z = c( "a" ,  "b" ,  "c" ))
base <- ggplot(df, aes(x, y)) +
  geom_point(aes(colour = z), size = 3) +
  xlab(NULL) +
  ylab(NULL)

base + theme(legend.position = c(0, 1), legend.justification = c(0, 1))
base + theme(legend.position = c(0.5, 0.5), legend.justification = c(0.5, 0.5))
base + theme(legend.position = c(1, 0), legend.justification = c(1, 0))
```

legendi asukoht graafiku ümber:

```
base + theme(legend.position = "left")
base + theme(legend.position = "top")
base + theme(legend.position = "bottom")
base + theme(legend.position = "right") # the default
```

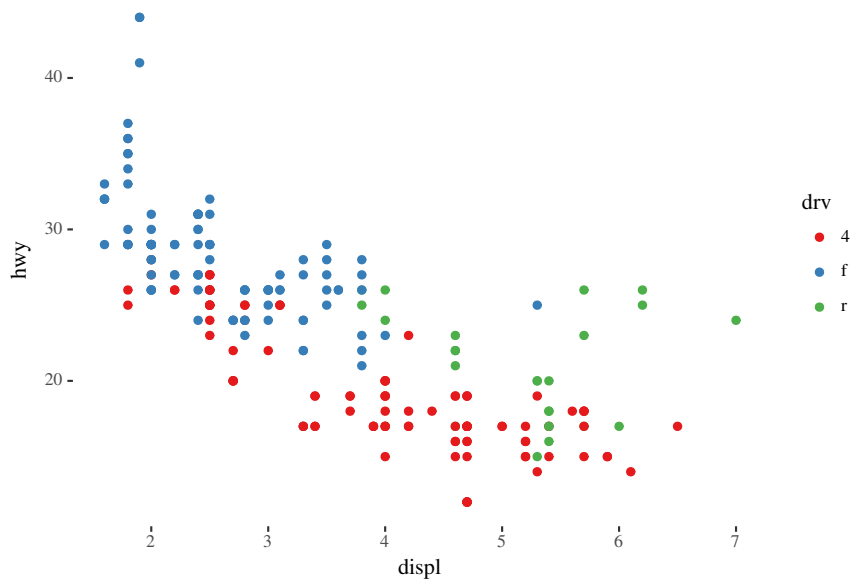
eemalda legend

```
ggplot(mpg, aes(displ, hwy)) +
  geom_point(aes(colour = class))+
  theme(legend.position = "none")
```

0.7.7 Värviskaalad

ColorBreweri skaala "Set1" on hästi nähtav värvipimedatele. colour_brewer skaalad loodi diskreetsetele muutujatele, aga nad näevad sageli head välja ka pidevate muutujate korral.

```
ggplot(mpg, aes(displ, hwy)) +
  geom_point(aes(color = drv)) +
  scale_colour_brewer(palette = "Set1")
```

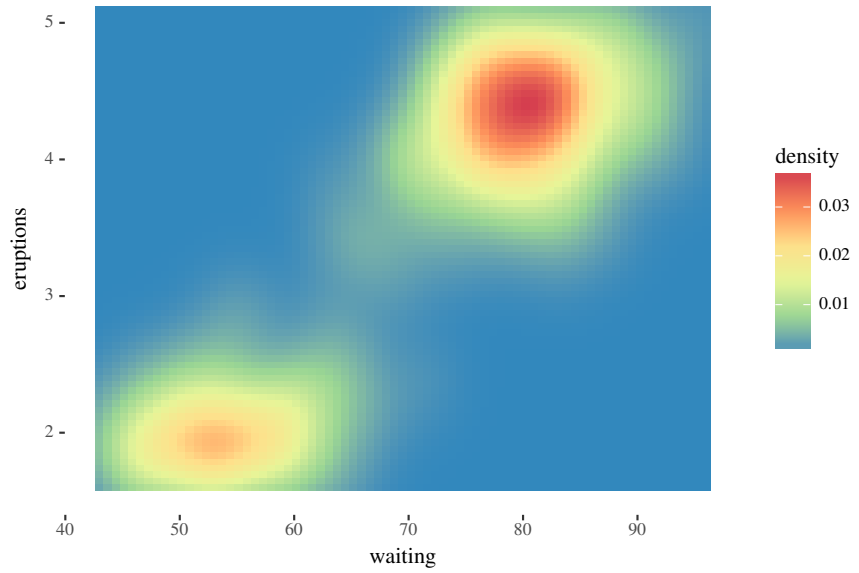


0.7.7.1 Värviskaalad pidevatele muutujatele

Pidevatele muutujatele töötab scale_colour_gradient() or scale_fill_gradient(). scale_colour_gradient2() võimaldab eristada näiteks positiivseid ja negatiivseid väärtusi erinevate värviskaaladega.

```
df <- data.frame(x = 1, y = 1:5, z = c(1, 3, 2, NA, 5))
p <- ggplot(df, aes(x, y)) + geom_tile(aes(fill = z), size = 5)
p
# Make missing colours invisible
p + scale_fill_gradient(na.value = NA)
# Customise on a black and white scale
p + scale_fill_gradient(low =  "black" , high =  "white" , na.value =  "red" )

#gradient between n colours
p+scale_color_gradientn(colours = rainbow(5))
```

```
# Use distiller variant with continous data
ggplot(faithfuld) +
  geom_tile(aes(waiting, eruptions, fill = density)) +
  scale_fill_distiller(palette = "Spectral")
```



0.7.7.2 Värviskaalad faktormuutujatele

Tavaline värviskaala on scale_colour_hue() ja scale_fill_hue(), mis valivad värve HCL värvirattast. Töötavad hästi kuni u 8 värvini.

```
ToothGrowth <- ToothGrowth
ToothGrowth$dose <- as.factor(ToothGrowth$dose)
mtcars <- mtcars
mtcars$cyl <- as.factor(mtcars$cyl)

#bp for discrete color scales
bp<-ggplot(ToothGrowth, aes(x=dose, y=len, fill=dose)) +
  geom_boxplot()
bp
#sp for continuous scales
sp<-ggplot(mtcars, aes(x=wt, y=mpg, color=cyl)) + geom_point()
sp

#You can control the default chroma and luminance, and the range
#of hues, with the h, c and l arguments
bp + scale_fill_hue(l=40, c=35, h = c(180, 300)) #boxplot
sp + scale_color_hue(l=40, c=35) #scatterplot
```

Halli varjunditega töötab scale_fill_grey().

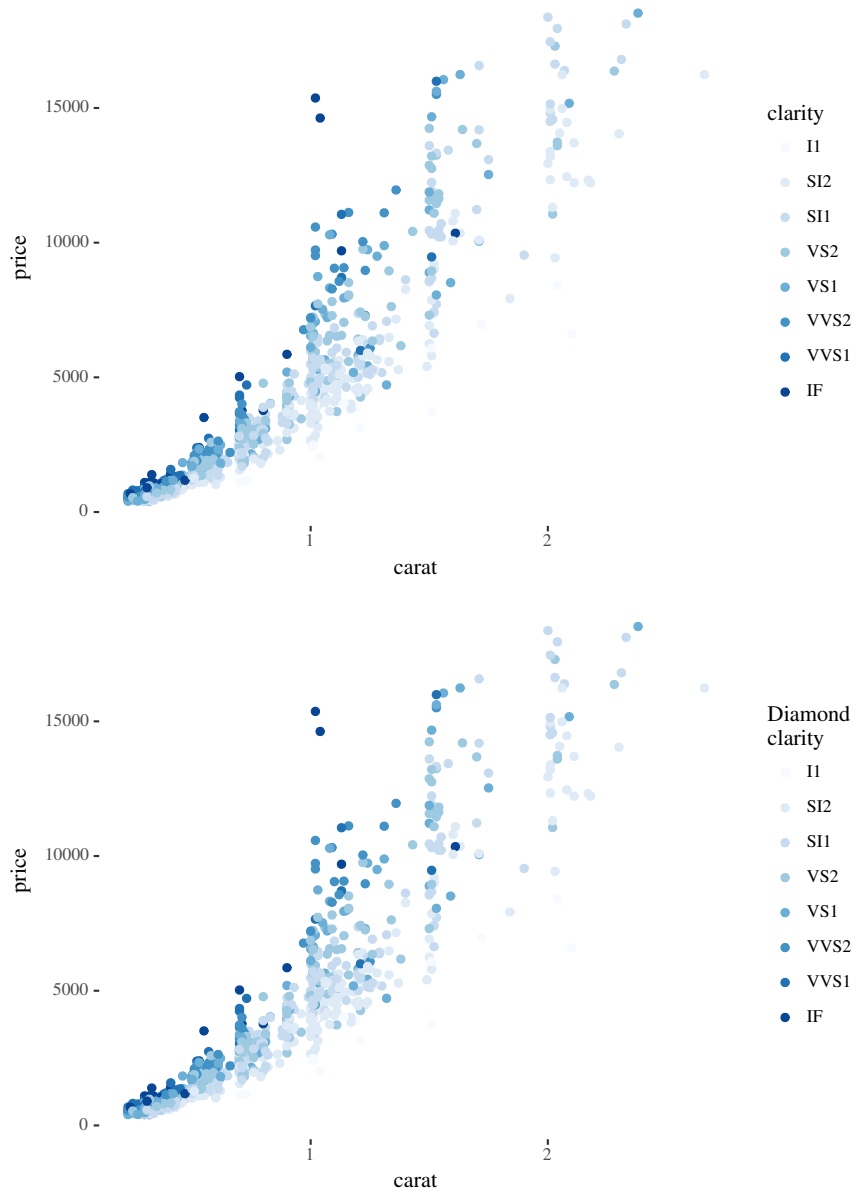
```
bp + scale_fill_grey(start = 0.5, end = 1)
```

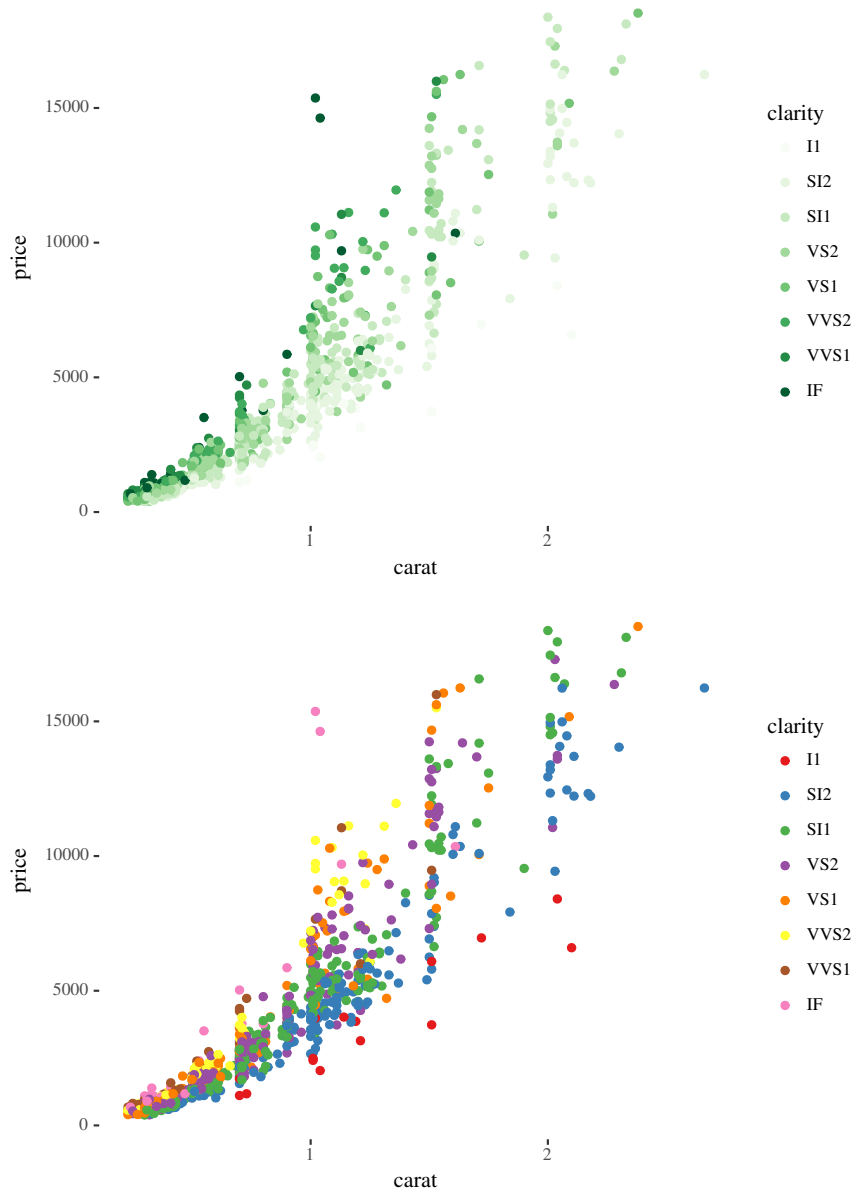
Järgmine võimalus on käsitsi värve sättida

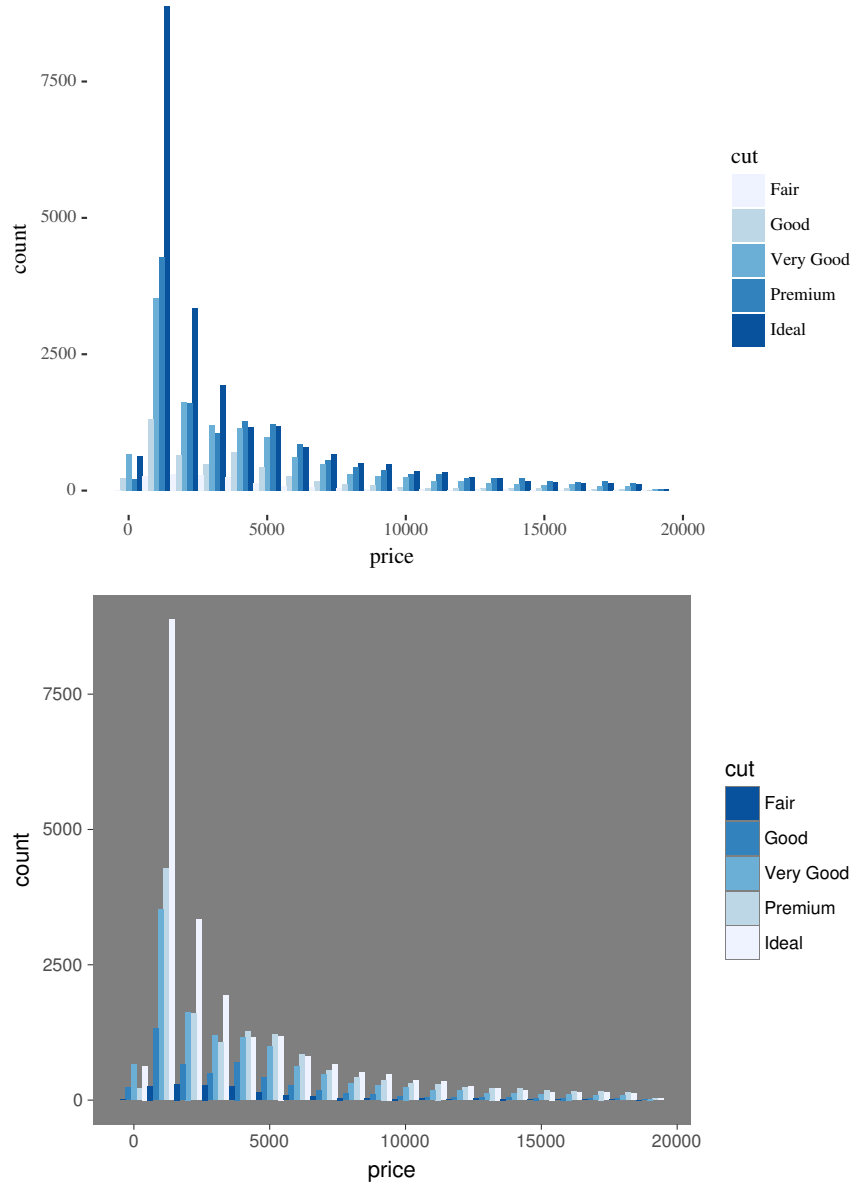
```
#bp for discrete color scales
bp<-ggplot(ToothGrowth, aes(x=dose, y=len, fill=dose)) +
  geom_boxplot()
bp
#sp for continuous scales
sp<-ggplot(mtcars, aes(x=wt, y=mpg, color=cyl)) + geom_point()
sp
bp + scale_fill_manual(values=c("#999999", "#E69F00", "#56B4E9"))
sp + scale_color_manual(values=c("#999999", "#E69F00", "#56B4E9"))
```

Colour_brewer-i skaalad on loodud faktormuutujaid silmas pidades.

```
dsamp <- diamonds[sample(nrow(diamonds), 1000), ]
d <- ggplot(dsamp, aes(carat, price)) +
  geom_point(aes(colour = clarity))
d + scale_colour_brewer()

# Change scale label
d + scale_colour_brewer("Diamond\nclarity")

# Select brewer palette to use, see ?scales::brewer_pal for more details
d + scale_colour_brewer(palette = "Greens")
d + scale_colour_brewer(palette = "Set1")

# scale_fill_brewer works just the same as
# scale_colour_brewer but for fill colours
p <- ggplot(diamonds, aes(x = price, fill = cut)) +
  geom_histogram(position = "dodge", binwidth = 1000)
p + scale_fill_brewer()
# the order of colour can be reversed
# the brewer scales look better on a darker background
p + scale_fill_brewer(direction = -1) + theme_dark()
```


price
15000
10000
5000
0
1
2
carat
clarity
I1
SI2
SI1
VS2
VS1
VVS2
VVS1
IF
Diamond clarity


price
15000
10000
5000
0
1
2
carat
clarity
I1
SI2
SI1
VS2
VS1
VVS2
VVS1
IF
price
15000
10000
5000
0
1
2
carat
clarity
I1
SI2
SI1
VS2
VS1
VVS2
VVS1
IF



Väga lahedad värviskaalad, mis eriti hästi sobivad diskreetsetele muutujatele, on wesanderson paketis. Enamus skaalasid on küll ainult 3-5 värviga. Sealt saab siiski ekstrapoleerida rohkematele värvidele (?wes_palette; ?wes_palettes).

```
#install.packages("wesanderson")
#library(wesanderson)

#bp for discrete color scales
bp<-ggplot(ToothGrowth, aes(x=dose, y=len, fill=dose)) +
  geom_boxplot()
bp
```

```
#wes_palette(name, n, type = c("discrete", "continuous"))
#n - the nr of colors desired, type - do you want a continious scalle?
bp+scale_fill_manual(values=wes_palette(n=3, name="GrandBudapest"))

wes_palette("Royal1")
wes_palette("GrandBudapest")
wes_palette("Cavalcanti")
wes_palette("BottleRocket")
wes_palette("Darjeeling")

wes_palettes #gives the complete list of palettes
```

Argument **breaks** kontrollib legendi. Sama kehtib ka teiste scale_xx() funktsioonide kohta.

```
bp <- ToothGrowth %>%
  ggplot(aes(x = dose, y = len, fill = dose)) +
  geom_boxplot()
bp
# Box plot
bp + scale_fill_manual(breaks = c("2", "1", "0.5"),
                       values = c("red", "blue", "green"))

# color palettes
bp + scale_fill_brewer(palette = "Dark2")
#sp + scale_color_brewer(palette="Dark2")

# use graysacle
#Change the gray value at the low and the high ends of the palette :
bp + scale_fill_grey(start = 0.8, end = 0.2) + theme_classic()
```

The ColorBrewer scales are documented online at http://colorbrewer2.org/ and made available in R via the RColorBrewer package. When you have a predefined mapping between values and colours, use scale_colour_manual().

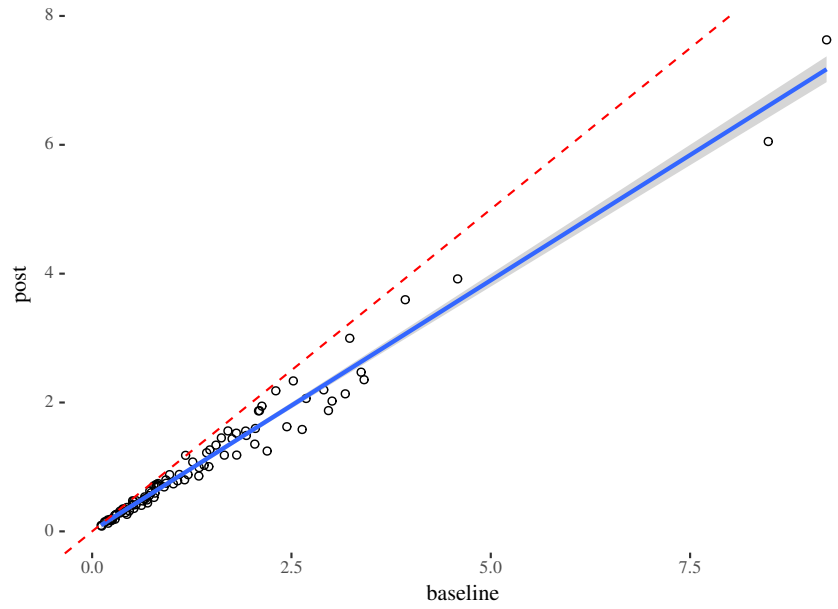
```
scale_colour_manual(values = c(factor_level_1 = "red", factor_level_2 = "blue")
```

`scale_colour_viridis()` provided by the viridis package is a continuous analog of the categorical ColorBrewer scales.

0.7.8 A complex ggplot

Let's pretend that we are measuring the same quantity by immunoassay at baseline and after 1 year of storage at -80 degrees. We'll add some heteroscedastic error and create some apparent degradation of about 20%:

```
set.seed(10)
baseline <- rlnorm(100, 0, 1)
post <- 0.8 * baseline + rnorm(100, 0, 0.10 * baseline)
my_data <- tibble(baseline, post)
my_data %>%
  ggplot(aes(baseline, post)) +
  geom_point(shape = 1) + # Use hollow circles
  geom_smooth(method = "lm") + # Add linear regression line
  geom_abline(slope = 1, intercept = 0, linetype = 2, colour = "red")
```



Now we will prepare the difference data:

```
diff <- (post - baseline)
diffp <- (post - baseline) / baseline * 100
sd.diff <- sd(diff)
sd.diffp <- sd(diffp)
my.data <- data.frame(baseline, post, diff, diffp)
```

In standard Bland Altman plots, one plots the difference between methods against the average of the methods, but in this case, the x-axis should be the baseline result, because that is the closest thing we have to the truth.

```
library(ggExtra)
diffplot <- ggplot(my.data, aes(baseline, diff)) +
  geom_point(size=2, colour = rgb(0,0,0, alpha = 0.5)) +
  theme_bw() +
```

```
  #when the +/- 2SD lines will fall outside the default plot limits
  #they need to be pre-stated explicitly to make the histogram line up properly.
  ylim(mean(my.data$diff) - 3*sd.diff, mean(my.data$diff) + 3*sd.diff) +
  geom_hline(yintercept = 0, linetype = 3) +
  geom_hline(yintercept = mean(my.data$diff)) +
  geom_hline(yintercept = mean(my.data$diff) + 2*sd.diff, linetype = 2) +
  geom_hline(yintercept = mean(my.data$diff) - 2*sd.diff, linetype = 2) +
  ylab("Difference pre and post Storage (mg/L)") +
  xlab("Baseline Concentration (mg/L)")

#And now for the magic - we'll use 25 bins
ggMarginal(diffplot, type="histogram", bins = 25)
```

We can also obviously do the percent difference.

```
diffplotp <- ggplot(my.data, aes(baseline, diffp)) +
  geom_point(size=2, colour = rgb(0,0,0, alpha = 0.5)) +
  theme_bw() +
  geom_hline(yintercept = 0, linetype = 3) +
  geom_hline(yintercept = mean(my.data$diffp)) +
  geom_hline(yintercept = mean(my.data$diffp) + 2*sd.diffp, linetype = 2) +
  geom_hline(yintercept = mean(my.data$diffp) - 2*sd.diffp, linetype = 2) +
  ylab("Difference pre and post Storage (%)") +
  xlab("Baseline Concentration (mg/L)")


ggMarginal(diffplotp, type="histogram", bins = 25)
```

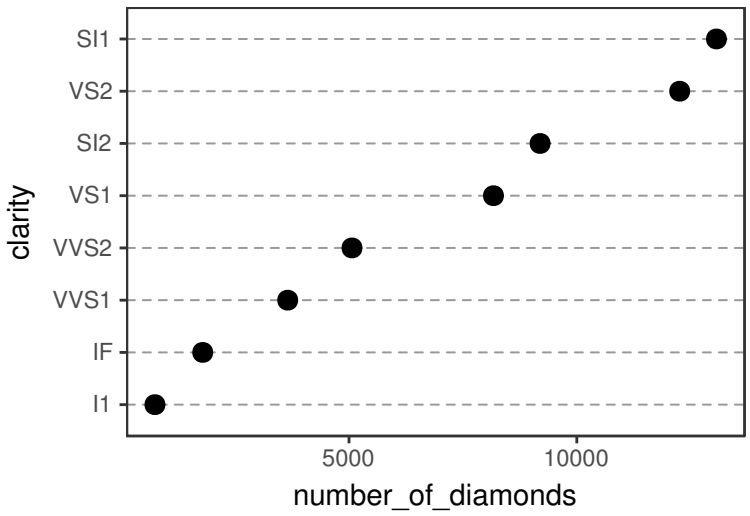
0.7.9 Erinevad ggplot geom_-id

0.7.9.1 Kui iga muutja kohta on üks andmepunkt

Siis kasuta cleveland graafikut. See on parem kui barplot.

```
dd <- diamonds %>% group_by(clarity) %>% summarise(number_of_diamonds=n())
dd %>% ggplot(aes(x=number_of_diamonds,
                  y=reorder(clarity, number_of_diamonds))) +
  geom_point(size=3) +
  theme_bw() +
  theme(panel.grid.major.x = element_blank(),
        panel.grid.minor.x = element_blank(),
```

```
      panel.grid.major.y = element_line(colour="grey60", linetype="dashed")) +
  labs(y="clarity")
```

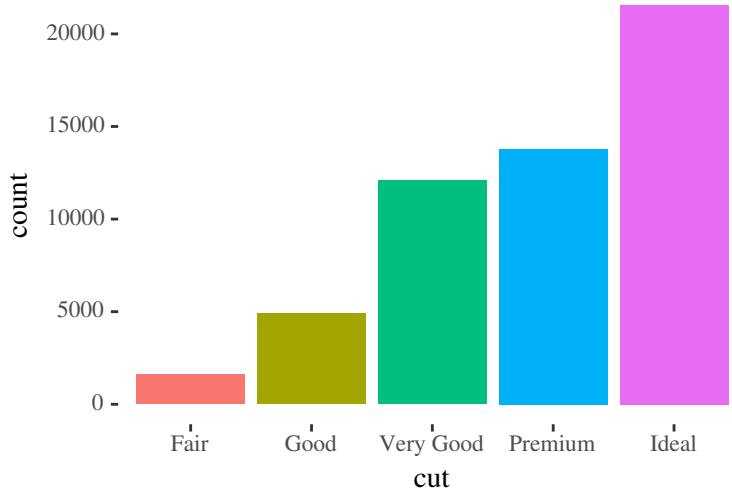


0.7.9.2 Tulpdiagrammid mõõdavad counte ja proportsioone

```
str(diamonds)
#> Classes 'tbl_df', 'tbl' and 'data.frame':    53940 obs. of  10 variables:
#>  $ carat  : num  0.23 0.21 0.23 0.29 0.31 0.24 0.24 0.26 0.22 0.23 ...
#>  $ cut    : Ord.factor w/ 5 levels "Fair"<"Good"<..: 5 4 2 4 2 3 3 3 1 3 ...
#>  $ color  : Ord.factor w/ 7 levels "D"<"E"<"F"<"G"<..: 2 2 2 6 7 7 6 5 2 5 ...
#>  $ clarity: Ord.factor w/ 8 levels "I1"<"SI2"<"SI1"<..: 2 3 5 4 2 6 7 3 4 5 ...
#>  $ depth  : num  61.5 59.8 56.9 62.4 63.3 62.8 62.3 61.9 65.1 59.4 ...
#>  $ table  : num  55 61 65 58 58 57 57 55 61 61 ...
#>  $ price  : int  326 326 327 334 335 336 336 337 337 338 ...
#>  $ x      : num  3.95 3.89 4.05 4.2 4.34 3.94 3.95 4.07 3.87 4 ...
#>  $ y      : num  3.98 3.84 4.07 4.23 4.35 3.96 3.98 4.11 3.78 4.05 ...
#>  $ z      : num  2.43 2.31 2.31 2.63 2.75 2.48 2.47 2.53 2.49 2.39 ...
```

loeb üles, mitu korda esineb iga cut

```
ggplot(diamonds) +
  geom_bar(aes(x = cut, fill = cut)) +
  theme(legend.position="none")
```



Pane tähele, et y-teljel on arv, mitu korda esineb tabelis iga cut. See arv ei ole tabelis muutuja. geom_bar, geom_hist, geom_dens arvutavad plotile uued y väärtused — nad jagavad andmed binidesse ja loevad üles, mitu andmepunkti sattus igasse bini.

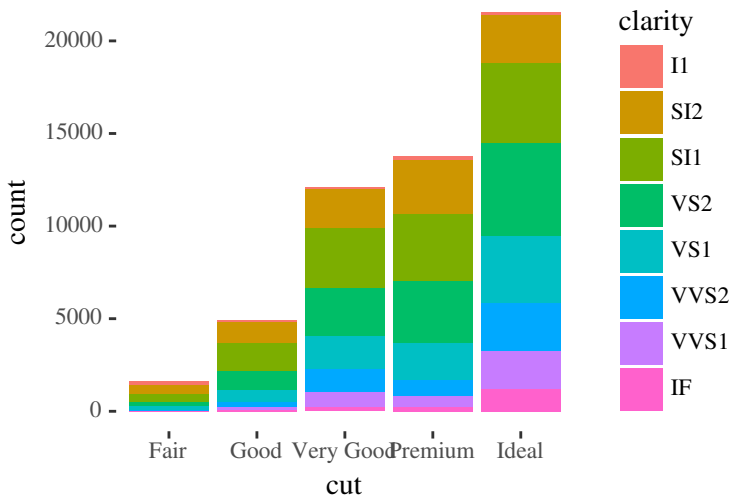
Kui tahad tulpdiagrammi proportsioonidest, mitu korda eineb tabelis igat cut-i, siis tee nii:

```
ggplot(diamonds) +
  geom_bar(aes(x = cut, y = ..prop.., group = 1))
```

Pane tähele et tulpade omavahelised suhted jäid samaks. Muutus ainult y-telje tähistus.

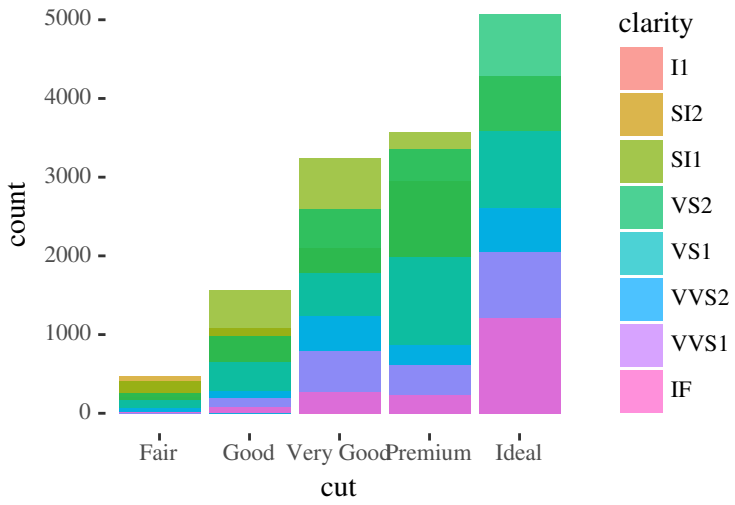
Edasi lisame eelnevale veel ühe muutuja: clarity. Nii saame üles lugeda kõigi cut-i ja clarity kombinatsioonide esinemise arvu või sageduse. Erinvate clarity tasemete esinemiste arv samal cut-i tasemel on siin üksteise otsa kuhjatud, mis tähendab, et tulpade kõrgus ei muutu võrreldes eelnevaga.

```
ggplot(diamonds) +
  geom_bar(aes(x = cut, fill = clarity))
```



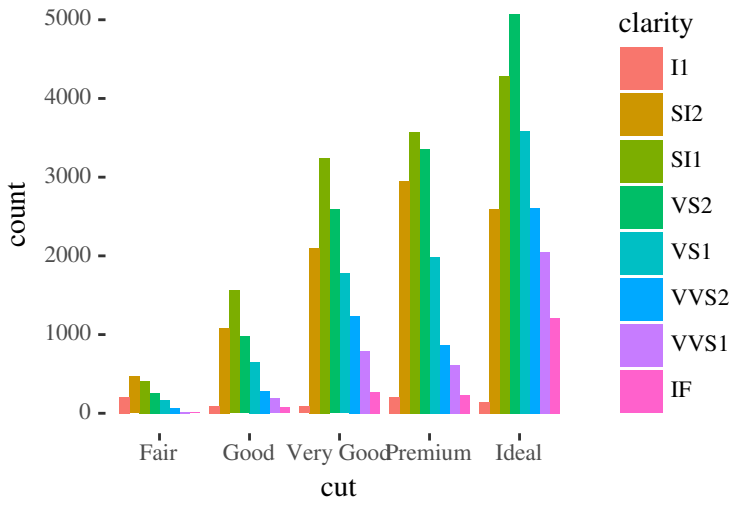
Kui me tahame, et cut-i ja clarity kombinatsioonid oleks kastidena ükteise sees, pigem kui üksteise otsa kuhjatud, siis kasutame position = "identity" argumenti.

```
ggplot(diamonds, aes(x = cut, fill = clarity)) +
  geom_bar(alpha = 0.7, position = "identity")
```



ka see graafik pole väga lihtne lugeda. Parem viime clarity klassid üksteise kõrvale

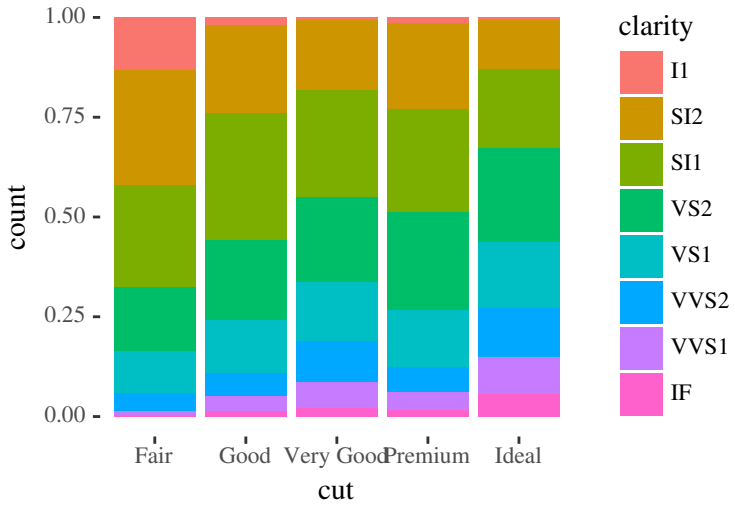
```
ggplot(data = diamonds, aes(x = cut, fill = clarity)) +
  geom_bar(position = "dodge")
```



Eelnev on hea viis kuidas võrrelda clarity tasemete esinemis-sagedusi ühe cut-i taseme piires.

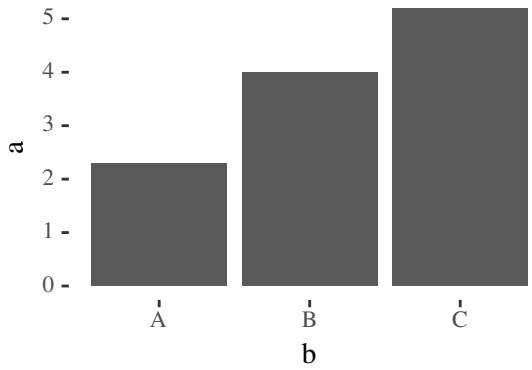
Ja lõpuks, position="fill" normaliseerib tulbad, mis muudab selle, mis toimub iga cut-i sees, hästi võrreldavaks. See on hea viis, kuidas võrrelda clarity tasemete proportsioone erinevate cut-i tasemete vahel.

```
ggplot(data = diamonds, aes(x = cut, fill = clarity)) +
  geom_bar(position = "fill")
```



Ja lõpuks, kui te tahate teha midagi, mis on enamasti keskmiselt rumal valik, ehk plottida tulpdiagrammi viisil, et tulba kõrgus vastaks tabeli ühes lahtris olevale numbrile, mitte faktortunnuse esinemiste arvule tabelis, siis kasutage: `geom_bar(stat = "identity")`

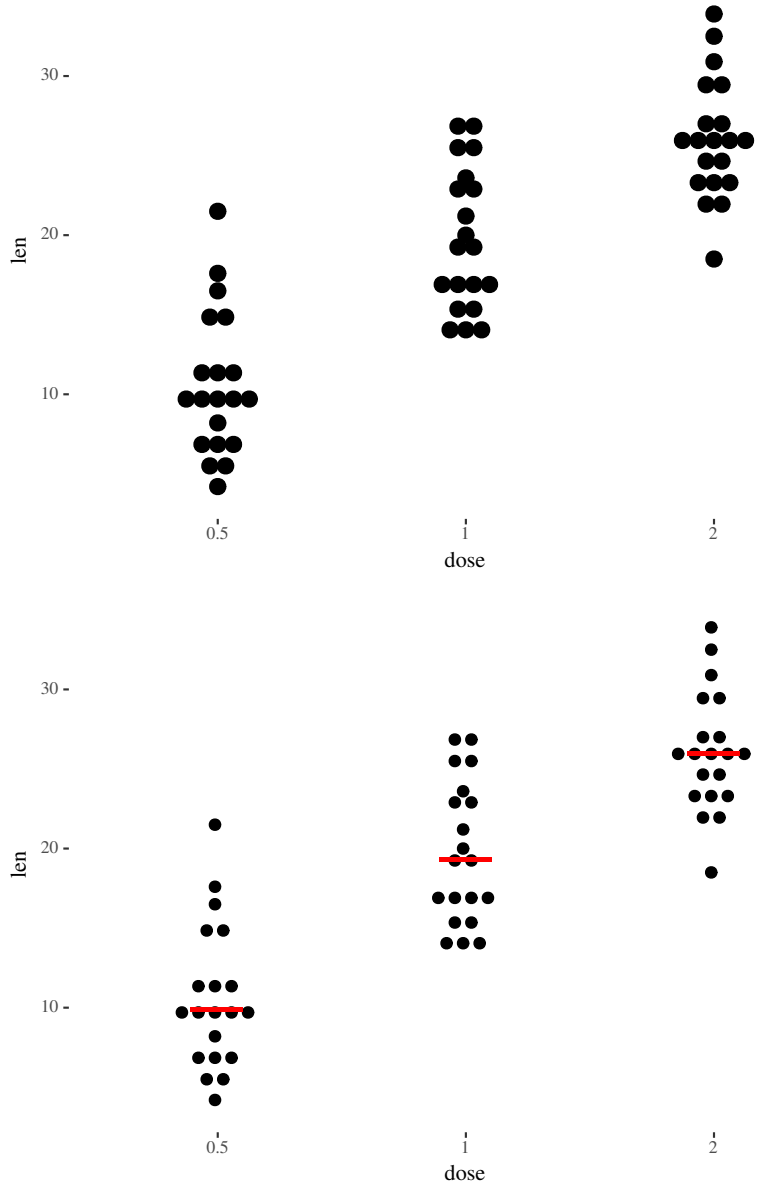
```
df <- tibble(a=c(2.3, 4, 5.2), b=c("A", "B", "C"))
ggplot(df, aes(b, a)) + geom_bar(stat = "identity")
```

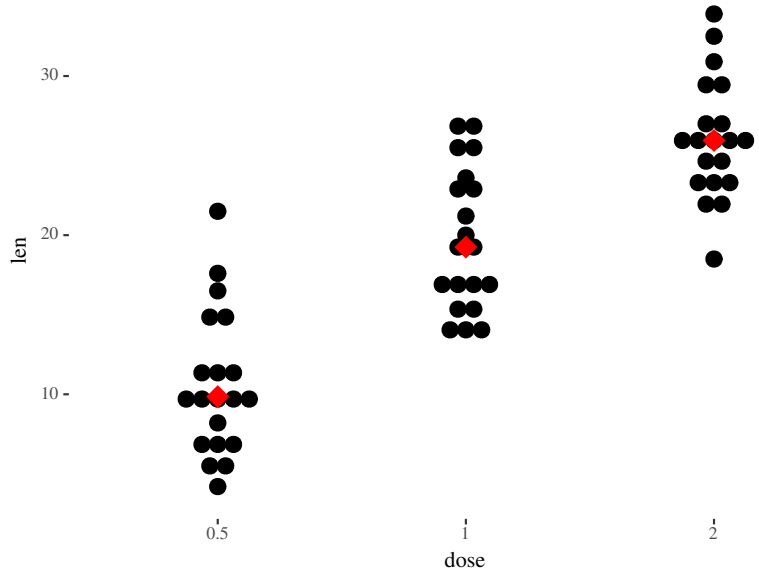


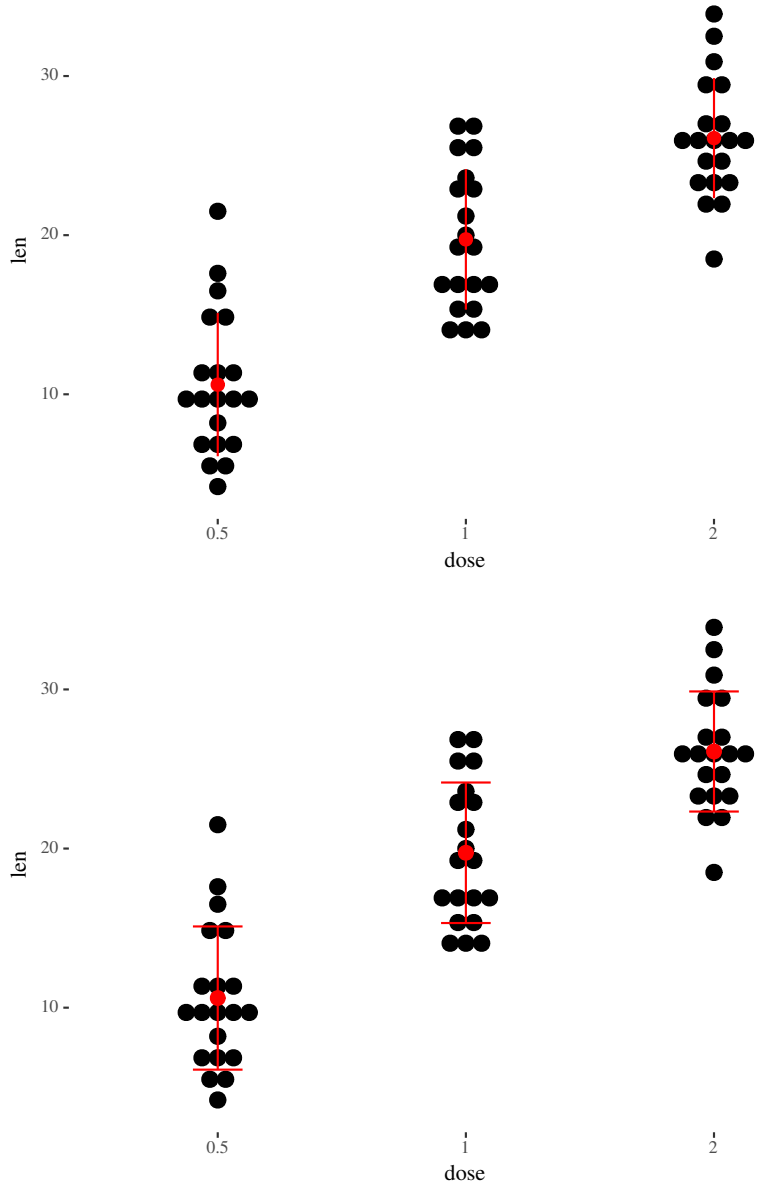
0.7.9.3 Andmepunktid on ükshaaval välja plotitud

Kõigepealt dotplot, mis ei pane andmepunkti y skaalal täpselt õigesse kohta vaid tekitab histogrammilaadsed andmebinnid, kus siiski iga punkt on eraldi näidatud. See lihtsustab veidi "kirjude" komplekssete andemsettide esitust.

```
ToothGrowth <- ToothGrowth
ToothGrowth$dose <- as.factor(ToothGrowth$dose)
p<-ggplot(ToothGrowth, aes(x=dose, y=len)) +
  geom_dotplot(binaxis='y', stackdir='center')
p
# Change dotsize and stack ratio, add line or dot for median
ggplot(ToothGrowth, aes(x=dose, y=len)) +
  geom_dotplot(binaxis='y', stackdir='center',
               stackratio=1.5, dotsize=0.7)+
  stat_summary(fun.y = median, geom = "point", shape = 95,
               color = "red", size = 15) +
  theme_tufte()

p + stat_summary(fun.y=median, geom="point", shape=18,
                 size=5, color="red")

#add mean and SD, use pointrange
p + stat_summary(fun.data=mean_sdl, fun.args = list(mult=1),
                 geom="pointrange", color="red")
#use errorbars
p + stat_summary(fun.data=mean_sdl, fun.args = list(mult=1),
        geom="errorbar", color="red", width=0.2) +
  stat_summary(fun.y=mean, geom="point", size=3, color="red")
```

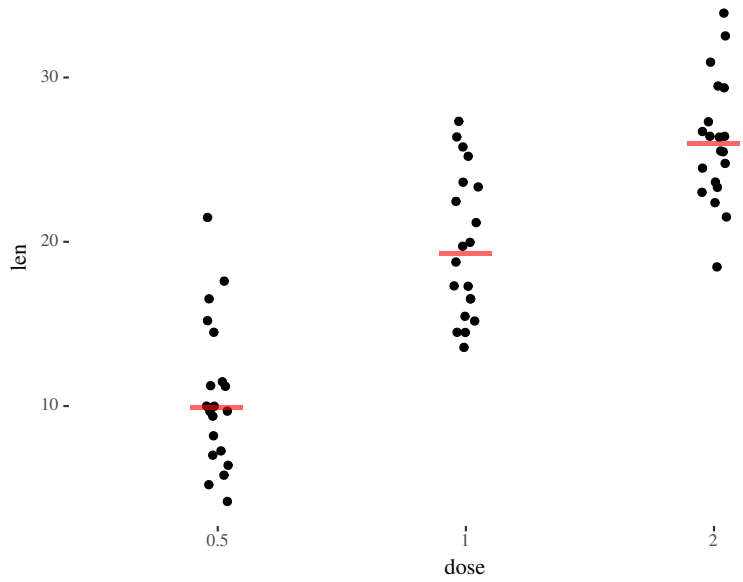

30
20
10
len
0.5
1
2
dose
30
20
10
len
0.5
1
2
dose


30
20
10
len
0.5
1
2
dose

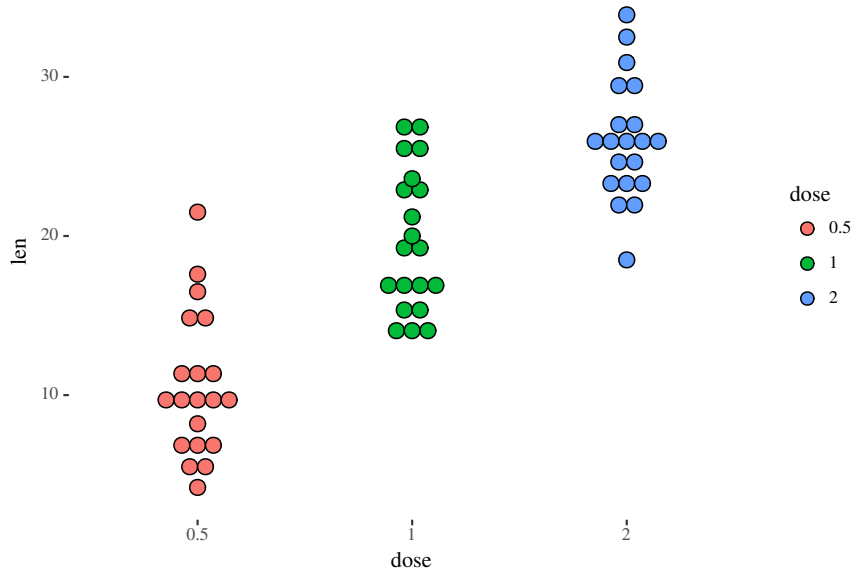


Sama jitterplotina — nüüd on iga punkt y suhtes õiges kohas, aga joonis ei näe enam liiga puhas välja.

```
ggplot(ToothGrowth, aes(x=dose, y=len)) +
  geom_jitter(width = 0.05)+
  stat_summary(fun.y = median, geom = "point", shape = 95,
               color = "red", size = 15, alpha=0.6) +
  theme_tufte()
```




```
# Change dot plot colors by groups
p<-ggplot(ToothGrowth, aes(x=dose, y=len, fill=dose)) +
  geom_dotplot(binaxis='y', stackdir='center')
p
```



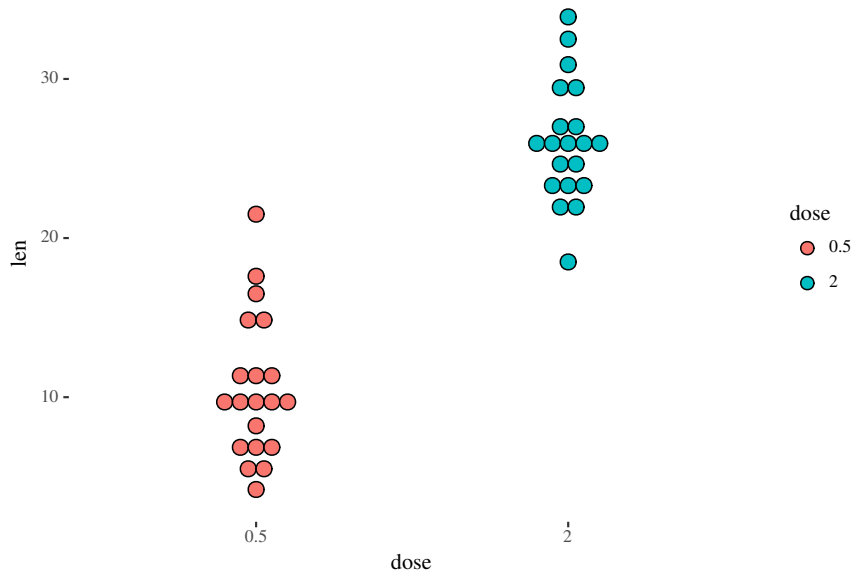
It is also possible to change manually dot plot colors using the functions :

scale_fill_manual() : to use custom colors

scale_fill_brewer() : to use color palettes from RColorBrewer package

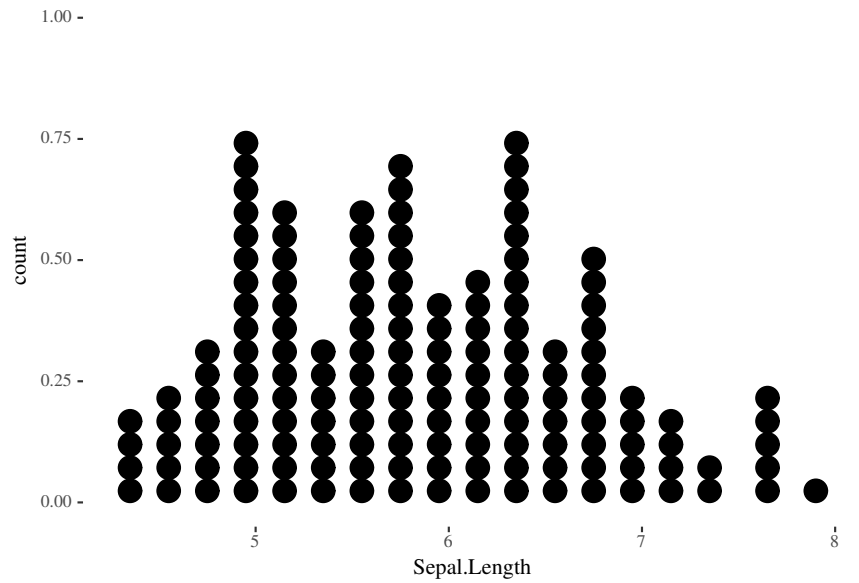
scale_fill_grey() : to use grey color palettes

```
#Choose which items to display :
p + scale_x_discrete(limits=c("0.5", "2"))
#> Warning: Removed 20 rows containing non-finite values
#> (stat_bindot).
```



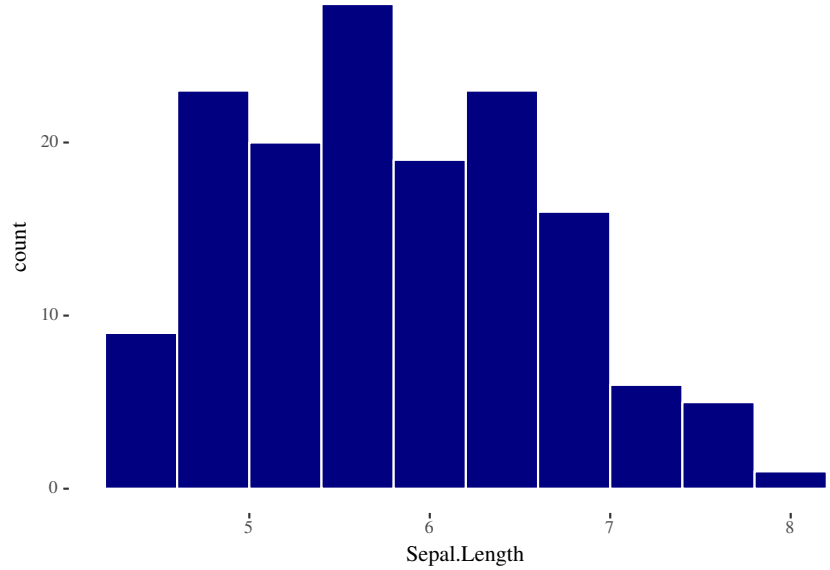
Dotplot kui histogram:

```
ggplot(iris, aes(Sepal.Length)) + geom_dotplot()
```

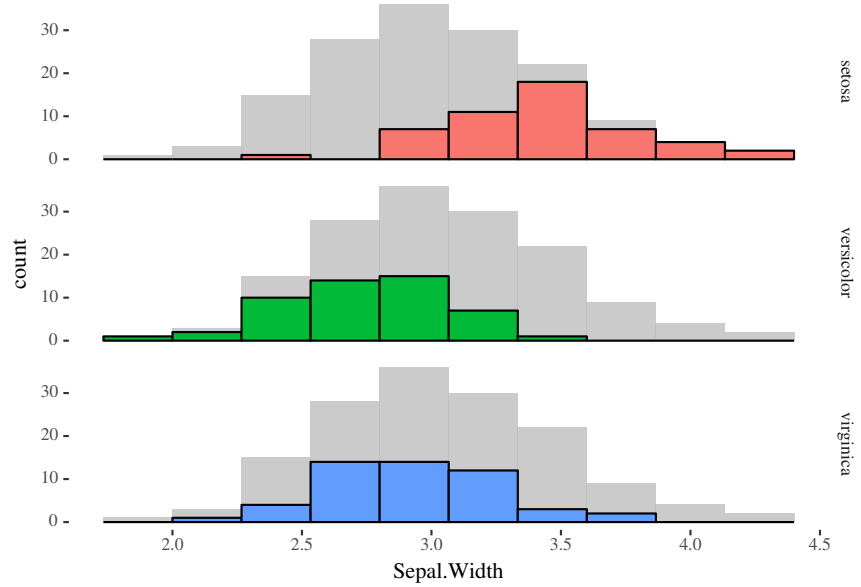


Histogram:

```r
ggplot(iris, aes(Sepal.Length)) +
  geom_histogram(bins = 10, color="white", fill = "navyblue")
```

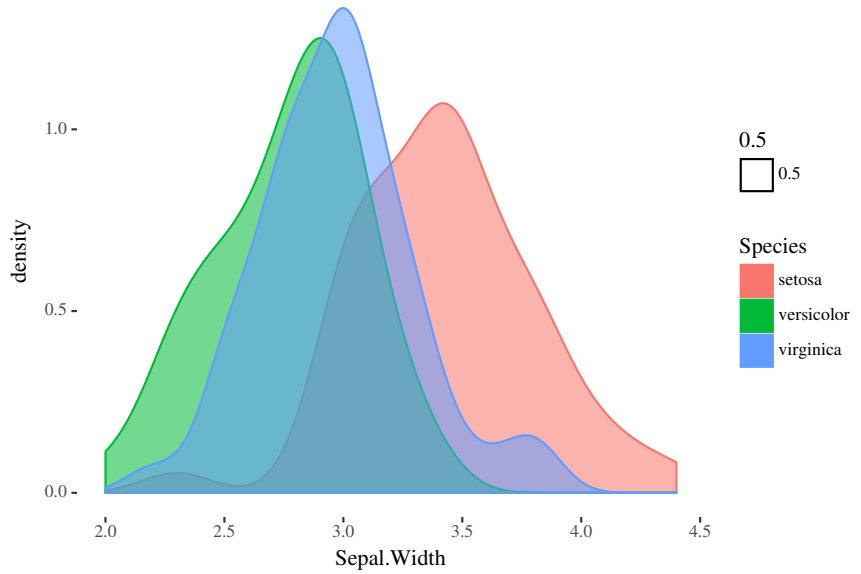



```r
library(ggthemes)
d <- iris        # Full data set
d_bg <- d[, -5]  # Background Data - full without the 5th column (Species)

ggplot(data = d, aes(x = Sepal.Width, fill = Species)) +
  geom_histogram(data = d_bg, fill = "grey", alpha=0.8, bins=10) +
  geom_histogram(colour = "black", bins=10) +
  facet_grid(Species~.) +
  guides(fill = FALSE) +  # to remove the legend
  theme_tufte()          # for clean look overall
```



density plot:

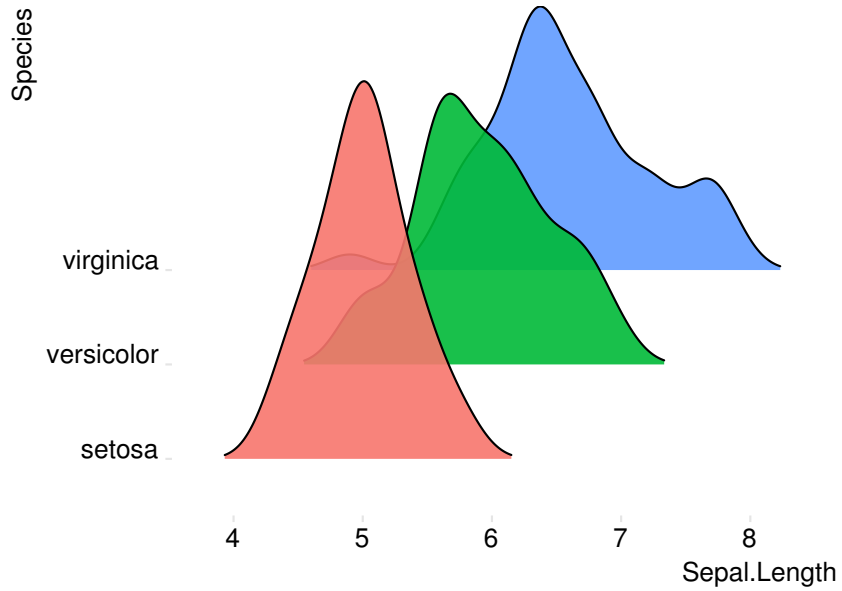
```
iris%>%ggplot()+
  geom_density(aes(Sepal.Width, fill=Species, color=Species, alpha=0.5))+
  theme_tufte()
```



joyplot võimaldab kõrvuti panna isegi sadu density plotte

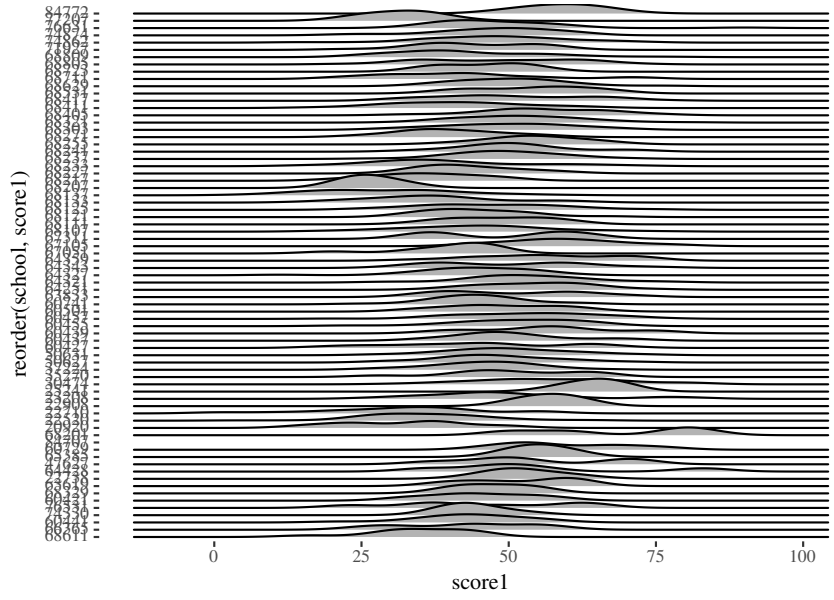
```
library(ggjoy)
ggplot(iris, aes(x=Sepal.Length, y=Species, fill=Species)) +
  geom_joy(scale=4, rel_min_height=0.01, alpha=0.9) +
```

```
  theme_joy(font_size = 13, grid=TRUE) +
  theme(legend.position = "none")
```



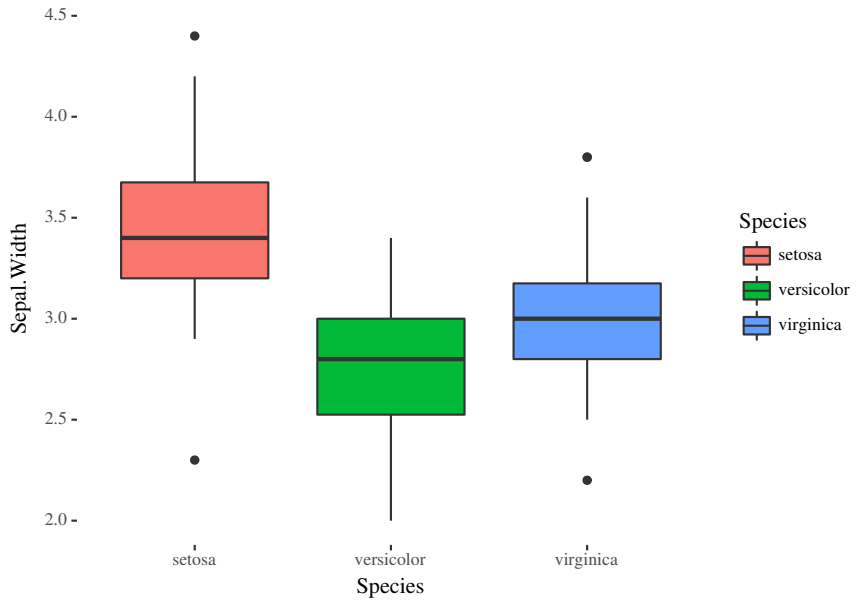
Joyplot, kui meil on väga palju kõrvuti tihedusjaotusi võrrelda

```
sch <- read.csv("data/schools.csv")
sch$school <- as.factor(sch$school)
ggplot(sch, aes(score1, y=reorder(school, score1))) +
  geom_joy() + theme_tufte()
```



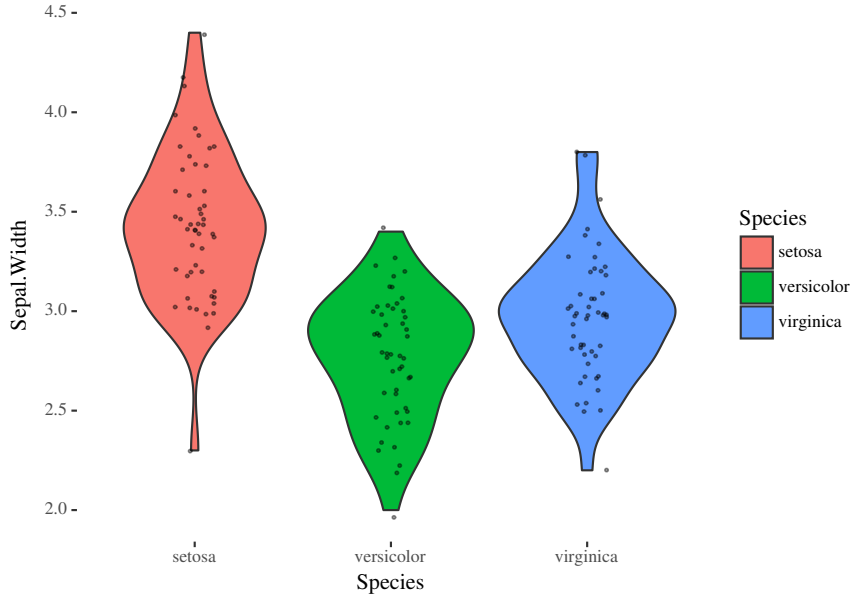
Boxplot:

```
ggplot(iris, aes(Species, Sepal.Width, fill = Species)) +
  geom_boxplot()
```



violin plot plus jitterplot:

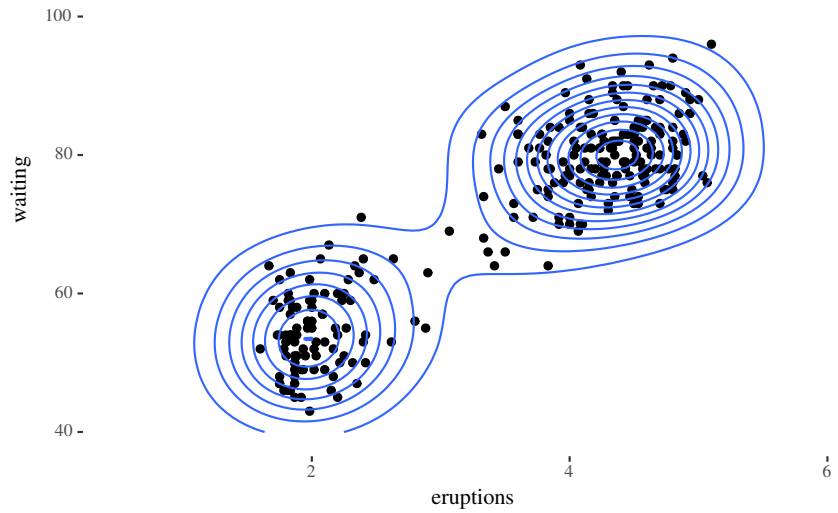
```
ggplot(iris, aes(Species, Sepal.Width)) +
  geom_violin(aes(fill = Species)) +
  geom_jitter(width = 0.1, alpha = 0.4, size = 0.5)
```



0.7.9.4 Kahe muutuja koos-varieeruvus

X-teljel on geisri Old Faithful pursete tugevus ja y-teljel pursete vaheline aeg. Kui kahe purske vahel kulub rohkem aega, siis on oodata tugevamat purset. Tundub, et see süsteem töötab kahes diskreetses reziimis.

```
m <- ggplot(faithful, aes(x = eruptions, y = waiting)) +
  geom_point() +
  xlim(0.5, 6) +
  ylim(40, 110)
#m + stat_density_2d(aes(fill = ..level..), geom = "polygon")
m + geom_density_2d()
```



Kui punkte on liiga palju, et välja trükkida, kasuta geom = “polygon” varianti.

0.8 Tidyverse

Tidyverse on osa R-i ökosüsteemist, kus kehtivad omad reeglid. Tidyverse raamatukogud lähtuvad ühtsest filosoofiast ja töötavad hästi koos. Tidyverse algab andmetabeli struktuurist ja selle funktsioonid võtavad reeglina sisse õige struktuuriga tibble ja väljastavad samuti tibble, mis sobib hästi järgmise tidyverse funktsiooni sisendiks. Seega on tidyverse hästi sobiv läbi torude `%>%` laskmiseks. Tidyversega sobib hästi kokku ka ggplot2 graafikasüsteem.

Laadime tidyverse metapaketi raamatukogud:

```
library(tidyverse)
```

Nagu näha laaditakse tidyverse raamatukoguga 8 paketti:

× ggplot2 × purrr
× tibble × dplyr
× tidyr × stringr
× readr × forcats

- tibble pakett sisaldab tidyverse-spetsiifilise andmeraami (data_frame) loomiseks ja manipuleerimiseks vajalike funktsioone. Erinevalt baas R-i andmeraamist (data.frame) iseloomustab tibble-t vaikimisi prindifunktsioon, kus vaikimisi näidataksegi ainult tabeli peast 10 esimest rida. Oluliseks erinevuseks on ka **list tulpade toetus** (data.frame tulbad saavad olla ainult vektorid). List tulbad võimaldavad andmeraami paigutada kõige erinevamaid objekte: näiteks vektoreid, andmeraame, lineaarseid mudeleid ja valgeid puudleid. Lisaks ei ole tibble tabelitel veerunimesid ja veidraid tulbanimesid ei muudeta vaikimisi/automaatselt.
- tidyr pakett sisaldab eelkõige funktsioone tibble-de kuju muutmiseks laiast formaadist pikka ja tagasi.
- readr paketi funktsioonid vastutavad andmete impordi eest tekstipõhistest failidest lähtuvalt tidyverse reeglitest ja asendavad vastavad baas R-i funktsioonid.
- purrr pakett sisaldab funktsioone töötamaks listidega ja asendavad baas R-i apply perekonna funktsioone.
- dplyr pakett sisaldab põhilisi andmetöötlusverbe.
- stringr ja forcats paketid sisaldavad vastavalt tekstipõhiste ja kategooriliste andmetega töötamise funktsioone.

0.8.1 Tidy tabeli struktuur

- **väärtus** (*value*) — ühe mõõtmise tulemus (183 cm)
- **muutuja** (*variable*) — see, mida sa mõõdad (pikkus) või faktor (sex)
- **andmepunkt** (*observation*) — väärtused, mis mõõdeti samal katsetingimusel (1. subjekti pikkus ja kaal 3h ajapunktis)
- **vaatlusühik** (*unit of measurement*) — keda mõõdeti (subjekt nr 1)
- **vaatlusühiku tüüp** — inimene, hiir, jt

---

vaatlusühiku tüüp = tabel

---

muutuja = veerg

andmepunkt = rida

vaatlusühikute koodid on kõik koos ühes veerus

Veergude järjekord tabelis on 1. vaatlusühik, 2. faktor, mis annab katse-kontrolli erisuse, 3. kõik see, mida otse ei mõõdetud (sex, batch nr, etc.), 4. numbritega veerud (iga muutuja kohta üks veerg)

```
#> # A tibble: 2 x 6
#>   subject drug    sex    time length weigth
#>   <chr>   <chr>   <chr> <dbl>  <dbl>  <dbl>
#> 1 1       exp     F      3.00    168   88.0
#> 2 2       placebo M      3.00    176   91.0
```

Nii näeb välja tidy tibble. Kõik analüüsil vajalikud parameetrid tuleks siia tabelisse veeru kaupa sisse tuua. Näiteks, kui mõõtmised on sooritatud erinevates keskustes erinevate inimeste poolt kasutades sama ravimi erinevaid preparaate, oleks hea siia veel 3 veergu lisada (center, experimenter, batch).

0.8.1.1 Tabeli dimensioonide muutmine (pikk ja lai formaat)

Väga oluline osa tidyverses töötamisest on tabelite pika ja laia formaadi vahel viimine.

See on laias formaadis tabel df, mis ei ole tidy

```
#> # A tibble: 3 x 5
#>   subject sex   control experiment_1 experiment_2
#>   <chr>   <chr>   <dbl>        <dbl>        <dbl>
#> 1 Tim     M        23.0         34.0         40.0
#> 2 Ann     F        31.0         38.0         42.0
#> 3 Jill    F        30.0         36.0         44.0
```

Kõigepealt pikka formaati. key ja value argumendid on ainult uute veergude nimetamiseks, oluline on 3:ncol(dat) argument, mis ütleb, et "kogu kokku veerud alates 3. veerust". Alternatiivne viis seda öelda: c(-subject, -sex).

```
dat_lng <- gather(dat, key = experiment, value = value, 3:ncol(dat))
# df_l3<-df %>% gather(experiment, value, 3:ncol(df)) works as well.
#df_l4<-df %>% gather(experiment, value, c(-subject, -sex)) works as well
```

```
dat_lng
#> # A tibble: 9 x 4
#>   subject sex   experiment   value
#>   <chr>   <chr> <chr>        <dbl>
#> 1 Tim     M     control       23.0
#> 2 Ann     F     control       31.0
#> 3 Jill    F     control       30.0
#> 4 Tim     M     experiment_1  34.0
#> 5 Ann     F     experiment_1  38.0
#> 6 Jill    F     experiment_1  36.0
#> # ... with 3 more rows
```

Paneme selle tagasi algsesse laia formaati: ?spread

```
spread(dat_lng, key = experiment, value = value)
#> # A tibble: 3 x 5
#>   subject sex   control experiment_1 experiment_2
#> * <chr>   <chr>   <dbl>        <dbl>        <dbl>
#> 1 Ann     F        31.0         38.0         42.0
#> 2 Jill    F        30.0         36.0         44.0
#> 3 Tim     M        23.0         34.0         40.0
```

key viitab pika tabeli veerule, mille väärtustest tulevad laias tabelis uute veergude nimed. value viitab pika tabeli veerule, kust võetakse arvud, mis uues laias tabelis uute veergude vahel laiali jagatakse.

0.8.1.2 Tibble transpose — read veergudeks ja vastupidi

```
dat <- tibble(a = c("tim", "tom", "jill"), b1 = c(1, 2, 3), b2 = c(4, 5, 6))
dat
#> # A tibble: 3 x 3
#>   a        b1    b2
#>   <chr> <dbl> <dbl>
#> 1 tim    1.00  4.00
#> 2 tom    2.00  5.00
#> 3 jill   3.00  6.00
```

Me kasutame selleks maatriksarvutuse funktsiooni t() — transpose. See võtab sisse ainult numbrilisi veerge, seega anname talle ette df miinus 1. veerg, mille sisu me konverteerime uue tablei veerunimedeks.

```
dat1 <- t(dat[,-1])
colnames(dat1) <- dat$a
```

```
dat1
#>    tim tom jill
#> b1   1   2    3
#> b2   4   5    6
```

0.8.2 dplyr ja selle viis verbi

Need tuleb teil omale pähe ajada sest nende 5 verbiga (pluss gather ja spread) saab lihtsalt teha 90% andmeväänamisest, mida teil elus ette tuleb. NB! Check the data wrangling cheatsheet and dplyr help for further details. dplyr laetakse koos tidyverse-ga automaatselt teie workspace-i.

0.8.2.1 `select()` columns

`select()` selects, renames, and re-orders columns.

Select columns from sex to value:

```
iris
select(iris, Petal.Length:Species)
select(iris, -(Petal.Length:Species)) #selects everything, except those cols
```

To select 3 columns and rename *subject* to *SUBJ* and put liik as the 1st col:

```
select(iris, liik = Species, Sepal.Length, Sepal.Width) %>% dplyr::as_data_frame()
#> # A tibble: 150 x 3
#>    liik   Sepal.Length Sepal.Width
#>    <fctr>        <dbl>       <dbl>
#> 1 setosa         5.10        3.50
#> 2 setosa         4.90        3.00
#> 3 setosa         4.70        3.20
#> 4 setosa         4.60        3.10
#> 5 setosa         5.00        3.60
#> 6 setosa         5.40        3.90
#> # ... with 144 more rows
```

To select all cols, except sex and value, and rename the *subject* col:

```
select(iris, -Sepal.Length, -Sepal.Width, liik = Species)
```

helper functions you can use within select():

`starts_with("abc")`: matches names that begin with “abc.”

`ends_with("xyz")`: matches names that end with "xyz."

`contains("ijk")`: matches names that contain "ijk."

`matches("(.)\\1")`: selects variables that match a regular expression. This one matches any variables that contain repeated characters.

`num_range("x", 1:3)` matches x1, x2 and x3.

```
iris <- as_tibble(iris)
select(iris, starts_with("Petal"))
#> # A tibble: 150 x 2
#>   Petal.Length Petal.Width
#>          <dbl>       <dbl>
#> 1         1.40       0.200
#> 2         1.40       0.200
#> 3         1.30       0.200
#> 4         1.50       0.200
#> 5         1.40       0.200
#> 6         1.70       0.400
#> # ... with 144 more rows
select(iris, ends_with("Width"))
#> # A tibble: 150 x 2
#>   Sepal.Width Petal.Width
#>         <dbl>       <dbl>
#> 1        3.50       0.200
#> 2        3.00       0.200
#> 3        3.20       0.200
#> 4        3.10       0.200
#> 5        3.60       0.200
#> 6        3.90       0.400
#> # ... with 144 more rows

# Move Species variable to the front
select(iris, Species, everything())
#> # A tibble: 150 x 5
#>   Species Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal~
#>   <fctr>         <dbl>       <dbl>        <dbl>  <dbl>
#> 1 setosa          5.10        3.50         1.40  0.200
#> 2 setosa          4.90        3.00         1.40  0.200
#> 3 setosa          4.70        3.20         1.30  0.200
#> 4 setosa          4.60        3.10         1.50  0.200
#> 5 setosa          5.00        3.60         1.40  0.200
#> 6 setosa          5.40        3.90         1.70  0.400
#> # ... with 144 more rows
```

```
dat <- as.data.frame(matrix(runif(100), nrow = 10))
dat <- tbl_df(dat[c(3, 4, 7, 1, 9, 8, 5, 2, 6, 10)])
select(dat, V9:V6)
#> # A tibble: 10 x 5
#>       V9    V8    V5     V2     V6
#>    <dbl> <dbl> <dbl>  <dbl>  <dbl>
#> 1 0.284 0.814 0.224 0.426  0.389
#> 2 0.869 0.123 0.310 0.347  0.243
#> 3 0.315 0.880 0.138 0.0813 0.0574
#> 4 0.681 0.763 0.842 0.245  0.0223
#> 5 0.537 0.770 0.802 0.501  0.816
#> 6 0.585 0.448 0.852 0.180  0.443
#> # ... with 4 more rows
select(dat, num_range("V", 9:6))
#> # A tibble: 10 x 4
#>       V9    V8    V7     V6
#>    <dbl> <dbl> <dbl>  <dbl>
#> 1 0.284 0.814 0.432 0.389
#> 2 0.869 0.123 0.351 0.243
#> 3 0.315 0.880 0.558 0.0574
#> 4 0.681 0.763 0.181 0.0223
#> 5 0.537 0.770 0.818 0.816
#> 6 0.585 0.448 0.787 0.443
#> # ... with 4 more rows

# Drop variables with -
select(iris, -starts_with("Petal"))
#> # A tibble: 150 x 3
#>    Sepal.Length Sepal.Width Species
#>           <dbl>       <dbl> <fctr>
#> 1          5.10        3.50 setosa
#> 2          4.90        3.00 setosa
#> 3          4.70        3.20 setosa
#> 4          4.60        3.10 setosa
#> 5          5.00        3.60 setosa
#> 6          5.40        3.90 setosa
#> # ... with 144 more rows

# Renaming ----------------------------------------
# select() keeps only the variables you specify
# rename() keeps all variables
rename(iris, petal_length = Petal.Length)
#> # A tibble: 150 x 5
```

```
#>   Sepal.Length Sepal.Width petal_length Petal.W~ Spec~
#>          <dbl>       <dbl>        <dbl>    <dbl> <fct>
#> 1         5.10        3.50         1.40    0.200 seto~
#> 2         4.90        3.00         1.40    0.200 seto~
#> 3         4.70        3.20         1.30    0.200 seto~
#> 4         4.60        3.10         1.50    0.200 seto~
#> 5         5.00        3.60         1.40    0.200 seto~
#> 6         5.40        3.90         1.70    0.400 seto~
#> # ... with 144 more rows
```

0.8.2.2 `filter()` rows

Keep rows in Iris that have Species level "setosa" **and** Sepal.Length value <4.5.

```
filter(iris, Species=="setosa" & Sepal.Length < 4.5)
#> # A tibble: 4 x 5
#>   Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.W~ Spec~
#>          <dbl>       <dbl>        <dbl>    <dbl> <fct>
#> 1         4.40        2.90         1.40    0.200 seto~
#> 2         4.30        3.00         1.10    0.100 seto~
#> 3         4.40        3.00         1.30    0.200 seto~
#> 4         4.40        3.20         1.30    0.200 seto~
```

Keep rows in Iris that have Species level "setosa" **or** Sepal.Length value <4.5.

```
filter(iris, Species=="setosa" | Sepal.Length < 4.5)
#> # A tibble: 50 x 5
#>   Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.W~ Spec~
#>          <dbl>       <dbl>        <dbl>    <dbl> <fct>
#> 1         5.10        3.50         1.40    0.200 seto~
#> 2         4.90        3.00         1.40    0.200 seto~
#> 3         4.70        3.20         1.30    0.200 seto~
#> 4         4.60        3.10         1.50    0.200 seto~
#> 5         5.00        3.60         1.40    0.200 seto~
#> 6         5.40        3.90         1.70    0.400 seto~
#> # ... with 44 more rows
```

Keep rows in Iris that have Species level "not setosa" **or** Sepal.Length value <4.5.

```
filter(iris, Species !="setosa" | Sepal.Length < 4.5)
#> # A tibble: 104 x 5
#>   Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.~ Speci~
```

```
#>          <dbl>       <dbl>        <dbl>   <dbl> <fctr>
#> 1         4.40        2.90         1.40   0.200 setosa
#> 2         4.30        3.00         1.10   0.100 setosa
#> 3         4.40        3.00         1.30   0.200 setosa
#> 4         4.40        3.20         1.30   0.200 setosa
#> 5         7.00        3.20         4.70   1.40  versi~
#> 6         6.40        3.20         4.50   1.50  versi~
#> # ... with 98 more rows
```

Kui tahame samast veerust filtreerida "või" ehk "|" abil mitu väärtust, on meil valida kahe samaväärse variandi vahel (tegelikult töötab 2. variant ka ühe väärtuse korral)

```
filter(iris, Species =="setosa" | Species =="versicolor")
filter(iris, Species %in% c("setosa", "versicolor") )
```

Nagu näha, 2. variant on oluliselt lühem.

Filtering with regular expression: we keep the rows where *subject* starts with the letter "T"

```
library(stringr)
filter(iris, str_detect(Species, "^v"))
#> # A tibble: 100 x 5
#>   Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.~ Speci~
#>          <dbl>       <dbl>        <dbl>   <dbl> <fctr>
#> 1         7.00        3.20         4.70    1.40 versi~
#> 2         6.40        3.20         4.50    1.50 versi~
#> 3         6.90        3.10         4.90    1.50 versi~
#> 4         5.50        2.30         4.00    1.30 versi~
#> 5         6.50        2.80         4.60    1.50 versi~
#> 6         5.70        2.80         4.50    1.30 versi~
#> # ... with 94 more rows
```

As you can see there are endless vistas here, open for a regular expression fanatic. I wish I was one!

remove NAs with `filter()`

```
filter(flights, !is.na(dep_delay), !is.na(arr_delay))
```

0.8.2.3 `summarise()`

Many rows summarised to a single value

```
summarise(iris,
          MEAN = mean(Sepal.Length),
          SD = sd(Sepal.Length),
          N = n(),
          n_species = n_distinct(Species))
#> # A tibble: 1 x 4
#>    MEAN    SD     N n_species
#>   <dbl> <dbl> <int>     <int>
#> 1  5.84 0.828   150         3
```

`n()` loeb üles, mitu väärtust läks selle summary statistic-u arvutusse,

`n_distinct()` loeb üles, mitu unikaalset väärtust läks samasse arvutusse.

summarise on kasulikum, kui teda kasutada koos järgmise verbi, group_by-ga.

0.8.2.4 group_by()

`group_by()` groups values for summarising or mutating-

When we summarise by *sex* we will get two values for each summary statistic: for males and females. Aint that sexy?!

```
iris_grouped <- group_by(iris, Species)
summarise(iris_grouped,
          MEAN = mean(Sepal.Length),
          SD = sd(Sepal.Length),
          N = n(),
          n_species = n_distinct(Species))
#> # A tibble: 3 x 5
#>   Species     MEAN    SD     N n_species
#>   <fctr>     <dbl> <dbl> <int>     <int>
#> 1 setosa      5.01 0.352    50         1
#> 2 versicolor  5.94 0.516    50         1
#> 3 virginica   6.59 0.636    50         1
```

`summarise()` argumendid on indentsed eelmise näitega aga tulemus ei ole. Siin me rakendame summarise verbi mitte kogu tabelile, vaid 3-le virtuaalsele tabelile, mis on saadud algsest tabelist.

`group_by()`-le saab anda järjest mitu grupeerivat muutujat. Siis ta grupeerib kõigepealt neist esimese järgi, seejärel lõõb saadud grupid omakorda lahku teise argumendi järgi ja nii edasi kuni teie poolt antud argumendid otsa saavad.

Now we group previously generated dat_lng data frame first by *sex* and then inside each group again by *experiment*. This is getting complicated ...

```
dat_lng
#> # A tibble: 9 x 4
#>   subject sex   experiment   value
#>   <chr>   <chr> <chr>        <dbl>
#> 1 Tim     M     control       23.0
#> 2 Ann     F     control       31.0
#> 3 Jill    F     control       30.0
#> 4 Tim     M     experiment_1  34.0
#> 5 Ann     F     experiment_1  38.0
#> 6 Jill    F     experiment_1  36.0
#> # ... with 3 more rows
group_by(dat_lng, sex, experiment) %>%
  summarise(MEAN = mean(value),
            SD = sd(value),
            N = n(),
            n_sex = n_distinct(sex))
#> # A tibble: 6 x 6
#> # Groups:   sex [?]
#>   sex   experiment    MEAN     SD     N n_sex
#>   <chr> <chr>        <dbl>  <dbl> <int> <int>
#> 1 F     control       30.5  0.707     2     1
#> 2 F     experiment_1  37.0  1.41      2     1
#> 3 F     experiment_2  43.0  1.41      2     1
#> 4 M     control       23.0 NA         1     1
#> 5 M     experiment_1  34.0 NA         1     1
#> 6 M     experiment_2  40.0 NA         1     1
```

Now we group first by sex and then by variable. Spot the difference!

```
group_by(dat_lng, experiment, sex) %>%
  summarise(MEAN = mean(value),
            SD = sd(value),
            N = n(),
            n_sex = n_distinct(sex))
#> # A tibble: 6 x 6
#> # Groups:   experiment [?]
#>   experiment   sex    MEAN     SD     N n_sex
#>   <chr>        <chr> <dbl>  <dbl> <int> <int>
#> 1 control      F      30.5  0.707     2     1
#> 2 control      M      23.0 NA         1     1
#> 3 experiment_1 F      37.0  1.41      2     1
#> 4 experiment_1 M      34.0 NA         1     1
```

```
#> 5 experiment_2 F      43.0  1.41      2     1
#> 6 experiment_2 M      40.0 NA         1     1
```

pro tip if you want to summarise and then display the summary values as new column(s), which are added to the original non-shrunk df, use `mutate()` instead of `summarise()`.

```
mutate(iris_grouped,
       MEAN = mean(Sepal.Length),
       SD = sd(Sepal.Length))
#> # A tibble: 150 x 7
#> # Groups:   Species [3]
#>   Sepal.Length Sepal.~ Petal~ Petal~ Spec~  MEAN    SD
#>          <dbl>   <dbl>  <dbl>  <dbl> <fct> <dbl> <dbl>
#> 1         5.10    3.50   1.40  0.200 seto~  5.01 0.352
#> 2         4.90    3.00   1.40  0.200 seto~  5.01 0.352
#> 3         4.70    3.20   1.30  0.200 seto~  5.01 0.352
#> 4         4.60    3.10   1.50  0.200 seto~  5.01 0.352
#> 5         5.00    3.60   1.40  0.200 seto~  5.01 0.352
#> 6         5.40    3.90   1.70  0.400 seto~  5.01 0.352
#> # ... with 144 more rows
```

Anna igast grupist 3 kõrgeimat väärtust ja 2 madalaimat väärtust. Samad numbrid erinevates ridades antakse kõik - selle pärast on meil tabelis rohkem ridu.

```
top_n(iris_grouped, 3, Sepal.Length)
top_n(iris_grouped, -2, Sepal.Length)
```

0.8.2.5 `mutate()`

Mutate põhikasutus on siiski uute veergude tekitamine, mis võtavad endale inputi rea kaupa. Seega tabeli ridade arv ei muutu.

If in your tibble called 'df' you have a column called 'value', you can create a new log2 transformed value value column called log_value by `df %>% mutate(log_value = log2(value))`. Or you can create a new column where a constant is substracted from the value column: `df %>% mutate(centered_value = value - mean(value) )`. Here the mean value is substracted from each individual value.

Mutate adds new columns (and `transmute()` creates new columns while losing the previous columns)

Here we firstly create a new column, which contains log-transformed values from the *value* column, and name it *log_value*.

```
mutate(dat_lng, log_value = log(value))
#> # A tibble: 9 x 5
#>   subject sex   experiment   value log_value
#>   <chr>   <chr> <chr>        <dbl>     <dbl>
#> 1 Tim     M     control       23.0      3.14
#> 2 Ann     F     control       31.0      3.43
#> 3 Jill    F     control       30.0      3.40
#> 4 Tim     M     experiment_1  34.0      3.53
#> 5 Ann     F     experiment_1  38.0      3.64
#> 6 Jill    F     experiment_1  36.0      3.58
#> # ... with 3 more rows
```

The same with transmute: note the dropping of some of the original cols, keeping the original *subject* col and renaming the *sex* col.

```
transmute(dat_lng, subject, gender = sex, log_value = log(value))
#> # A tibble: 9 x 3
#>   subject gender log_value
#>   <chr>   <chr>      <dbl>
#> 1 Tim     M           3.14
#> 2 Ann     F           3.43
#> 3 Jill    F           3.40
#> 4 Tim     M           3.53
#> 5 Ann     F           3.64
#> 6 Jill    F           3.58
#> # ... with 3 more rows
```

```
flights_sml <- select(flights,
                      year:day,
                      ends_with("delay"),
                      distance,
                      air_time) %>%
  mutate(gain = arr_delay - dep_delay,
    hours = air_time / 60,
    gain_per_hour = gain / hours)
```

`mutate_all()`, `mutate_if()` *and* `mutate_at()` *and the three variants of* `transmute()` (`transmute_all()`, `transmute_if()`, `transmute_at()`) *make it easy to apply a transformation to a selection of variables. See help.*

Here we first group and then mutate. Note that now, instead of a single constant, we divide by as many different constant as there are discrete factor levels in the sex variable (two, in our case):

```
group_by(dat_lng, sex) %>%
  mutate(norm_value = value / mean(value),
         n2_val = value / sd(value))
#> # A tibble: 9 x 6
#> # Groups:   sex [2]
#>   subject sex   experiment   value norm_value n2_val
#>   <chr>   <chr> <chr>        <dbl>      <dbl>  <dbl>
#> 1 Tim     M     control       23.0      0.711   2.67
#> 2 Ann     F     control       31.0      0.842   5.47
#> 3 Jill    F     control       30.0      0.814   5.29
#> 4 Tim     M     experiment_1  34.0      1.05    3.94
#> 5 Ann     F     experiment_1  38.0      1.03    6.70
#> 6 Jill    F     experiment_1  36.0      0.977   6.35
#> # ... with 3 more rows
```

Compare with a “straight” mutate to see the difference in values.

```
mutate(dat_lng,
       norm_value = value / mean(value),
       n2_val = value / sd(value))
#> # A tibble: 9 x 6
#>   subject sex   experiment   value norm_value n2_val
#>   <chr>   <chr> <chr>        <dbl>      <dbl>  <dbl>
#> 1 Tim     M     control       23.0      0.651   3.48
#> 2 Ann     F     control       31.0      0.877   4.69
#> 3 Jill    F     control       30.0      0.849   4.54
#> 4 Tim     M     experiment_1  34.0      0.962   5.14
#> 5 Ann     F     experiment_1  38.0      1.08    5.75
#> 6 Jill    F     experiment_1  36.0      1.02    5.44
#> # ... with 3 more rows
```

0.8.2.5.1 Summarise(), mutate(), transmute() ja filter() töötavad ka mitme veeru kaupa.

Need variandid sisaldavad suffikseid _if, _at ja _all.

_if võimaldab valida veerge teise funktsiooni, nagu näiteks is.numeric() või is.character() alusel.

_at võimaldab valida veerge sama süntaksiga, mis select().

_all valib kõik veerud.

`summarise_all(df, mean)` teeb sama asja, mis colMeans().

`summarise_all(df, funs(min, max))` võtab iga veeru min ja max väärtuse.

`summarise_all(df, ~ sd(.) / mean(.))` arvutab iga veeru CV (pane tähele ~ kasutust)

`summarise_all(df, funs(cv = sd(.) / mean(.), mean))` arvutab iga veeru CV ja keskmise (~ puudub, kui meil on >1 funktsiooni)

`summarise_at(df, vars(-z), mean)` keskmine kõigist veergudest, v.a. z.

`summarise_at(df, vars(x, y), funs(min, max))` kahe veeru min ja max.

`summarise_if(is.numeric, mean, na.rm = TRUE)` ainult numbritega veerud

`mutate_all(df, log10)` võta log10 kõikidest veergudest

`mutate_all(df, ~ round(. * 25))` teeb kõik veerud täisarvulisteks ja korrutab 25-ga

`mutate_all(df, funs(half = . / 2, double = . * 2))` rakendab 2 funktsiooni

`transmute_all(df, funs(half = . / 2, double = . * 2))` jätab alles ainult uued veerud

`filter_all(weather, any_vars(is.na(.)))` näitab ridu, mis sisaldavad NA-sid

`filter_at(weather, vars(starts_with("wind")), all_vars(is.na(.)))` read, kus veerg, mis sisaldab wind, on NA.

0.8.3 Grouped filters

Keep all groups bigger than a threshold:

```
popular_dests <- flights %>%
  group_by(dest) %>%
  filter(n() > 365)
```

If you need to remove grouping, and return to operations on ungrouped data, use `ungroup()`.

```
ungroup(dat)
```

`str_replace_all()` helps to deal with unruly labelling inside columns containing strings

The idea is to find a pattern in a collection of strings and replace it with something else. String == character vector.

To find and replace we use `str_replace_all()`, whose base R analogue is `gsub()`.

```
library(stringr)
(bad.df <- tibble(time = c("t0", "t1", "t12"), value = c(2, 4, 9)))
#> # A tibble: 3 x 2
#>   time  value
#>   <chr> <dbl>
#> 1 t0     2.00
```

```
#> 2 t1     4.00
#> 3 t12    9.00
get_numeric <- function(x, ...) as.numeric(str_replace_all(x, ...))
(bad.df <- mutate_at(bad.df, "time", get_numeric, pattern = "t", replacement = ""))
#> # A tibble: 3 x 2
#>    time value
#>   <dbl> <dbl>
#> 1  0     2.00
#> 2  1.00  4.00
#> 3 12.0   9.00
```

now we have a numeric time column, which can be used in plotting.

or

```
library(readr)
(bad.df <- tibble(time = c("t0", "t1", "t12"), value = c(2, 4, 9)))
#> # A tibble: 3 x 2
#>   time  value
#>   <chr> <dbl>
#> 1 t0     2.00
#> 2 t1     4.00
#> 3 t12    9.00
mutate_at(bad.df, "time", parse_number)
#> # A tibble: 3 x 2
#>    time value
#>   <dbl> <dbl>
#> 1  0     2.00
#> 2  1.00  4.00
#> 3 12.0   9.00
```

Here we did the same thing more elegantly by directly parsing numbers from a character string.

0.8.4 `separate()` one column into several

Siin on veel üks verb, mida aeg-ajalt kõigil vaja läheb. `separate()` võtab ühe veeru sisu (mis peab olema character string) ning jagab selle laiali mitme uue veeru vahel. Kui teda kasutada vormis `separate(df, old_Column, into=c("new_col1", "new_col2", "ja_nii_edasi"))` siis püüab programm ise ära arvata, kustkohalt veeru sisu hakkida (tühikud, komad, semikoolonid, koolonid jne). Aga te võite eksplitsiitselt ette anda separaatori sep = “”. sep = 2 tähendab “peale 2. tähemärki”. sep = -6 tähendab “enne tagantpoolt 6. tähemärki”

```
(dat <- tibble(country = c("Albania"), disease.cases = c("80/1000")))
#> # A tibble: 1 x 2
#>   country disease.cases
#>   <chr>   <chr>
#> 1 Albania 80/1000
(df.sep <- dat %>% separate(disease.cases, into=c("cases", "thousand")))
#> # A tibble: 1 x 3
#>   country cases thousand
#> * <chr>   <chr> <chr>
#> 1 Albania 80    1000
(df.sep <- dat %>% separate(disease.cases, into=c("cases", "thousand"), sep = "/"))
#> # A tibble: 1 x 3
#>   country cases thousand
#> * <chr>   <chr> <chr>
#> 1 Albania 80    1000
(df.sep <- dat %>% separate(disease.cases, into=c("cases", "thousand"), sep = 2))
#> # A tibble: 1 x 3
#>   country cases thousand
#> * <chr>   <chr> <chr>
#> 1 Albania 80    /1000
(df.sep <- dat %>% separate(disease.cases, into=c("cases", "thousand"), sep = -6))
#> # A tibble: 1 x 3
#>   country cases thousand
#> * <chr>   <chr> <chr>
#> 1 Albania 80    /1000
```

```
(dat <- tibble(index = c(1, 2),
               taxon = c("Procaryota; Bacteria; Alpha-Proteobacteria; Escharichia", "Eukaryota; Chordata")))
#> # A tibble: 2 x 2
#>   index taxon
#>   <dbl> <chr>
#> 1  1.00 Procaryota; Bacteria; Alpha-Proteobacteria; E~
#> 2  2.00 Eukaryota; Chordata
(d1 <- dat %>% separate(taxon, c('riik', 'hmk', "klass", "perekond"), sep = '; ', extra = "merge", fill = "righ
#> # A tibble: 2 x 5
#>   index riik       hmk      klass                pere~
#> * <dbl> <chr>      <chr>    <chr>                <chr>
#> 1  1.00 Procaryota Bacteria Alpha-Proteobacteria Esch~
#> 2  2.00 Eukaryota  Chordata <NA>                 <NA>
```

```
# some special cases:
(dat <- tibble(index = c(1, 2),
```

```
              taxon = c("Prokaryota || Bacteria || Alpha-Proteobacteria || Escharichia", "Eukaryota || Chordat
#> # A tibble: 2 x 2
#>   index taxon
#>   <dbl> <chr>
#> 1  1.00 Prokaryota || Bacteria || Alpha-Proteobacteri~
#> 2  2.00 Eukaryota || Chordata
(d1 <- dat %>% separate(taxon, c("riik", "hmk", "klass", "perekond"), sep = "\\|\\|", extra = "merge", fill = '
#> # A tibble: 2 x 5
#>   index riik          hmk          klass       pereko~
#> * <dbl> <chr>         <chr>        <chr>       <chr>
#> 1  1.00 "Prokaryota " " Bacteria " " Alpha-Pr~ " Esch~
#> 2  2.00 "Eukaryota "  " Chordata"  <NA>        <NA>
```

```
dat <- tibble(index = c(1, 2),
              taxon = c("Prokaryota.Bacteria.Alpha-Proteobacteria.Escharichia", "Eukaryota.Chordata"))
(d1 <- dat %>% separate(taxon, c('riik', 'hmk', "klass", "perekond"), sep = '[.]', extra = "merge", fill = "rig
#> # A tibble: 2 x 5
#>   index riik       hmk      klass                pere~
#> * <dbl> <chr>      <chr>    <chr>                <chr>
#> 1  1.00 Prokaryota Bacteria Alpha-Proteobacteria Esch~
#> 2  2.00 Eukaryota  Chordata <NA>                 <NA>
```

```
(dat <- tibble(index = c(1,2),
               taxon = c("Prokaryota.Bacteria,Alpha-Proteobacteria.Escharichia", "Eukaryota.Chordata")))
#> # A tibble: 2 x 2
#>   index taxon
#>   <dbl> <chr>
#> 1  1.00 Prokaryota.Bacteria,Alpha-Proteobacteria.Esch~
#> 2  2.00 Eukaryota.Chordata
(d1 <- dat %>% separate(taxon, c('riik', 'hmk', "klass", "perekond"), sep = '[,\\.]', extra = "merge", fill = '
#> # A tibble: 2 x 5
#>   index riik       hmk      klass                pere~
#> * <dbl> <chr>      <chr>    <chr>                <chr>
#> 1  1.00 Prokaryota Bacteria Alpha-Proteobacteria Esch~
#> 2  2.00 Eukaryota  Chordata <NA>                 <NA>
```

The companion FUN to separate is `unite()` - see help.

0.8.5 Faktorid

Faktor on andmetüüp, mis oli ajalooliselt tähtsam kui ta praegu on. Sageli saame oma asja ära ajada character vectori andmetüübiga ja ei vaja faktorit. Aga siiski läheb faktoreid aeg-ajalt kõigil vaja.

Faktorite abil töötame kategooriliste muutujatega, millel on fikseeritud hulk võimalikke väärtusi, mida me kõiki teame.

Faktori väärtusi kutsutakse "tasemeteks" (levels). Näiteks: muutuja sex on 2 tasemega faktor (M, F)

NB! Faktoriks muutes saame character vectori liikmete järjekorra muuta mitte-tähestikuliseks

Me kasutame faktoritega töötamisel forcats paketti. Kõigepealt loome character vectori x1 nelja kuu nime ingliskeelse lühendiga.

```
library(forcats)
x1 <- c("Dec", "Apr", "Jan", "Mar")
```

Nüüd kujutlege, et vektor x1 sisaldab 10 000 elementi. Seda vektorit on raske sorteerida, ja trükivead on ka raskesti leitavad. Mõlema probleemi vastu aitab, kui me konverteerime x1-e faktoriks. Selleks, et luua uus faktor, peaks kõigepealt üles lugema selle faktori kõik võimalikud tasemed:

Nüüd loome uue faktori ehk muudame x1 character vektori y1 factor vektoriks. Erinevalt x1-st seostub iga y1 väärtusega faktori tase. Kui algses vektoris on mõni element, millele ei vasta näiteks trükivea tõttu ühtegi faktori taset, siis see element muudetakse NA-ks. Proovige see ise järele, viies trükivea sisse x1-e.

```
y1 <- factor(x1, levels = month.abb)
y1
#> [1] Dec Apr Jan Mar
#> 12 Levels: Jan Feb Mar Apr May Jun Jul Aug Sep ... Dec
```

NB! `month.abb` on R objekt mis sisaldab kuude ingliskeelseid lühendeid.

Kui sa faktorile tasemeid ette ei anna, siis need tekivad andmetest automaatselt ja tähestikulises järjekorras.

Kui sa tahad, et faktori tasemed oleks samas järjekorras kui selle taseme esmakordne ilmumine teie andmetes siis:

```
f2 <- factor(x1) %>% fct_inorder()
f2
#> [1] Dec Apr Jan Mar
#> Levels: Dec Apr Jan Mar
```

`levels()` annab faktori tasemed ja nende järjekorra

```
levels(f2)
#> [1] "Dec" "Apr" "Jan" "Mar"
```

Kui faktorid on tibbles oma veeruna, siis saab nende tasemed `count()` kasutades:

```
gss_cat #tibble, mille veerg "race" on faktor.
#> # A tibble: 21,483 x 9
#>    year marit~   age race   rinc~ party~ relig  denom
#>   <int> <fctr> <int> <fctr> <fct> <fctr> <fctr> <fctr>
#> 1  2000 Never~    26 White  $800~ Ind,n~ Prote~ South~
#> 2  2000 Divor~    48 White  $800~ Not s~ Prote~ Bapti~
#> 3  2000 Widow~    67 White  Not ~ Indep~ Prote~ No de~
#> 4  2000 Never~    39 White  Not ~ Ind,n~ Ortho~ Not a~
#> 5  2000 Divor~    25 White  Not ~ Not s~ None   Not a~
#> 6  2000 Marri~    25 White  $200~ Stron~ Prote~ South~
#> # ... with 2.148e+04 more rows, and 1 more variable:
#> #   tvhours <int>
gss_cat %>% count(race)
#> # A tibble: 3 x 2
#>   race       n
#>   <fctr> <int>
#> 1 Other   1959
#> 2 Black   3129
#> 3 White  16395
```

Nii saame ka teada, mitu korda iga faktori tase selles tabelis esineb.

0.8.5.1 tekitame faktortulba keerulisemal teel

dplyr::case_when(). Kui Sepal.Length on > 5.8 või Sepal.Width >4, siis uues veerus nimega fact ilmub tase “large”, kui Species = setosa, siis ilmub tase “I. setosa”, igal muul juhul ilmub “other”.

```
library(tidyverse)
i <- iris %>% mutate(
    fact = case_when(
      Sepal.Length > 5.8 | Sepal.Width > 4 ~ "large",
      Species == "setosa"        ~ "I. setosa",
      TRUE                      ~  "other"
    ))
```

0.8.5.2 `fct_recode()` rekodeerib faktori tasemed

```
gss_cat %>% count(partyid)
#> # A tibble: 10 x 2
#>   partyid               n
#>   <fctr>            <int>
#> 1 No answer           154
#> 2 Don't know            1
#> 3 Other party         393
#> 4 Strong republican  2314
#> 5 Not str republican 3032
#> 6 Ind,near rep       1791
#> # ... with 4 more rows
gss_cat %>%
  mutate(partyid = fct_recode(partyid,
                              "Republican, strong"    = "Strong republican",
                              "Republican, weak"      = "Not str republican",
                              "Independent, near rep" = "Ind,near rep",
                              "Independent, near dem" = "Ind,near dem",
                              "Democrat, weak"        = "Not str democrat",
                              "Democrat, strong"      = "Strong democrat",
                              "Other"                 = "No answer",
                              "Other"                 = "Don't know",
                              "Other"                 = "Other party"
  )) %>%
  count(partyid)
#> # A tibble: 8 x 2
#>   partyid                  n
#>   <fctr>               <int>
#> 1 Other                  548
#> 2 Republican, strong    2314
#> 3 Republican, weak      3032
#> 4 Independent, near rep 1791
#> 5 Independent           4119
#> 6 Independent, near dem 2499
#> # ... with 2 more rows
```

`fct_recode()` ei puuduta neid tasemeid, mida selle argumendis ei mainita. Lisaks saab mitu vana taset muuta üheks uueks tasemeks.

0.8.5.3 `fct_collapse()` annab argumenti sisse vanade tasemete vektori, et teha vähem uusi tasemeid.

```
gss_cat %>%
  mutate(partyid = fct_collapse(partyid,
                                other = c("No answer", "Don't know", "Other party"),
                                rep = c("Strong republican", "Not str republican"),
                                ind = c("Ind,near rep", "Independent", "Ind,near dem"),
                                dem = c("Not str democrat", "Strong democrat")
  )) %>%
  count(partyid)
```

0.8.5.4 `fct_lump()` lööb kokku kõik vähem arv kordi esinevad tasemed.

n parameeter ütleb, mitu algset taset tuleb alles jätta:

```
gss_cat %>%
  mutate(relig = fct_lump(relig, n = 5)) %>%
  count(relig, sort = TRUE) %>%
  print()
#> # A tibble: 6 x 2
#>   relig          n
#>   <fctr>     <int>
#> 1 Protestant 10846
#> 2 Catholic    5124
#> 3 None        3523
#> 4 Other        913
#> 5 Christian    689
#> 6 Jewish       388
```

0.8.5.5 Rekodeerime pideva muutuja faktoriks

`cut()` jagab meie muutuja väärtused intervallidesse ja annab igale intervallile faktori taseme.

`cut(x, breaks, labels = NULL, ordered_result = FALSE, ...)`

breaks - either a numeric vector of two or more unique cut points or a single number >1, giving the number of intervals into which x is to be cut. labels - labels for the levels of the resulting category. ordered_result - logical: should the result be an ordered factor?

```
z <- 1:10
z1 <- cut(z, breaks = c(0, 3, 6, 10), labels = c("A", "B", "C"))
z1
#>  [1] A A A B B B C C C C
```

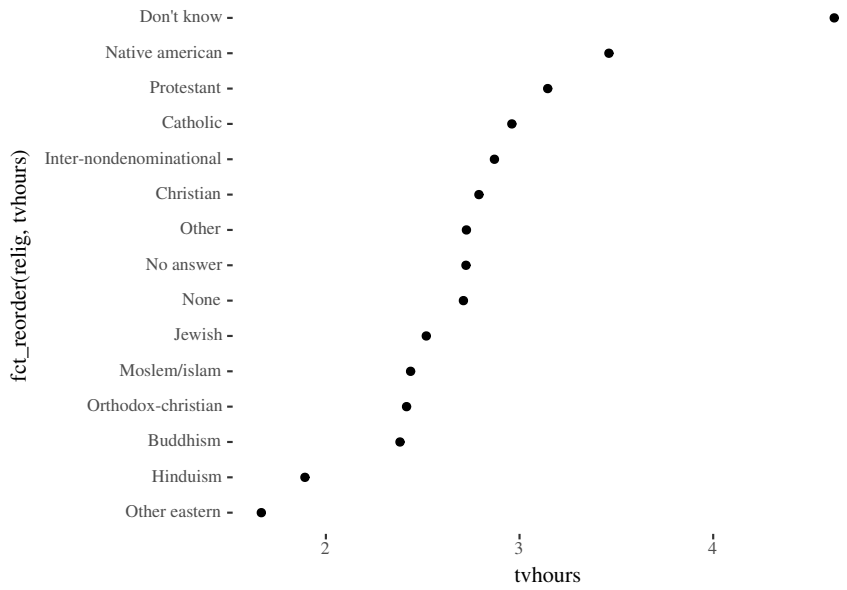
```
#> Levels: A B C
#Note that to include 1 in level “A” you need to start the first cut <1, while at the right side 3 is included
z2 <- cut(z, breaks = 3, labels = c("A", "B", "C"))
z2
#>  [1] A A A A B B B C C C
#> Levels: A B C
```

`car::recode` aitab rekodeerida

```
library(car)
x <- rep(1:3, 3)
x
#> [1] 1 2 3 1 2 3 1 2 3
recode(x, "c(1,2) = 'A'; else = 'B'")
#> [1] "A" "A" "B" "A" "A" "B" "A" "A" "B"
recode(x, "c(1,2) = NA")
#> [1] NA NA  3 NA NA  3 NA NA  3
recode(x, "1:2 = 'A'; 3 = 'B'")
#> [1] "A" "A" "B" "A" "A" "B" "A" "A" "B"
```

0.8.5.6 Muudame faktori tasemete järjekorda joonisel

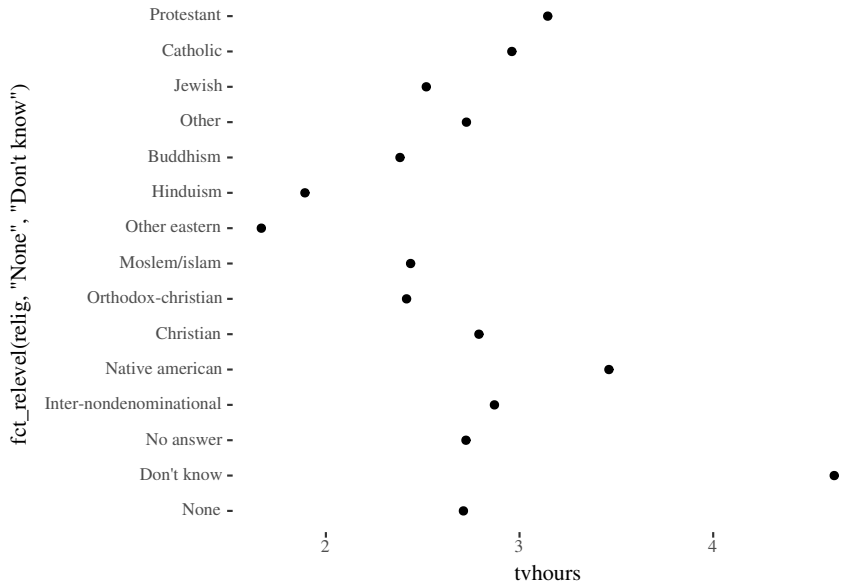
```
## summeerime andmed
gsscat_sum  <- group_by(gss_cat, relig) %>%
  summarise(age = mean(age, na.rm = TRUE),
            tvhours = mean(tvhours, na.rm = TRUE),
            n = n())
## joonistame graafiku
p <- ggplot(gsscat_sum, aes(tvhours, fct_reorder(relig, tvhours))) +
  geom_point()
p
```



0.8.5.7 `fct_relevel()` tõstab joonisel osad tasemed teistest ettepoole

Argumendid on faktor f ja need tasemed (jutumärkides), mida sa tahad tõsta.

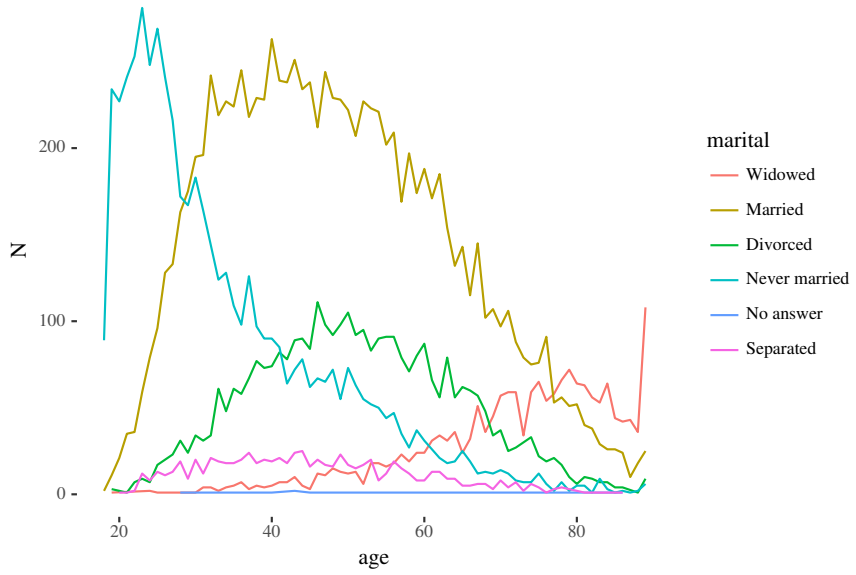
```
## täiendame eelmist graafikut ümberkorraldatud andmetega
p + aes(tvhours, fct_relevel(relig, "None", "Don't know"))
```



0.8.5.8 Joontega plotil saab `fct_reorder2()` abil assotseerida y väärtused suurimate x väärtustega

See muudab ploti paremini jälgitavaks:

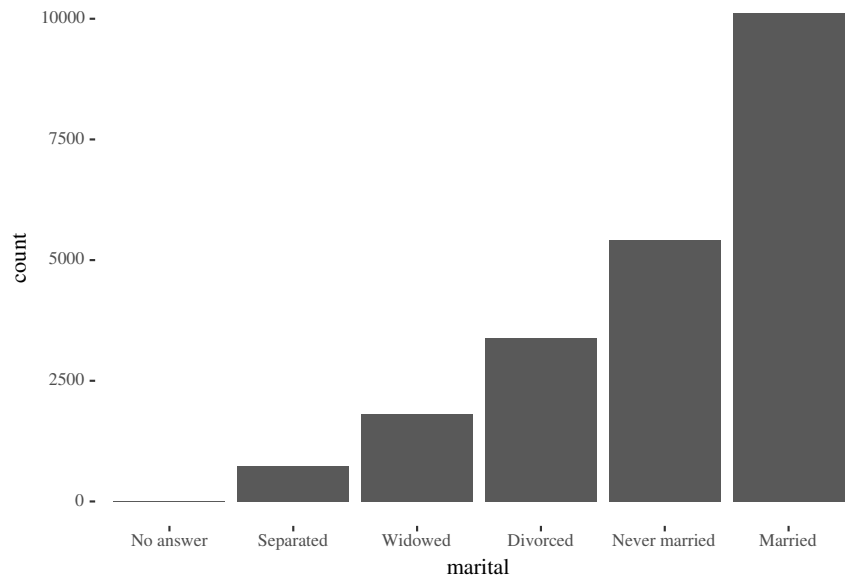
```
## summeerime andmed
gsscat_sum <- filter(gss_cat, !is.na(age)) %>%
  group_by(age, marital) %>%
  mutate(N=n())
## paneme andmed graafikule
ggplot(gsscat_sum, aes(age, N, colour = fct_reorder2(marital, age, N))) +
  geom_line() +
  labs(colour = "marital")
```



0.8.5.9 Tulpdiagrammide korral kasuta `fct_infreq()`

Loeme kokku erineva perekondliku staatusega isikud ja paneme need andmed tulpdiagrammi grupi suurusele vastupidises järjekorras st. väiksemad grupid tulevad enne.

```
mutate(gss_cat, marital = fct_infreq(marital) %>% fct_rev()) %>%
  ggplot(aes(marital)) + geom_bar()
```



0.9 Statistilised mudelid

```
library(tidyverse)
library(ggthemes)
library(scatterplot3d)
library(modelr)
library(broom)
```

0.9.1 Suur ja väike maailm

Kuna maailmas on kõik kõigega seotud, on seda raske otse uurida. Teadus töötab tänu sellele, et teadlased lõikavad reaalsuse väikesteks tükkideks, kasutades tordilabidana teaduslike hüpoteese, ning uurivad seda tükikaupa lootuses, et kui kõik tükid on korralikult läbi nätsutatud, saab sellest taas tordi kokku panna. Tüüpiline bioloogiline hüpotees pakub välja tavakeelse (mitte matemaatilise) seletuse mõnele piiritletud loodusnähtusele.

Näiteks antibiootikume uuritakse keemilise sideme tasemel kasutades orgaanilise keemia meetodeid. Antibiootikumide molekulaarseid märklaudu uuritakse molekulaarbioloogiliste meetoditega, nende toimet uuritakse rakubioloogia ja füsioloogia meetoditega, aga kaasajal on väga olulised ka ökoloogilised, evolutsioonilised, meditsiinilised, põllumajanduslikud, majanduslikud ja psühholoogilised aspektid. Kõigil neil tasanditel on loodud palju hüpoteese, millest kokku moodustub meie teadmine antibiootikumide kohta. Neid väga erinevaid asju, mida me kutsume hüpoteesideks, ühendab see, et neist igaüht võib võrrelda empiiriliste andmetega. Samuti, enamust neist saab kirjel-

dada matemaatiliste formalismide ehk mudelite abil, ja neid mudeleid saab omakorda võrrelda andmetega. Kuigi erinevate tasemete hüpoteesid on tavakeeles üksteisest väga erinevad, on neid kirjeldavad mudelid sageli matemaatiliselt sarnased.

Kui mudel on teooria lihtsustus, siis teooria on maailma lihtsustus.

Mis juhtub, kui teie hüpotees on andmetega kooskõlas? Kas see tähendab, et see hüpotees vastab tõele? Või, et see on tõenäoliselt tõene? Kahjuks on vastus mõlemale küsimusele eitav. Põhjuseks on asjaolu, et enamasti leiab iga nähtuse seletamiseks rohkem kui ühe alternatiivse teadusliku hüpoteesi ning rohkem kui üks üksteist välistav hüpotees võib olla olemasolevate andmetega võrdses kooskõlas. Asja teeb veelgi hullemaks, et teoreetiliselt on võimalik sõnastada lõpmata palju erinevaid teooriaid, mis kõik pakuvad alternatiivseid ja üksteist välistavaid seletusi samale nähtusele. Kuna hüpoteese on lõpmatu hulk, aga andmeid on alalti lõplik hulk, siis saab igas teaduslikus "faktis" kahelda.
Kunagi ei või kindel olla, et parimad teooriad ei ole täiesti tähelepanuta jäänud ning, et meie poolt kogutud vähesed andmed kajastavad hästi kõiki võimalikke andmeid.

Ca. 1910 mõtlesid filosoofid Russell ja Moore välja tõe vastavusteooria, mille kohaselt tõest propositsiooni eristab väärast "vastavus" füüsikalisele maailmale. Selle kohaselt on tõesed need laused, mis vastavad asjadele. Ehkki keegi ei oska siiani öelda, mida "vastavus" selles kontekstis ikkagi tähendab, või kuidas seda saavutada, on vastavusteooria senini kõige populaarsem tõeteooria filosoofide hulgas (mis on kõnekas alternatiivide kohta). Samamoodi, kui lausete vastavusest maailmaga, võime rääkida ka võrrandite (ehk mudelite) vastavusest lausetega. Vastavusest lausetaga sellepärast, et mudelid on koostatud teaduslike teooriate, mitte otse maailma, kirjeldusena. Seega ei pea me muretsema mudelite tõeväärtuse pärast. Võib lausa väita, et mudeli tõeväärtusest rääkimine on kohatu.

Teeoria ja mudeli seose kohta selline näide. Meil on hüpotees, mille kohaselt valijad eelistavad demokraatlikus süsteemis kandidaate, kes on ennast juba tõestanud sellega, et saavad hakkama riigi majanduse edendamisega. Seega, kompetentsed poliitikud valitakse tagasi. Sellest hüpoteesist saab tuletada kaks järelmit 1. - majandusel läheb keskmiselt paremini juba tagasi valitud poliitikute all kui esimest korda valitud poliitkute all, keda ei ole veel elektoraadi poolt harvendatud ja 2. - majandusnäitajate varieeruvus on esimesel juhul väiksem, sest kehvemad poliitikud on juba valija poolt valimist eemaldatud (Achen, C. H., & Bartels, L. M. (2016). Democracy for Realists). Esimese järelmi testimiseks kasutati statistilise mudelina aritmeetilist keskmist koos standardveaga ja teise järelmi jaoks standardhälvet. Tulemused olid vastupidised hüpoteesi poolt ennustatutega. Seega: andmed (kas neid on piisavalt? on nad representatiivsed?) –> mudel (kindlasti on siin alternatiivseid võimalusi sama küsimuse modelleerimiseks) –> teooria järelm (sama teooria annab ka teisi järelmeid. Mis juhtub, kui osad neist on andmetega kooskõlas ja teised ei ole?) –> laiem teooria –> järeldus demokraatia toimimise kohta laias maailmas.

0.9.2 Mudeli väike maailm

Ülalmainitud teadusliku meetodi puudused tingivad, et meie huvides on oma teaduslikke probleeme veel ühe taseme võrra lihtsustada, taandades need statistilisteks probleemideks. Selleks tuletame tavakeelsest teaduslikust teooriast täpselt formuleeritud matemaatilise mudeli ning seejärel asume uurima oma mudelit lootuses, et mudeli kooskõla andmetega ütleb meile midagi teadusliku hüpoteesi kohta. Enamasti töötab selline lähenemine siis, kui mudeli ehitamisel arvestati võimaliku andmeid genereeriva mehhanismiga – ehk, kui mudeli matemaatiline struktuur koostati teaduslikku hüpoteesi silmas pidades. Mudelid, mis ehitatakse silmas pidades puhtalt matemaatilist sobivust andmetega, ei kipu omama teaduslikku seletusjõudu, kuigi neil võib olla väga hea ennustusjõud.

Meil on kaks hüpoteesi, A ja B. Juhul kui A on tõene ja B on väär, kas on võimalik, et B on tõele lähemal kui A? Kui A ja B on teineteist välistavad punkthüpoteesid parameetri väärtuse kohta, siis on vastus eitav. Aga mis juhtub, kui A ja B on statistilised mudelid? Näiteks, kui tõde on, et eesti meeste keskmine pikkus on 178.3 cm ja A ütleb, et keskmine pikkus jääb kuhugi 150 cm ja 220 cm vahele ning B ütleb, et see jääb kuhugi 179 cm ja 182 cm vahele, siis on B tõele lähemal selles mõttes, et meil on temast teaduslikus mõttes rohkem kasu. Siit on näha oluline erinevus teadusliku hüpoteesi ja statistilise mudeli vahel: hüpotees on orienteeritud tõele, samal ajal kui mudel on orienteeritud kasule.

Mudeli maailm erineb päris maailmast selle poolest, et mudeli maailmas on kõik sündmused, mis põhimõtteliselt võivad juhtuda, juba ette teada ja üles loendatud (seda sündmuste kogu kutsutakse parameetriruumiks). Tehniliselt on mudeli maailmas üllatused võimatud.

Lisaks, tõenäosusteooriat, ja eriti Bayesi teoreemi, kasutades on meil garantii, et me suudame mudelis leiduva informatsiooniga ümber käia parimal võimalikul viisil. Kõik see rõõm jääb siiski mudeli piiridesse. Mudeli eeliseks teooria ees on, et hästi konstrueeritud mudel on lihtsamini mõistetav — erinevalt vähegi keerulisemast teaduslikust hüpoteesist on mudeli eeldused ja ennustused läbinähtavad ja täpselt formuleeritavad. Mudeli puuduseks on aga, et erinevalt teooriast ei ole mingit võimalust, et mudel vastaks tegelikkusele. Seda sellepärast, et mudel on taotluslikult lihtsustav (erandiks on puhtalt ennustuslikud mudelid, mis on aga enamasti läbinähtamatu struktuuriga). Mudel on kas kasulik või kasutu; teooria on kas tõene või väär. Mudeli ja maailma vahel võib olla kaudne peegeldus, aga mitte kunagi otsene side. Seega, ükski number, mis arvutatakse mudeli raames, ei kandu sama numbrina üle teaduslikku ega päris maailma. Ja kogu statistika (ka mitteparameetriline) toimub mudeli väikses maailmas. Arvud, mida statistika teile pakub, elavad mudeli maailmas; samas kui teie teaduslik huvi on suunatud päris maailmale. Näiteks 95% usaldusintervall ei tähenda, et te peaksite olema 95% kindel, et tõde asub selles intervallis – sageli ei tohiks te seda nii julgelt tõlgendada isegi kitsas mudeli maailmas.

0.9.2.1 Näide: Aristoteles, Ptolemaios ja Kopernikus

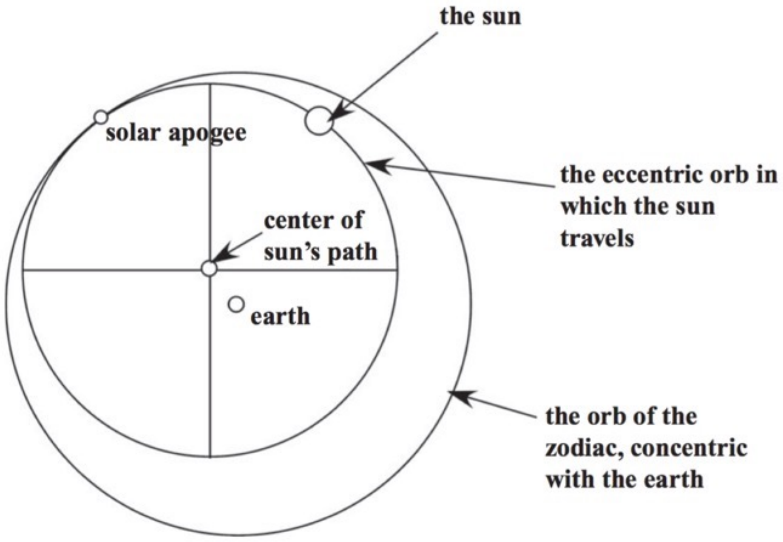
Aristoteles (384–322 BC) lõi teooria maailma toimimise kohta, mis domineeris haritud eurooplase maailmapilti enam kui 1200 aasta vältel. Tema ühendteooria põhines maailmapildil, mis oli üldtun-

Joonis 3: Keskaegne aristotellik maailm.

nustatud juba sajandeid enne Aristotelest ja järgneva 1500 aasta jooksul kahtlesid selles vähesed mõistlikud inimesed. Selle kohaselt asub universumi keskpunktis statsionaarne maakera ning kõik, mida siin leida võib, on tehtud neljast elemendist: maa, vesi, õhk ja tuli. Samas, kogu maailmaruum alates kuu sfäärist on tehtud viiendast elemendist (eeter), mida aga ei leidu maal (nagu nelja elementi ei leidu kuu peal ja sealt edasi). Taevakehad (kuu, päike, planeedid ja kinnistähed) tiirlevad ümber maa kontsentrilistes sfäärides, mille vahel pole vaba ruumi. Seega on kogu liikumine eetri sfäärides ühtlane ja ringikujuline ja see liikumine põhjustab pika põhjus-tagajärg ahela kaudu kõiki liikumisi, mida maapeal kohtame. Kaasa arvatud sündimine, elukäik ja surm. Kõik, mis maapeal huvitavat, ehk kogu liikumine, on algselt põhjustatud esimese liikumise poolt, mille käivitab kõige välimises sfääris paiknev meie jaoks mõistetamatu intellektiga "olend".

Aristotelese suur teooria ühendab kogu maailmapildi alates meie mõistes keemiast ja kosmoloogiast kuni bioloogia, maateaduse ja isegi geograafiani. Sellist ühendteooriat on erakordselt raske ümber lükata, sest seal on kõik kõigega seotud.

Aristarchus (c. 310 – c. 230 BC) proovis seda siiski, väites, et tegelikult tiirleb maakera ümber statsionaarse päikese. Ta uskus ka, et kinnistähed on teised päikesed, et universum on palju suurem kui arvati (ehkki kaasaegne seisukoht oli, et universumi mastaabis ei ole maakera suurem kui liivatera) ning, et maakera pöörleb ümber oma telje. Paraku ei suutnud Aristarchuse geotsentriline teooria toetajaid leida, kuna see ei pidanud vastu vaatluslikule testile. Geotsentrilisest teooriast tuleneb nimelt loogilise paratametusena, et tähtedel esineb maalt vaadates parallaks. See tähendab, et kui maakera koos astronoomiga teeb poolringi ümber päikese, siis kinnistähe näiv asukoht taevavõlvil muutub, sest astronoom vaatleb teda teise nurga alt. Pange oma nimetissõrm näost u 10 cm kaugusele, sulgege parem silm, seejärel avage see ning sulgege vasak silm ja te näete oma sõrme parallaksi selle näiva asukoha muutusena. Mõõtmised ei näidanud aga



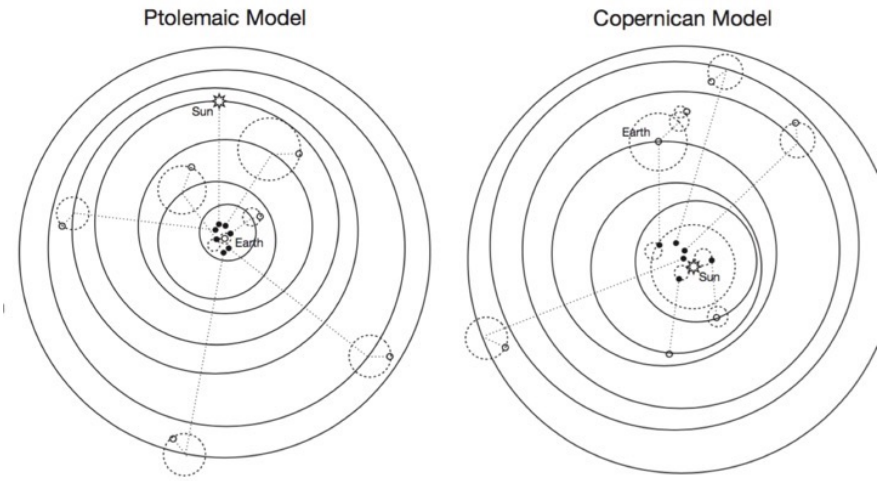
Joonis 4: Ilma epitsükliteta ptolemailine mudel.

parallaksi olemasolu (sest maa trajektoori diameeter on palju lühem maa kaugusest tähtedest). Parallaksi suudeti esmest korda mõõta alles 1838, siis kui juba iga koolijüts uskus, et maakera tiirleb ümber päikese!

Ühte Aristotelese kosmoloogia olulist puudust nähti siiski kohe. Nimelt ei suuda Aristoteles seletada, miks osad planeedid teavavõlvil vahest suunda muudavad ja mõnda aega lausa vastupidises suunas liiguvad (retrogressioon). Kuna astronoomiat kasutasid põhiliselt astroloogid, siis põõrati planeetide liikumisele suurt tähelepanu. Lahenduseks ei olnud aga mitte suure teooria ümbertegemine või ümberlükkamine, vaid uue teaduse nõudmine, mis "päästaks fenomenid". Siin tuli appi Ptolemaios (c. AD 100 – c. 170), kes lõi matemaatilise mudeli, kus planeedid mitte lihtsalt ei liigu ringtrajektoori mõõda, vaid samal ajal teevad ka väiksemaid ringe ümber esimese suure ringjoone. Neid väiksemaid ringe kutsutakse epitsükliteks. See mudel suutis planeetide liikumist taevavõlvil piisavalt hästi ennustada, et astroloogide seltskond sellega rahule jäi.

Ptolemaiosel ja tema järgijatel oli tegelikult mitu erinevat mudelit. Osad neist ei sisaldanud epitsükleid ja maakera ei asunud tema mudelites universumi keskel, vaid oli sellest punktist eemale nihutatud — nii et päike ei teinud ringe ümber maakera vaid ümber tühja punkti. Kuna leidus epitsüklitega mudel ja ilma epitsükliteta mudel, mis andsid identseid ennustusi, on selge, et Aristotelese teooria ja fenomenide päästmise mudelid on põhimõtteliselt erinevad asjad. Samal ajal, kui Aritoteles **seletas** maailma põhiolemust põhjuslike seoste jadana (mitte matemaatiliselt), **kirjeldas/ennustas** Ptolemaios sellesama maailma käitumist matemaatiliste (mitte põhjuslike) struktuuride abil.

Nii tekkis olukord, kus maailma mõistmiseks kasutati Aristotelese ühendteooriat, aga selle kirjeldamiseks ja tuleviku ennustamiseks hoopis ptolemailisi mudeleid, mida keegi päriselt tõeks ei pidanud ja mida hinnati selle järgi, kui hästi need "päästsid fenomene".



Joonis 5: Ptolemaiose ja Kopernikuse mudelid on üllatavalt sarnased.

See toob meid Kopernikuse (1473 – 1543) juurde, kes teadusajaloolaste arvates vallandas 17. sajandi teadusliku revolutsiooni, avaldades raamatu, kus ta asetab päikese universumi keskele ja paneb maa selle ümber ringtrajektooril tiirlema. Kas Kopernikus tõrjus sellega kõrvale Aristotelese, Ptolemaiose või mõlemad? Tubdub, et Kopernikus soovis kolmandat, suutis esimest, ning et tolleaegsete lugejate arvates üritas ta teha teist — ehk välja pakkuda alternatiivi ptolemailistele mudelitele, mis selleks ajaks olid muutunud väga keerukaks (aga ka samavõrra ennustustäpseks). Kuna Kopernikuse raamat läks trükki ajal, mil selle autor oli juba oma surivoodil, kirjutas sellele eessõna üks tema vaimulikust sõber, kes püüdis oodatavat kiriklikku pahameelt leevendada vihjates, et päikese keskele viimine on vaid mudeldamise trikk, millest ei tasu järeldada, et maakera ka tegelikult ümber päikese tiirleb (piibel räägib, kuidas jumal peatas taevavõlvil päikese, mitte maa). Ja kuna eessõna oli anonüümne, eeldasid lugejad muidugi, et selle kirjutas autor. Lisaks, kuigi Kopernikus tõstis päikese keskele, jäi ta planeetide ringikujuliste trajektooride juurde, mis tähendas, et selleks, et tema teooria fenomenide päästmisel hätta ei jääks, oli ta sunnitud maad ja planeete liigutama ümber päikese mõõda epitsükleid. Kokkuvõttes oli Kopernikuse mudel pea-aegu sama keeruline kui Ptolemaiose standardmudel ja selle abil tehtud ennustused planeetide liikumise kohta olid väiksema täpsusega. Seega, ennustava mudelina ei olnud tal suuri eeliseid ptolemailike mudelite ees.

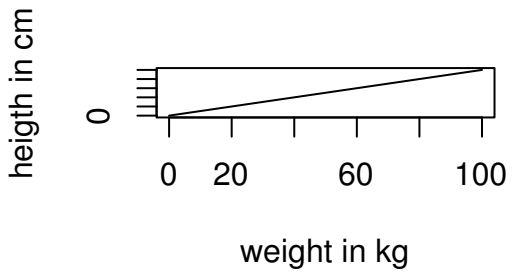
Kopernikuse mudel suutis siiski ennustada mõningaid nähtusi (planeetide näiv heledus jõuab maksimumi nende lähimas asukohas maale), mida Ptolemaiose mudel ei ennustanud. See ei tähenda, et need fenomenid oleksid olnud vastuolus Ptolemaiose mudeliga. Lihtsalt, nende Ptolemaiose mudelisse sobitamiseks oli vaja osad mudeli parameetrid fikseerida nii-öelda suvalistele väärtustele. Seega Koperniku mudel töötas nii, nagu see oli, samas kui Ptolemaiose mudel vajas ad hoc tuunimimst.

Kui vaadata Koperniku produkti teooriana, mitte mudelina, siis oli sellel küll selgeid eeliseid Aristotelese maailmateooria ees. Juba ammu oli nähtud komeete üle taevavõlvi lendamas (mis Aristotelese järgi asusid kinnistähtede muutumatus sfääris), nagu ka supernoova tekkimist ja kadu, ning enam ei olnud kaugel aeg, mil Galileo joonistas oma teleskoobist kraatreid kuu pinnal, näidates, et kuu ei saanud koosneda täiuslikust viiendast elemendist ja et sellel toimusid ilmselt sarnased füüsikalised protsessid kui maal. On usutav, et kui Kopernikus oleks jõudnud oma raamatule ise essõna kirjutada, oleks tema teooria vastuvõtt olnud palju kiirem (ja valulisem).

0.9.3 Lineaarsed mudelid

Oletame, et me mõõtsime N inimese pikkuse cm-s ja kaalu kg-s ning meid huvitab, kuidas inimeste pikkus sõltub nende kaalust. Lihtsaim mudel pikkuse sõltuvusest kaalust on pikkus = kaal (formaliseeritult: y = x) ja see mudel ennustab, et kui Johni kaal = 80 kg, siis John on 80 cm pikkune. siin on pikkus muutuja, mille väärtust ennustatakse ja kaal muutuja, mille väärtuste põhjal ennustatakse pikkusi. Selle mudeli saame graafiliselt kujutada nii:

```
x <- 0:100 #y = kaal
y <- x # x = pikkus
plot(y ~ x,
     type = "l",
     xlab = "weight in kg",
     ylab = "heigth in cm")
```



Mudeli keeles tähistame me seda, mida me ennustame (antud juhul pikkus) Y-ga ja seda, mille väärtuse põhjal me ennustame (antud juhul kaal) X-ga. Seega sirge mudeli matemaatiline formalism on Y = X.

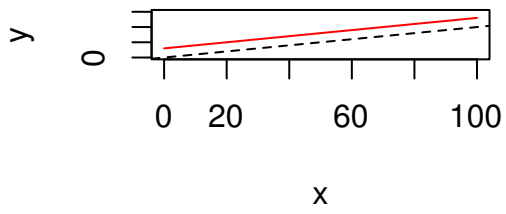
See on äärmiselt jäik mudel: sirge, mille asukoht on rangelt fikseeritud. Sirge lõikab y telge alati 0-s (mudeli keeles: sirge intercept ehk lõikepunkt Y teljel = 0) ja tema tõusunurk saab olla ainult 45 kraadi (mudeli keeles: mudeli slope ehk tõus = 1). Selle mudeli jäikus tuleneb sellest, et temas ei ole parameetreid, mille väärtusi me saaksime vabalt muuta ehk tuunida.

Mis juhtub, kui me lisame mudelisse konstandi, mille liidame x-i väärtustele?

$y = a + x$

See konstant on mudeli parameeter, mille väärtuse võime vabalt valida. Järgnevalt anname talle väärtuse 30 (ilma konkreetse põhjuseta).

```
x <- 0:100
a <- 30
y <- a + x
plot(y ~ x,
     xlim = c(0, 100),
     ylim = c(0, 150),
     col = "red",
     type = "l")
abline(c(0, 1), lty = 2)
```



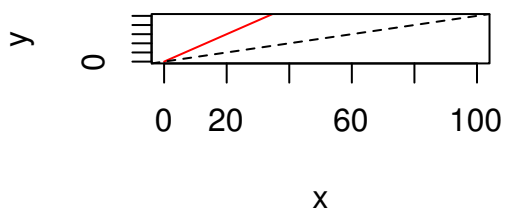
Meie konstant a määrab *y* väärtuse, kui $x = 0$, ehk sirge lõikepunkti *y* teljel. Teisisõnu, a = mudeli intercept

Mis juhtub, kui me mitte ei liida, vaid korrutame *x*-i konstandiga?

$y = bx$

Jällegi, me anname mudeli parameetrile b suvalise väärtuse, 3.

```
x <- 0:200 #y = kaal
b <- 3
y <- b*x # x = pikkus
plot(y~x,
     xlim=c(0, 100),
     ylim=c(0, 100),
     col="red",
     type="l")
abline(c(0,1), lty=2)
```



Nüüd muutub sirge tõusunurk, ehk kui palju me ootame *y*-t muutumas, kui *x* muutub näiteks ühe ühiku võrra. Kui b = 3, siis *x*-i tõustes ühe ühiku võrra suureneb *y* kolme ühiku võrra. Proovi järgi, mis juhtub, kui b = -3.

Selleks, et sirget kahes dimensioonis vabalt liigutada, piisab kui me kombineerime eelnevad näited ühte:

$y = a + bx$

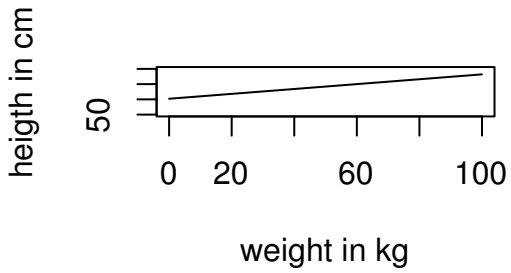
Selleks lisame mudelisse kaks parameetrit, intercept (a) ja tõus (b). Kui $a = 0$ ja $b = 1$, saame me eelpool kirjeldatud mudeli $y = x$. Kui $a = 102$, siis sirge lõikab *y* telge väärtusel 102. Kui $b = 0.8$, siis *x*-i tõustes 1 ühiku võrra tõuseb *y*-i väärtus 0.8 ühiku võrra. Kui $a = 100$ ja $b = 0$, siis saame sirge, mis on paraleelne x-teljega ja lõikab y-telge väärtusel 100. Seega, Teades a ja b väärtusi ning omistades x-le suvalise meid huvitava väärtuse, saab ennustada y-i keskmist väärtust sellel x-i väärtusel. Näiteks, olgu andmete vastu fititud mudel:

pikkus(cm) = 102 + 0.8 * kaal(kg) ehk

$y = 102 + 0.8x$.

Omistades nüüd kaalule väärtuse 80 kg, tuleb mudeli poolt ennustatud keskmine pikkus 102 + 0.8 * 80 = 166 cm. Iga kg lisakaalu ennustab mudeli kohaselt 0.8 cm võrra suuremat pikkust.

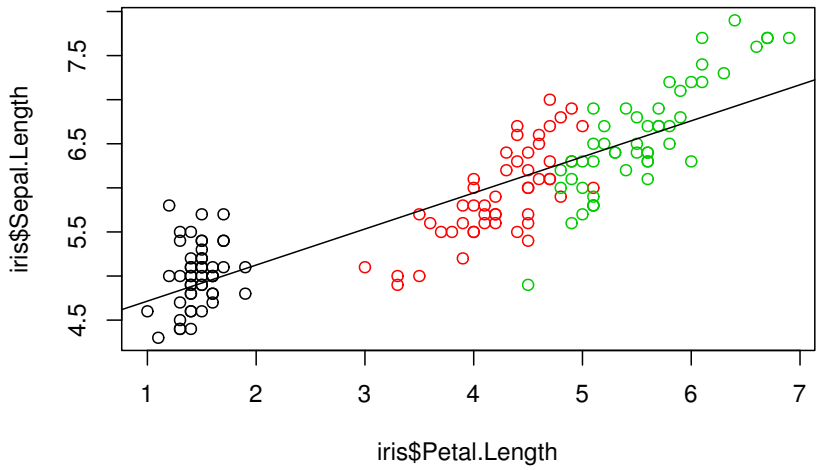
```
a <- 102
b <- 0.8
x <-  0:100
y <-  a + b * x
plot(y ~ x,
     type = "l",
     xlab = "weight in kg",
     ylab = "heigth in cm",
     ylim = c(50, 200))
```



See mudel ennustab, et 0 kaalu juures on pikku 102 cm, mis on rumal, aga mudelite puhul tavaline, olukord. Me tuunime mudelit andmete peal, mis ei sisalda 0-kaalu. Meie valimiandmed ei peegelda täpselt inimpopulatsiooni. Sirge mudel ei peegelda täpselt pikkuse-kaalu suhteid vahemikus, kus meil on reaalseid kaaluandmeid; ja ta teeb seda veelgi vähem seal, kus meil mõõdetud kaalusid ei ole. Seega pole mõtet imestada, miks mudeli intercept meie üle irvitab.

Kahe parameetriga sirge mudel ongi see, mida me fitime kahedimensiooniliste andmetega. Näiteks nii:

```
# fit a linear model and name the model object as m1
m1 <- lm(Sepal.Length ~ Petal.Length, iris)
# make a scatter plot, colored by the var called "Species"
plot(iris$Sepal.Length ~ iris$Petal.Length, col = iris$Species)
# draw the fitted regression line from m1
abline(m1)
```



Mudeli fittimine tähendab siin lihtsalt, et sirge on 2D ruumi asetatud nii, et see oleks võimalikult lähedal kõikidele punktidele.

---

oletame, et meil on n andmepunkti ja et me fitime neile sirge. Nüüd plotime fititud sirge koos punktidega ja tõmbame igast punktist mudelsirgeni joone, mis on paraleelne y-teljega. Seejärel mõõdame nende n joone pikkused. Olgu need pikkused a, b, ... i. lm() funktsioon fitib sirge niimoodi, et summa $a^2 + b^2 + ... i^2$ oleks minimaalne. Seda kutsutakse vähimruutude meetodiks.

Fititud koefitsientide väärtused saame nii

```
coef(m1)
#>  (Intercept) Petal.Length
#>        4.307        0.409
```

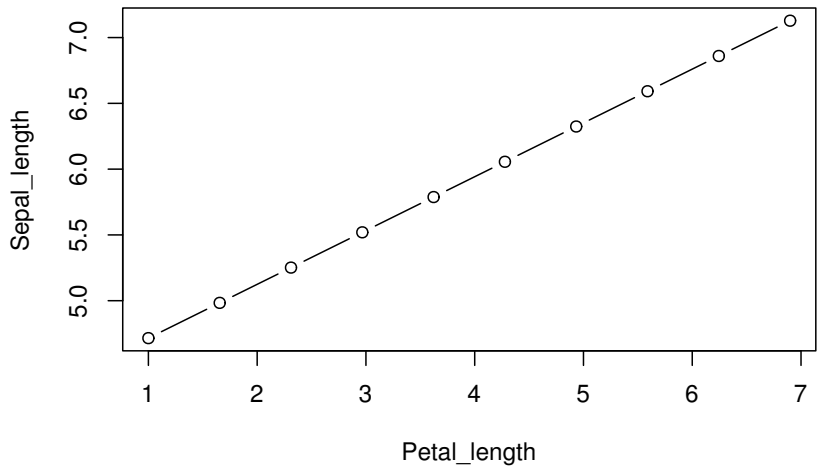
Siin a = (Intercept) ehk 4.31 ja b = Petal.Length ehk 0.41.

Ennustus lineaarsest mudelist

Anname x-le rea väärtusi, et ennustada y keskmisi väärtusi nendel x-i väärtustel. Siin me ennustame y (Sepal_length) keskväärtusi erinevatel x-i (Petal_length) väärtustel, mitte individuaalseid Sepal_length väärtusi. Me kasutame selleks deterministlikku mudelit kujul Sepal_length = a + b* Petal_length. Hiljem õpime ka bayesiaanlike meetoditega individuaalseid Sepal_length-e ennustama.

Järgnev kood on sisuliselt sama, millega me üle-eelmisel plotil joonistasime mudeli y = a + bx. Me fikseerime mudeli koefitsiendid fititud irise mudeli omadega ja anname Petal_length muutujale 10 erinevat väärtust originaalse muutuja mõõtmisvahemikus. Aga sama hästi võiksime ekstrapoleerida ja küsida, mis on oodatav Sepal_length, kui Petal_length on 100 cm? Loll küsimus, aga mudel ei tea seda. Proovi seda kodus.

```
Petal_length <- seq(min(iris$Petal.Length),
                    max(iris$Petal.Length),
                    length.out = 10)
a <- coef(m1)[1]
b <- coef(m1)[2]

Sepal_length <-  a + b*Petal_length

plot(Sepal_length~Petal_length, type="b")
```



Siin ennustasime 10 y väärtust 10-l x-i väärtusel.

0.9.3.1 Neli mõistet

Mudelis $y = a + bx$ on x ja y muutujad, ning a ja b on parameetrid. Muutujate väärtused fikseeritakse andmete poolt, parameetrid fititakse andmete põhjal. Fititud mudel ennustab igale x-i väärtusele vastava kõige tõenäolisema y väärtuse (y keskväärtuse sellel x-i väärtusel).

Y - mida me ennustame (dependent variable, predicted variable)

X - mille põhjal me ennustame (independent variable, predictor)

---

muutuja (variable) - iga asi, mida me valimis mõõdame (X ja Y on kaks muutujat). Muutujal on sama palju fikseeritud väärtusi kui meil on selle muutuja kohta mõõtmisandmeid.

---

parameeter (parameter) - mudeli koefitsient, millele võib omistada suvalisi väärtusi. Parameetreid tuunides fitime mudeli võimalikult hästi sobituma andmetega.

Mudel on matemaatilise formalism, mis püüab kirjeldada füüsikalist protsessi. Statistilise mudeli struktuuris on komponent, mis kirjeldab ideaalseid ennustusi (nn protsessi mudel) ja eraldi veakomponent (ehk veamudel), mis kirjeldab looduse varieeruvust nende ideaalsete ennustuste ümber. Mudeli koostisosad on (i) muutuja, mille väärtusi ennustatakse, (ii), muutuja(d), mille väärtuste põhjal ennustatakse, (iii) parameetrid, mille väärtused fititakse ii põhjal ja (iv) konstandid.

0.9.3.2 Mudeli fittimine

Mudelid sisaldavad (1) matemaatilisi struktuure, mis määravad mudeli tüübi ning (2) parameetreid, mida saab andmete põhjal tuunida, niiviisi täpsustades mudeli kuju.

Seda tuunimist nimetatakse mudeli fittimiseks. Mudelit fittides on eesmärk saavutada antud tüüpi mudeli maksimaalne sobivus andmetega. Näiteks võrrand $y = a + bx$ määrab mudeli, kus $y = x$ on on see struktuur, mis tagab, et mudeli tüüp on sirge, ning a ja b on parameetrid, mis määravad sirge asendi. Seevastu struktuur $y = x + x^2$ tagab, et mudeli $y = a + b_1x + b_2x^2$ tüüp on parabool, ning parameetrite a, b_1 ja b~2 väärtused määravad selle parabooli täpse kuju. Ja nii edasi.

---

lineraarse mudeli parima sobivuse andmetega saab tagada kahel erineval viisil: (i) vähimruutude meetod mõõdab y telje suunaliselt iga andmepunkti kauguse mudeli ennustusest, võtab selle kauguse ruutu, summeerib kauguste ruudud ning leiab sirge asendi, mille korral see summa on minimaalne; (ii) Bayesi teoreem annab väheinformatiivse priori korral praktiliselt sama fiti.

Hea mudel on

(1) võimalikult lihtsa struktuuriga, mille põhjal on veel võimalik teha järeldusi protsessi kohta, mis genereeris mudeli fittimiseks kasutatud andmeid;

(2) sobitub piisavalt hästi andmetega (eriti uute andmetega, mida ei kasutatud selle mudeli fittimiseks), et olla relevantne andmeid genereeriva protsessi kirjeldus;

(3) genereerib usutavaid simuleeritud andmeid.

Sageli fititkse samade andmetega mitu erinevat tüüpi mudelit ja püütakse otsustada, milline neist vastab kõige paremini eeltoodud tingimustele. Näiteks, kui sirge suudab kaalu järgi pikkust ennustada paremini kui parabool, siis on sirge mudel paremas kooskõlas teadusliku hüpoteesiga, mis annaks mehhanismi protsessile, mille käigus kilode lisandumine viiks laias kaaluvahemikus inimeste pikkuse kasvule ilma, et pikkuse kasvu tempo kaalu tõustes langeks.

See, et teie andmed sobivad hästi mingi mudeliga, ei tähenda automaatselt, et see fakt oleks teaduslikult huvitav. Mudeli parameetrid on mõtekad mudeli matemaatilise kirjelduse kontekstis, aga mitte tingimata suure maailma põhjusliku seletamise kontekstis. Siiski, kui mudeli matemaatiline struktuur loodi andmeid genreeeriva loodusliku protsessi olemust silmas pidades, võib mudeli koefitsientide uurimisest selguda olulisi tõsiasju suure maailma kohta.

Mudeli fittimine: X ja Y saavad oma väärtused otse andmetest; parameetrid võivad omandada ükskõik millise väärtuse.

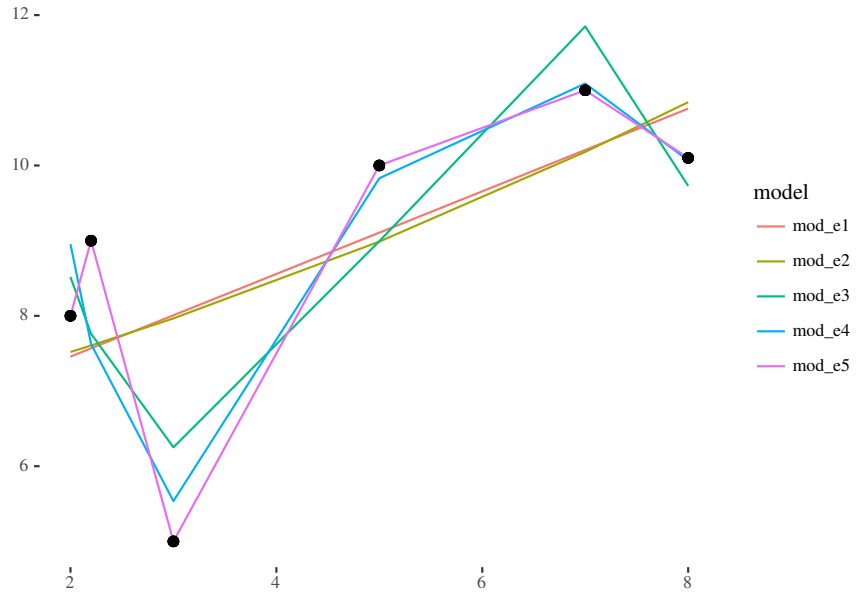
Fititud mudelist ennustamine: X-le saab omistada ükskõik millise väärtuse; parameetrite väärtused on fikseeritud; Y väärtus arvutatakse mudelist.

0.9.3.2.1 Üle- ja alafittimine

Osad mudelite tüübid on vähem paindlikud kui teised (parameetreid tuunides on neil vähem liikumisruumi). Kuigi sellised mudelid sobituvad halvemini andmetega, võivad need ikkagi paremini kui mõni paindlikum mudel välja tuua andmete peidetud olemuse. Mudeldamine eeldab, et me usume, et meie andmetes leidub nii müra (mida mudel võiks ignoreerida), kui signaal (mida mudel püüab tabada). Kuna mudeli jaoks näeb müra samamoodi välja, kui signaal, on iga mudel kompromiss üle- ja alafittimise vahel. Me lihtsalt loodame, et meie mudel on piisavalt jäik, et mitte liiga palju müra modelleerida ja samas piisavalt paindlik, et piisaval määral signaali tabada.

Üks kõige jäigemaid mudeleid on sirge, mis tähendab, et sirge mudel on suure tõenäosusega alafittitud. Keera sirget kuipalju tahad, ikka ei sobitu ta enamiku andmekogudega. Ja need vähesed andmekogud, mis sirge mudeliga sobivad, on genereeritud teatud tüüpi lineaarsete protsesside poolt. Sirge on seega üks kõige paremini tõlgendatavaid mudeleid. Teises äärmuses on polünoomsed mudelid, mis on väga paindlikud, mida on väga raske tõlgendada ja mille puhul esineb suur mudeli ülefittimise oht. Ülefititud mudel järgib nii täpselt valimiandmeid, et sobitub hästi valimis leiduva juhusliku müraga ning seetõttu sobitub halvasti järgmise valimiga samast populatsioonist (igal valimil on oma juhuslik müra). Üldiselt, mida rohkem on mudelis tuunitavaid parameetreid, seda paindlikum on mudel, seda kergem on seda valimiandmetega sobitada ja seda raskem on seda tõlgendada. Veelgi enam, alati on võimalik konstrueerida mudel, mis sobitub täiuslikult kõikide andmepunktidega (selle mudeli parameetrite arv = N). Selline mudel on täpselt sama informatiivne kui andmed, mille põhjal see fititi — ja täiesti kasutu.

```
dfr <- tibble(x = c(2, 3, 2.2, 5, 7, 8),
              y = c(8, 5, 9, 10, 11, 10.1))
```



Joonis 6: Kasvava paindlikusega polünoomsed mudelid. mod_e1 on sirge võrrand y = a + b_1x (2 parameetrit: a ja b_1), mod_e2 on lihtsaim võimalik polünoom: y= a + b_1x + b_2x^2 (3 parameetrit), ..., mod_e5: y= a + b_1x + b_2x^2 + b_3x^3 + b4x^4 + b5x^5 (6 parameetrit). mod_e5 vastab täpselt andmepunktidele (N = 6).

```
mod_e1 <- lm(y ~ x, data = dfr)
mod_e2 <- lm(y ~ poly(x, 2), data = dfr)
mod_e3 <- lm(y ~ poly(x, 3), data = dfr)
mod_e4 <- lm(y ~ poly(x, 4), data = dfr)
mod_e5 <- lm(y ~ poly(x, 5), data = dfr)

dfr %>%
  gather_predictions(mod_e1, mod_e2, mod_e3, mod_e4, mod_e5) %>%
  ggplot(aes(x, pred, colour = model)) +
  geom_line() +
  geom_point(aes(x, y), color = "black", size = 2) +
  theme(axis.title = element_blank())
```

Vähimruutude meetodil fititud mudeleid saame võrrelda AIC-i näitaja järgi. AIC - Akaike Informatsiooni Kriteerium - vaatab mudeli sobivust andmetega ja mudeli parameetrite arvu. Väikseim AIC tähitab parimat fitti väikseima parameetrite arvu juures (kompromissi) ja väikseima AIC-ga mudel on eelistatuim mudel. Aga seda ainult võrreldud mudelite hulgas. AIC-i absoluutväärtus ei loe - see on suhteline näitaja.

```
AIC(mod_e1, mod_e2, mod_e3, mod_e4, mod_e5)
#>        df  AIC
```

```
#> mod_e1  3 27.8
#> mod_e2  4 29.8
#> mod_e3  5 26.2
#> mod_e4  6 25.1
#> mod_e5  7 -Inf
```

AIC näitab, et parim mudel on mod_e4. Aga kas see on ka kõige kasulikum mudel? Mis siis, kui 3-s andmepunkt on andmesisestaja näpuviga?

```
Ülefittimise vältimiseks kasutavad Bayesi mudelid informatiivseid prioreid,
mis välistavad ekstreemsed parameetriväärtused.
Vt http://elevanth.org/blog/2017/08/22/there-is-always-prior-information/
```

0.9.3.3 kaks lineaarse mudeli laiendust.

0.9.3.3.1 mitme sõltumatu prediktoriga mudel

Esiteks vaatame mudelit, kus on mitu prediktorit x_1, x_2, ... xn, mis on additiivse mõjuga. See tähendab, et me liidame nende mõjud, mis omakorda tähendab, et me usume, et x_1...xn mõjud y-i väärtusele on üksteisest sõltumatud. Mudel on siis kujul

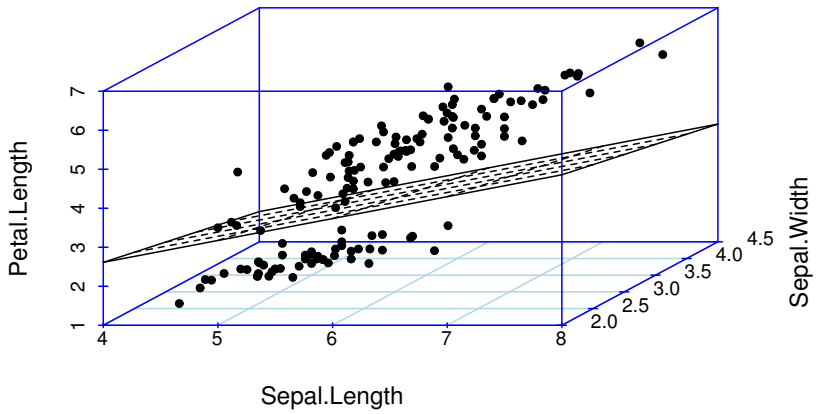
$$y = a + b_1x_1 + b_2x_2 + ... + bnxn$$

> mitme prediktoriga mudeli iga prediktori tõus (beta koefitsient) ütleb, mitme ühiku võrra ennustab mudel y muutumist juhul kui see prediktor muutub ühe ühiku võrra ja kõik teised prediktorid ei muutu üldse. Seega pole teiste (kollapseeritud) prediktorite absoluutväärtus ennustusel oluline.

Kui meie andmed on mõõdetud 3D-s ja me tahame ennnustada ühe muutuja väärtust kahe teise muutuja väärtuste põhjal (meil on 2 prediktorit), siis tuleb meie 3 parameetriga lineaarne regressioonimudel tasapinna kujul. Kui meil on 4 prediktoriga mudel, siis me liigume 4-mõõtmelisse ruumi, jne. 3D ruumi on veel võimalik mõistlikult plottida.

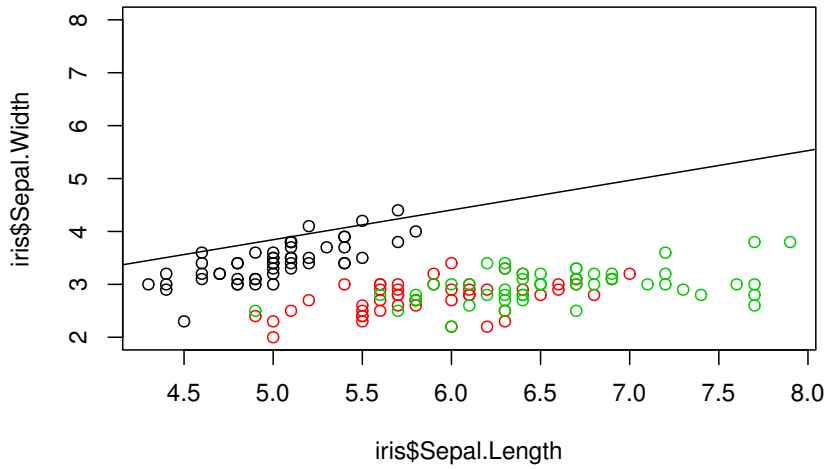
```
library(scatterplot3d)
# prepare a df of 3 cols:
# Sepal.Length -- Sepal.Width -- Petal.Length (x -- y -- z)
iris1 <- iris[, 1:3]
s3d <- scatterplot3d(iris1, angle = 55, scale.y = 0.7, pch = 20,
                     col.axis = "blue", col.grid = "lightblue" )
```

```
my.lm <- lm(Sepal.Width ~ Sepal.Length + Petal.Length, data = iris1)
s3d$plane3d(my.lm, lty.box = "solid")
```



Seda mudelit saab kaeda 2D ruumis, kui kollapseerida kolmas mõõde konstandile.

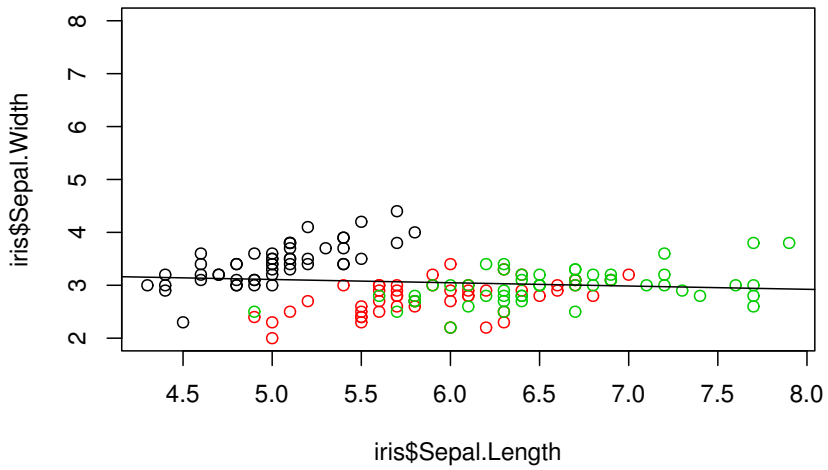
```
m1 <- lm(Sepal.Width ~ Sepal.Length + Petal.Length, data = iris)
plot(iris$Sepal.Width ~ iris$Sepal.Length, ylim = c(2, 8), col = iris$Species)
abline(m1)
#> Warning in abline(m1): only using the first two of 3
#> regression coefficients
```



Enam ei läbi sirge punkte, nagu ta seda 3D ruumis tegi.

Võrlduseks ühe prediktoriga mudel

```
m <- lm(Sepal.Width ~ Sepal.Length, data = iris)
plot(iris$Sepal.Width ~ iris$Sepal.Length, ylim = c(2, 8), col = iris$Species)
abline(m)
```



Nõnda võrdleme kahe mudeli koefitsiente

```
coef(m)
#>  (Intercept) Sepal.Length
#>       3.4189      -0.0619
coef(m1)
#>  (Intercept) Sepal.Length Petal.Length
#>        1.038        0.561       -0.335
```

Nagu näha, mudeli m b_1 koefitsient erineb oluliselt mudeli m1 vastavast koefitsiendist.

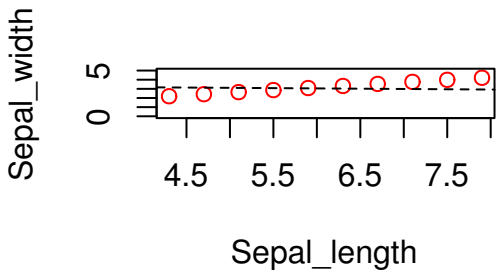
Kumb mudel on siis parem? AIC-i järgi on m1 kõvasti parem, kui m.

```
AIC(m, m1)
#>    df   AIC
#> m   3 179.5
#> m1  4  92.1
```

Ennustused sõltumatute prediktoritega mudelist

Siin on idee kasutada fititud mudeli struktuuri enustamaks y keskmisi väärtusi erinevatel x_1 ja x_2 väärtustel. Kuna mudel on fititud, on parameetrite väärtused fikseeritud.

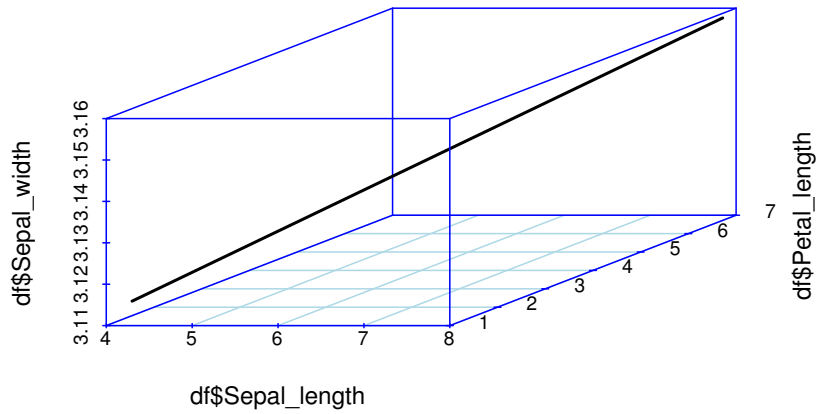
```
Sepal_length <- seq(min(iris$Sepal.Length),
                    max(iris$Sepal.Length),
                    length.out = 10)
Petal_length <-  mean(iris$Petal.Length)
a <- coef(m1)[1]
b1 <- coef(m1)[2]
b2 <- coef(m1)[3]
Sepal_width <- a + b1 * Sepal_length + b2 * Petal_length
plot(Sepal_width ~ Sepal_length,
     type = "b",
     ylim = c(0, 5),
     col = "red")
abline(c(coef(m)[1], coef(m)[2]), lty = 2) # prediction from the single predictor model
```



Nüüd joonistame 3D pildi olukorrast, kus nii x_1 kui x_2 omandavad rea väärtusi. Mudeli ennustus on ikkagi sirge kujul – mis sest, et 3D ruumis.

```
Sepal_length <- seq(min(iris$Sepal.Length),
                    max(iris$Sepal.Length),
                    length.out = 10)
Petal_length <- seq(min(iris$Petal.Length),
                    max(iris$Petal.Length),
                    length.out = 10)
a <- coef(m1)[1]
b1 <- coef(m1)[2]
b2 <- coef(m1)[3]
Sepal_width <- a + b1 * Sepal_length + b2 * Petal_length
df <- data.frame(Sepal_width = Sepal_width,
                 Sepal_length = Sepal_length,
                 Petal_length = Petal_length)
```

```
scatterplot3d(df$Sepal_length,
              df$Petal_length,
              df$Sepal_width,
              col.axis = "blue",
              col.grid = "lightblue",
              type = "l", lwd = 2)
```



0.9.3.4 Interaktsioonimudel - ühe prediktori mõju sõltub teise prediktori väärtusest

$y = a + b_1x_1 + b_2x_2 + b_3x_1x_2$

Interaktsioonimudeli koefitsientide tõlgendamine on keerulisem. b_1 on otse tõlgendatav ainult siis, kui x_2=0 (ja b_2 ainult siis, kui x_1=0). Hiljem õpime selliseid mudeleid graafiliselt tõlgendama. Mudeli koefitsientide otse tõlgendamine ei ole siin sageli perspektiivikas.

Interaktsioonimudelis sõltub x_1 mõju tugevus y-le x_2 väärtusest. Selle sõltuvuse määra kirjeldab b_3 (x_1 & x_2 interaktsiooni tugevus). Samamoodi ja sümmeetriliselt erineb ka x_2 mõju erinevatel x_1 väärtustel. Ainult siis, kui x_2 = 0, ennustab x_1 tõus 1 ühiku võrra y muutust b_1 ühiku võrra.

Interaktsioonimudeli 2D avaldus on kurvatuuriga tasapind, kusjuures kurvatuuri määrab b_3.

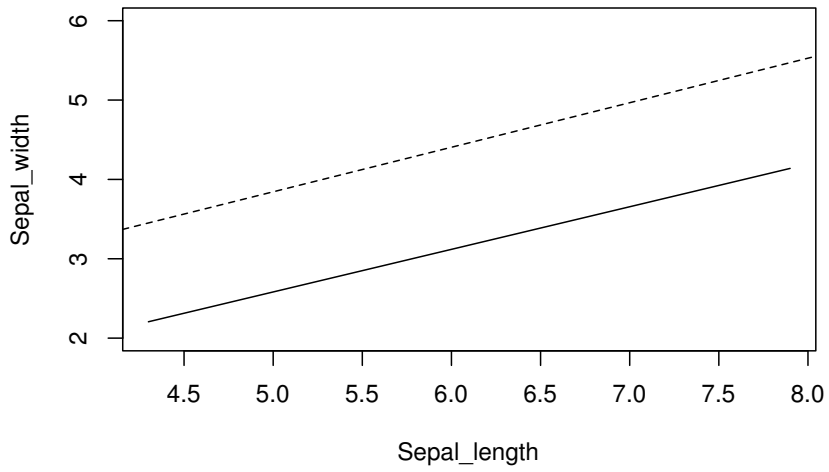
Interaktsiooniga mudel on AIC-i järgi pisut vähem eelistatud võrreldes m1-ga. Seega, eriti lihtsuse huvides, eelistame m1-e.

```
m2 <- lm(Sepal.Width~Sepal.Length +
           Petal.Length +
           Sepal.Length*Petal.Length, data = iris)
AIC(m, m1, m2)
#>    df   AIC
#> m   3 179.5
#> m1  4  92.1
#> m2  5  93.4
```

ennustused interaktsioonimudelist

Kõigepealt anname rea väärtusi x_1-le ja hoiame x_2 konstantsena.

```
Sepal_length <- seq(min(iris$Sepal.Length),
                    max(iris$Sepal.Length),
                    length.out = 100)
Petal_length <- mean(iris$Petal.Length)

a <- coef(m2)[1]
b1 <- coef(m2)[2]
b2 <- coef(m2)[3]
b3 <- coef(m2)[4]

Sepal_width <-   a + b1 * Sepal_length +
  b2 * Petal_length +
  b3 * Sepal_length * Petal_length

plot(Sepal_width ~ Sepal_length, type = "l", ylim = c(2, 6))
abline(m1, lty = 2)
#> Warning in abline(m1, lty = 2): only using the first
#> two of 3 regression coefficients
```



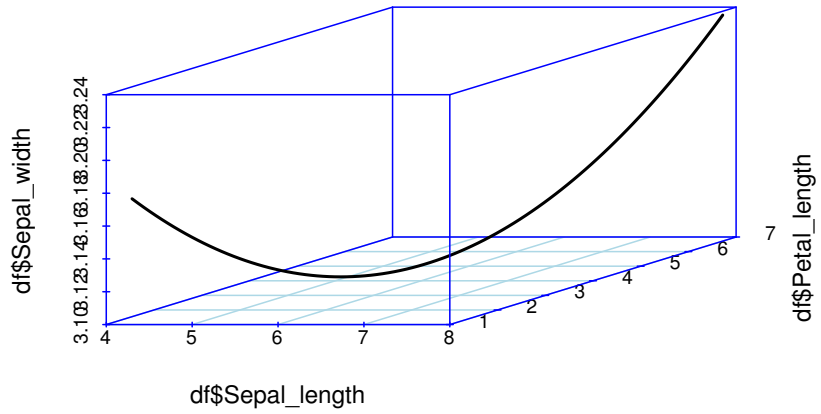
Tulemuseks on sirge, mis on paraleelne ilma interaktsioonita mudeli ennustusele (katkendjoon)

Nagu näha, korrutamistehe viib selleni, et interaktsioonimudeli tõus erineb ilma interaktsioonita mudeli tõusust.

Kui aga interaktsioonimudel plottida välja 3D-s üle paljude x_1 ja x_2 väärtuste, saame me regressioonikurvi (mitte sirge), kus b_3 annab kurvatuuri.

```
Sepal_length <- seq(min(iris$Sepal.Length),
                    max(iris$Sepal.Length),
                    length.out = 100)
Petal_length <- seq(min(iris$Petal.Length),
                    max(iris$Petal.Length),
                    length.out = 100)
a <- coef(m2)[1]
b1 <- coef(m2)[2]
b2 <- coef(m2)[3]
b3 <- coef(m2)[4]

Sepal_width <- a + b1 * Sepal_length +
  b2 * Petal_length +
  b3 * Sepal_length * Petal_length

df <- data.frame(Sepal_width = Sepal_width,
                 Sepal_length = Sepal_length,
                 Petal_length = Petal_length)
scatterplot3d(df$Sepal_length,
              df$Petal_length,
```

```
            df$Sepal_width,
            col.axis = "blue",
            col.grid = "lightblue",
            type = "l", lwd = 2)
```



Vau! See on alles ennustus!

Bibliography

Bååth, R. (2013). Bayesian first aid. *tba*.

Bååth, R. (2016). *bayesboot: An Implementation of Rubin's (1981) Bayesian Bootstrap*. R package version 0.2.1.

Bürkner, P.-C. (2017). brms: An R package for bayesian multilevel models using Stan. *Journal of Statistical Software*, 80(1):1–28.

Gabry, J. and Mahr, T. (2017). *bayesplot: Plotting for Bayesian Models*. R package version 1.4.0.

Gelman, A., Carlin, J. B., Stern, H. S., Dunson, D. B., Vehtari, A., and Rubin, D. B. (2014). *Bayesian data analysis*, volume 2. CRC press Boca Raton, FL.

Kruschke, J. (2015). *Doing Bayesian data analysis: A tutorial with R, JAGS, and Stan*. Academic Press / Elsevier, 2nd edition.

Marwick, B., Boettiger, C., and Mullen, L. (2017). Packaging data analytical work reproducibly using r (and friends). *PeerJ Preprints*, 5:e3192v1.

McElreath, R. (2015). *Statistical Rethinking: A Bayesian Course with Examples in R and Stan*. CRC Press.

McElreath, R. (2016). *rethinking: Statistical Rethinking book package*. R package version 1.59.

Stan Development Team (2016). *rstanarm: Bayesian applied regression modeling via Stan*. R package version 2.13.1.

Wickham, H., Danenberg, P., and Eugster, M. (2017). *roxygen2: In-Line Documentation for R*. R package version 6.0.1.