Manipulación de datos en R

tidyr y dplyr

Dr. Samuel D. Gamboa Tuz

Tidyverse

- El **tidyverse** es un "meta-paquete", una colección de paquetes de R para ciencia de datos que comparten cierta filosofía, gramática y estructura de datos: "tidydata" (https://www.tidyverse.org/). Los paquetes "core" son:

Paquete	Descripción
tibble	Alternativa al *data frame*.
readr	Funciones para importar datos.
ggplot2	Creación de gráficos.
tidyr	Cambios en la estructura de los datos (tidy).
dplyr	Tranformación y manipulación de datos.
purrr	Iteración sobre listas. Alternativa a *for loops* y *apply*.
forcats	Funciones para trabajar con factores.
stringr	Funciones para trabajar con caracteres (*strings*).

- Los paquetes **magrittr** y **readxl**, entre otros, también se encuentran incluidos al instalar el tidyverse.

- Se pueden cargar todos los paquetes del tidyverese con `library(tidyverse)`.

```
library(tidyverse)
search()
```

```
##  [1] ".GlobalEnv"        "package:gdtools"   "package:forcats"
##  [4] "package:stringr"   "package:dplyr"     "package:purrr"
##  [7] "package:readr"     "package:tidyr"     "package:tibble"
## [10] "package:ggplot2"   "package:tidyverse" "tools:rstudio"
## [13] "package:stats"     "package:graphics"  "package:grDevices"
## [16] "package:utils"     "package:datasets"  "package:methods"
## [19] "Autoloads"         "package:base"
```

- También se puede instalar y cargar cada paquete de manera individual si así se requiere.

magrittr - piping en R

- El paquete *magrittr* instala unos operadores tipo *pipe* (como el "|" de la terminal de linux). Buena alternativa para escribir funciones anidadas.

- El pipe más popular de magrittr es `%>%`, su shortcut en Rsutdio es Ctrl + Shit + M.

```
x <- rep(1:3, 100)
x %>%
  head() %>%
  unique() %>%
  as.character()
```

```
## [1] "1" "2" "3"
```

- Ayuda considerablemente a la legibilidad del código.

tidyr

pivot_longer, pitov_wider, separate, unite

Tidydata

- Cada variable va en una columna.
- Cada observación va en una fila.
- Cada valor tiene su propia celda.

Figura tomada de https://r4ds.had.co.nz/

`pivot_longer` - Cambiar a formato largo

- Los valores de una sola variable pueden estar dispersas en varias columnas (formato ancho):

```
maize_data <- readxl::read_excel("datasets.xlsx", sheet = 1)
maize_data
```

```
## # A tibble: 10 x 11
##    Area  `2009` `2010` `2011` `2012` `2013` `2014` `2015` `2016`
##    <chr>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>
##  1 Arge… 1.31e7 2.27e7 2.38e7 2.12e7 3.21e7 3.31e7 3.38e7 3.98e7
##  2 Braz… 5.07e7 5.54e7 5.57e7 7.11e7 8.03e7 7.99e7 8.53e7 6.42e7
##  3 China 1.64e8 1.78e8 1.93e8 2.06e8 2.19e8 2.16e8 2.65e8 2.64e8
##  4 Chin… 1.64e8 1.77e8 1.93e8 2.06e8 2.18e8 2.16e8 2.65e8 2.64e8
##  5 Fran… 1.55e7 1.40e7 1.59e7 1.54e7 1.50e7 1.83e7 1.37e7 1.18e7
##  6 India 1.67e7 2.17e7 2.18e7 2.23e7 2.43e7 2.42e7 2.26e7 2.59e7
##  7 Indo… 1.76e7 1.83e7 1.76e7 1.94e7 1.85e7 1.90e7 1.96e7 2.36e7
##  8 Mexi… 2.01e7 2.33e7 1.76e7 2.21e7 2.27e7 2.33e7 2.47e7 2.83e7
##  9 Ukra… 1.05e7 1.20e7 2.28e7 2.10e7 3.09e7 2.85e7 2.33e7 2.81e7
## 10 Unit… 3.32e8 3.16e8 3.13e8 2.73e8 3.51e8 3.61e8 3.45e8 4.12e8
## # … with 2 more variables: `2017` <dbl>, `2018` <dbl>
```

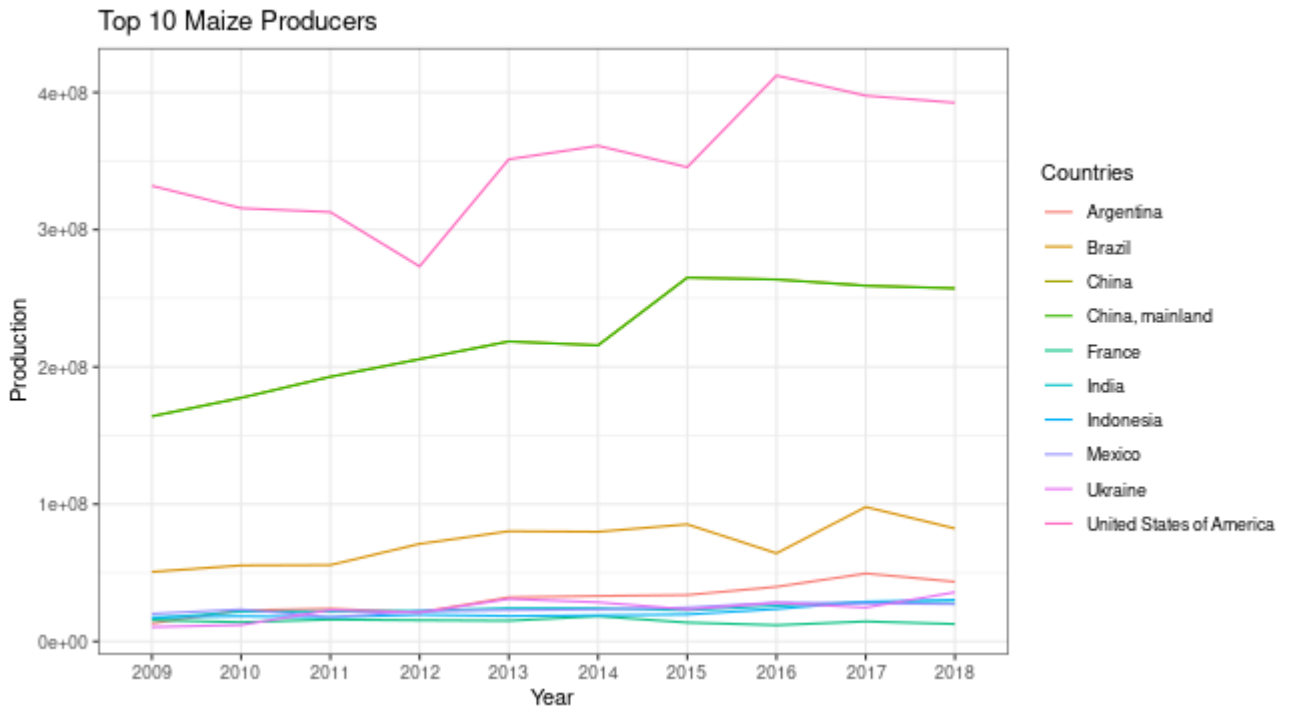
- Con `pivot_longer()` las podemos transformar a formato largo para poder graficar con ggplot2 (antes era `gather()`).

```
maize_data_long <- maize_data %>%  pivot_longer(names_to = "Year",
                             values_to = "Production",
                             cols =  `2009`:`2018`)
maize_data_long$Year <- factor(maize_data_long$Year)
maize_data_long
```

```
## # A tibble: 100 x 3
##    Area      Year  Production
##    <chr>     <fct>      <dbl>
##  1 Argentina 2009    13121380
##  2 Argentina 2010    22663095
##  3 Argentina 2011    23799830
##  4 Argentina 2012    21196637
##  5 Argentina 2013    32119211
##  6 Argentina 2014    33087165
##  7 Argentina 2015    33817744
##  8 Argentina 2016    39792854
##  9 Argentina 2017    49475895
## 10 Argentina 2018    43462323
## # … with 90 more rows
```

- Ahora ya podemos graficar con ggplot2:

```
ggplot(maize_data_long, aes(Year, Production,
                            color = Area, group = Area)) +
  geom_line() +
  labs(title = "Top 10 Maize Producers") +
  scale_color_discrete(name = "Countries") +
  theme_bw()
```



`pivot_wider()` - cambiar a formato ancho

- Supongamos que queremos visualizar los datos anteriores como un heatmap agrupado, podemos regresar los datos al formato ancho con `pivot_wider()` (antes era `spread()`).

```
maize_data_wide <- maize_data_long %>%
  pivot_wider(names_from = "Year", values_from = "Production")
maize_data_wide
```

```
## # A tibble: 10 x 11
##    Area  `2009` `2010` `2011` `2012` `2013` `2014` `2015` `2016`
##    <chr>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>
##  1 Arge… 1.31e7 2.27e7 2.38e7 2.12e7 3.21e7 3.31e7 3.38e7 3.98e7
##  2 Braz… 5.07e7 5.54e7 5.57e7 7.11e7 8.03e7 7.99e7 8.53e7 6.42e7
##  3 China 1.64e8 1.78e8 1.93e8 2.06e8 2.19e8 2.16e8 2.65e8 2.64e8
##  4 Chin… 1.64e8 1.77e8 1.93e8 2.06e8 2.18e8 2.16e8 2.65e8 2.64e8
##  5 Fran… 1.55e7 1.40e7 1.59e7 1.54e7 1.50e7 1.83e7 1.37e7 1.18e7
##  6 India 1.67e7 2.17e7 2.18e7 2.23e7 2.43e7 2.42e7 2.26e7 2.59e7
##  7 Indo… 1.76e7 1.83e7 1.76e7 1.94e7 1.85e7 1.90e7 1.96e7 2.36e7
##  8 Mexi… 2.01e7 2.33e7 1.76e7 2.21e7 2.27e7 2.33e7 2.47e7 2.83e7
##  9 Ukra… 1.05e7 1.20e7 2.28e7 2.10e7 3.09e7 2.85e7 2.33e7 2.81e7
## 10 Unit… 3.32e8 3.16e8 3.13e8 2.73e8 3.51e8 3.61e8 3.45e8 4.12e8
## # … with 2 more variables: `2017` <dbl>, `2018` <dbl>
```

Paréntesis: covertir de tibble a matrix

- Por lo general, el input para un heatmap es una matriz, no un data frame o tibble.
- Para ello es necesario convertir con `as.matrix()`, pero no se puede hacer en un solo *call* desde un tibble porque **no reconoce rownames**:

```
maize_data_matrix <- as.matrix(maize_data_wide[,-1]) # Matriz
rownames(maize_data_matrix) <- maize_data_wide[[1]] # Nombres
maize_data_matrix %>% class()
```

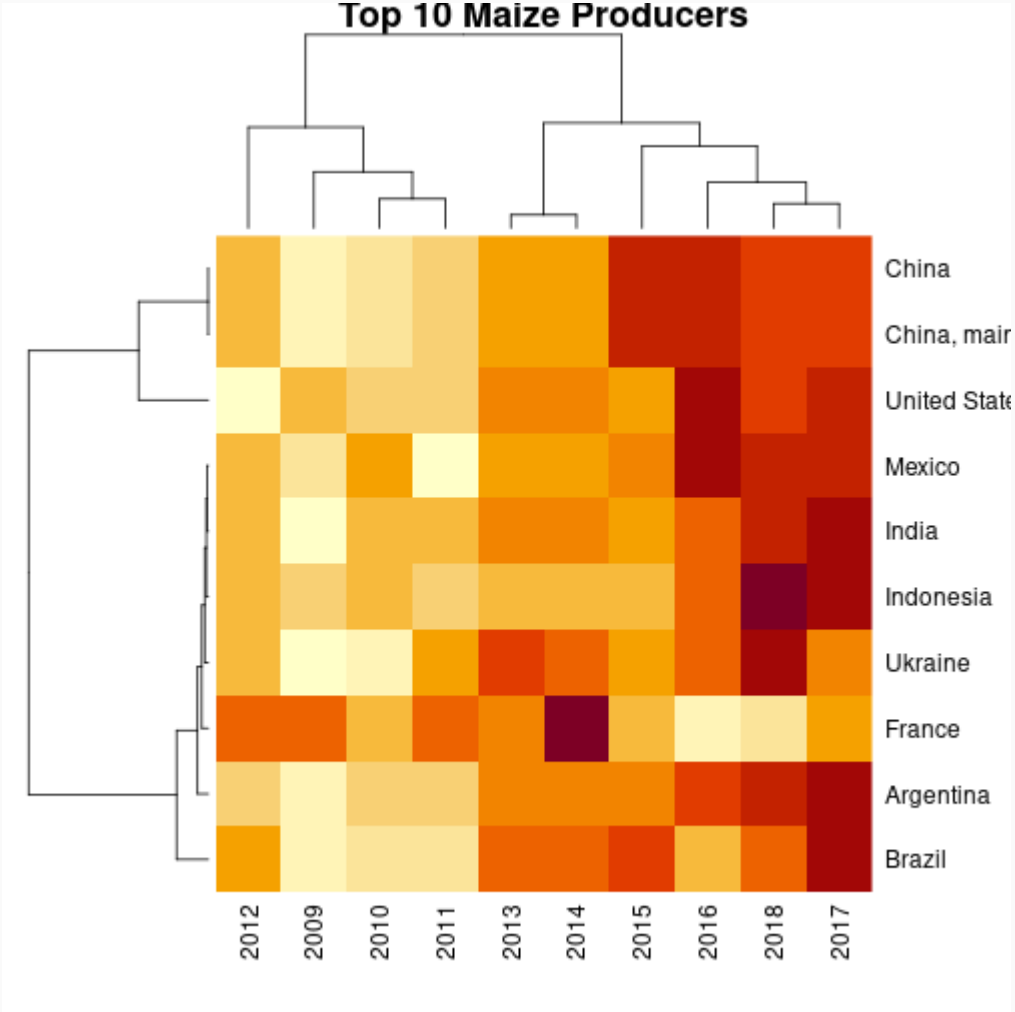
```
## [1] "matrix" "array"
```

```
maize_data_matrix %>% head(4)
```

```
##                    2009      2010      2011      2012      2013
## Argentina       13121380  22663095  23799830  21196637  32119211
## Brazil          50719822  55364271  55660235  71072810  80273172
## China          164107560 177540788 192904232 205719284 218621905
## China, mainland 163974000 177425000 192781000 205614100 218489000
##                    2014      2015      2016      2017      2018
## Argentina       33087165  33817744  39792854  49475895  43462323
## Brazil          79881614  85283074  64188314  97910658  82288298
## China          215812100 265157307 263777750 259256299 257348659
## China, mainland 215646300 264992000 263613000 259071000 257173900
```

- Ejemplo de heatmap:

```
heatmap(maize_data_matrix, main = "Top 10 Maize Producers")
```



Separar columnas con `separate()`

- En el siguiente ejemplo, podemos separar la columna "species" en las columnas "genera" y "species" con `separate()`:

```
plants <- readxl::read_excel("datasets.xlsx", sheet = 2)
plants %>% head(3)
```

```
## # A tibble: 3 x 4
##   group       group_color species                   genome_size
##   <chr>       <chr>       <chr>                           <dbl>
## 1 Green algae #8f9a9b     Chlamydomonas reinhardtii         110
## 2 Green algae #8f9a9b     Volvox carteri                    138
## 3 Bryophytes  #008933     Physcomitrella patens             472
```

```
plants_separated <- plants %>%
  separate(species, c("genera", "species"), sep = " ", remove = TRUE)
plants_separated %>% head(3)
```

```
## # A tibble: 3 x 5
##   group       group_color genera         species     genome_size
##   <chr>       <chr>       <chr>          <chr>             <dbl>
## 1 Green algae #8f9a9b     Chlamydomonas  reinhardtii         110
## 2 Green algae #8f9a9b     Volvox         carteri             138
## 3 Bryophytes  #008933     Physcomitrella patens              472
```

Unir columnas con `unite()`

- Podermos unir las columnas de nuevo con `unite()`:

```
plants_separated %>%
  unite("species", c("genera", "species"), sep = " ", remove = TRUE)
```

```
## # A tibble: 35 x 4
##    group            group_color species                 genome_size
##    <chr>            <chr>       <chr>                         <dbl>
##  1 Green algae      #8f9a9b     Chlamydomonas reinhard…         110
##  2 Green algae      #8f9a9b     Volvox carteri                  138
##  3 Bryophytes       #008933     Physcomitrella patens           472
##  4 Bryophytes       #008933     Selaginella moellendor…         100
##  5 Basal Angiosper… #a52a2a     Amborella trichopoda            870
##  6 Magnoliids       #ff8330     Cinnamomum kanehirae            823
##  7 Monocots         #00d958     Zostera marina                  202
##  8 Monocots         #00d958     Lemna minor                     481
##  9 Monocots         #00d958     Spirodela polyrhiza             158
## 10 Monocots         #00d958     Xerophyta viscosa               295
## # … with 25 more rows
```

dplyr

filter and select, arrange, mutate, group_by, summarise, join

Subset con `filter()` y `select()`

- dplyr tiene dos funciones que pueden ayudarte a filtrar filas y seleccionar columnas como si estuvieras haciendo un subset, pero de manera más clara y versátil.

- Carguemos los datos crudos del dataset de palmer penguins:

```
penguins_filename <- paste0("https://raw.githubusercontent.com/",
                            "rfordatascience/tidytuesday/master/data/",
                            "2020/2020-07-28/penguins_raw.csv")
penguins_raw <- read_csv(penguins_filename)
penguins_raw %>% head(5)
```

```
## # A tibble: 5 x 17
##   studyName `Sample Number` Species Region Island Stage
##   <chr>               <dbl> <chr>   <chr>  <chr>  <chr>
## 1 PAL0708                 1 Adelie… Anvers Torge… Adul…
## 2 PAL0708                 2 Adelie… Anvers Torge… Adul…
## 3 PAL0708                 3 Adelie… Anvers Torge… Adul…
## 4 PAL0708                 4 Adelie… Anvers Torge… Adul…
## 5 PAL0708                 5 Adelie… Anvers Torge… Adul…
## # … with 11 more variables: `Individual ID` <chr>, `Clutch
## #   Completion` <chr>, `Date Egg` <date>, `Culmen Length
## #   (mm)` <dbl>, `Culmen Depth (mm)` <dbl>, `Flipper Length
## #   (mm)` <dbl>, `Body Mass (g)` <dbl>, Sex <chr>, `Delta 15 N
## #   (o/oo)` <dbl>, `Delta 13 C (o/oo)` <dbl>, Comments <chr>
```

- El dataset contiene varias columnas que no nos serían útil y en la columa "Sex" hay algunos valores con NA. Filtremos esos valores y seleccionemos solo las columnas que necesitamos.

- Con base R podría ser:

```
select_columns <- c("Sample Number", "Species", "Island",
                    "Date Egg", "Culmen Length (mm)",
                    "Culmen Depth (mm)", "Flipper Length (mm)",
                    "Body Mass (g)", "Sex")
penguins1 <- penguins_raw[!is.na(penguins_raw$Sex), select_columns]
penguins1 %>% head(3)
```

```
## # A tibble: 3 x 9
##   `Sample Number` Species Island `Date Egg` `Culmen Length …
##             <dbl> <chr>   <chr>  <date>                <dbl>
## 1               1 Adelie… Torge… 2007-11-11             39.1
## 2               2 Adelie… Torge… 2007-11-11             39.5
## 3               3 Adelie… Torge… 2007-11-16             40.3
## # … with 4 more variables: `Culmen Depth (mm)` <dbl>, `Flipper
## #   Length (mm)` <dbl>, `Body Mass (g)` <dbl>, Sex <chr>
```

- Con dplyr podría ser:

```
penguins2 <- penguins_raw %>%
  filter(!is.na(Sex)) %>%
  select("Sample Number", "Species", "Island", "Date Egg",
         matches("(\\(mm\\))|\\(g\\)"), "Sex") #tidyselect
penguins2 %>% head(3)
```

```
## # A tibble: 3 x 9
##   `Sample Number` Species Island `Date Egg` `Culmen Length …
##             <dbl> <chr>   <chr>  <date>                <dbl>
## 1               1 Adelie… Torge… 2007-11-11             39.1
## 2               2 Adelie… Torge… 2007-11-11             39.5
## 3               3 Adelie… Torge… 2007-11-16             40.3
## # … with 4 more variables: `Culmen Depth (mm)` <dbl>, `Flipper
## #   Length (mm)` <dbl>, `Body Mass (g)` <dbl>, Sex <chr>
```

- Con dplyr también puede ser fácil renombrar:

```
penguins <- penguins2 %>% rename(
  Sample = "Sample Number", Date = "Date Egg",
  Culm_len = "Culmen Length (mm)", Culm_dep = "Culmen Depth (mm)",
  Flip_len = "Flipper Length (mm)", Mass = "Body Mass (g)")
names(penguins)
```

```
## [1] "Sample"   "Species"  "Island"   "Date"     "Culm_len"
## [6] "Culm_dep" "Flip_len" "Mass"     "Sex"
```

Reordena las filas con `arrange()`

- Podemos invertir el orden de las muestras con:

```
penguins %>% arrange(desc(Sample)) %>% head(3)
```

```
## # A tibble: 3 x 9
##   Sample Species Island Date       Culm_len Culm_dep Flip_len  Mass
##    <dbl> <chr>   <chr>  <date>        <dbl>    <dbl>    <dbl> <dbl>
## 1    152 Adelie… Dream  2009-11-17     41.5     18.5      201  4000
## 2    151 Adelie… Dream  2009-11-17     36       17.1      187  3700
## 3    150 Adelie… Dream  2009-11-17     37.8     18.1      193  3750
## # … with 1 more variable: Sex <chr>
```

- Podemos ordenar de acuerdo a varias variables con:

```
penguins_reordered <- penguins %>%
  arrange(Sex, Culm_len)
penguins_reordered %>% head(3)
```

```
## # A tibble: 3 x 9
##   Sample Species Island Date       Culm_len Culm_dep Flip_len  Mass
##    <dbl> <chr>   <chr>  <date>        <dbl>    <dbl>    <dbl> <dbl>
## 1    143 Adelie… Dream  2009-11-16     32.1     15.5      188  3050
## 2     99 Adelie… Dream  2008-11-10     33.1     16.1      178  2900
## 3     71 Adelie… Torge… 2008-11-14     33.5     19        190  3600
## # … with 1 more variable: Sex <chr>
```

Modifica o crea nuevas variables con `mutate()`

- `mutate()` puede utilizarse para modificar o crear varias variables a la vez:

```
penguins <- penguins %>%
  separate(Species, c("Common_name", "Species"),
           sep = " \\(", remove = TRUE) %>%
  mutate(
    Common_name = str_remove(Common_name, "(P|p)enguin"),
    Species = str_remove(Species, "\\)$"),
    Sex = ifelse(Sex == "FEMALE", "F", "M"),
    Year = as.numeric(format(Date,'%Y'))
  ) %>%
  select("Sample", "Common_name", "Species", "Island", "Year",
         everything(), -Date)
penguins %>% head(5)
```

```
## # A tibble: 5 x 10
##   Sample Common_name Species Island  Year Culm_len Culm_dep
##    <dbl> <chr>       <chr>   <chr>  <dbl>    <dbl>    <dbl>
## 1      1 "Adelie "   Pygosc… Torge…  2007     39.1     18.7
## 2      2 "Adelie "   Pygosc… Torge…  2007     39.5     17.4
## 3      3 "Adelie "   Pygosc… Torge…  2007     40.3     18
## 4      5 "Adelie "   Pygosc… Torge…  2007     36.7     19.3
## 5      6 "Adelie "   Pygosc… Torge…  2007     39.3     20.6
## # … with 3 more variables: Flip_len <dbl>, Mass <dbl>, Sex <chr>
```

`group_by` y `summarise()`

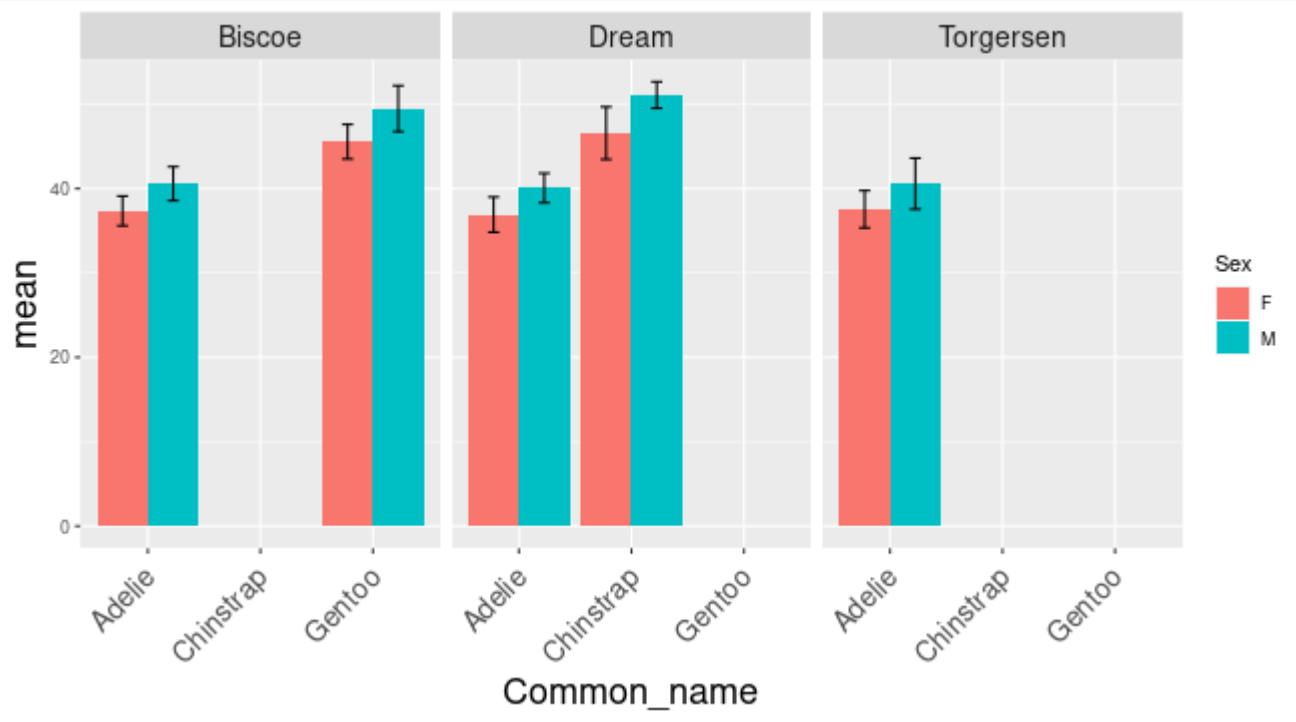
- Podermos crear resúmenes de nuestros datos (media, desviación estándar, etc.) por grupos combinando `group_by()` y `summarise()`:

```
penguins_summary <- penguins %>%
  group_by(Island, Common_name, Sex) %>%
  summarise(
    mean = mean(Culm_len, na.rm = TRUE),
    sd = sd(Culm_len, na.rm = TRUE),
    n = n()
  ) %>%
  ungroup() # No olvidar ungroup()
penguins_summary %>% head(5)
```

```
## # A tibble: 5 x 6
##   Island Common_name Sex    mean    sd     n
##   <chr>  <chr>       <chr> <dbl> <dbl> <int>
## 1 Biscoe "Adelie "   F      37.4  1.76    22
## 2 Biscoe "Adelie "   M      40.6  2.01    22
## 3 Biscoe "Gentoo "   F      45.6  2.05    58
## 4 Biscoe "Gentoo "   M      49.5  2.72    61
## 5 Dream  "Adelie "   F      36.9  2.09    27
```

- Ahora podemos graficar los datos fácilmente con ggplot2:

```
penguins_summary %>%
  ggplot(aes(Common_name, mean, fill = Sex)) +
  geom_col(position = "dodge") +
  geom_errorbar(aes(ymin = mean - sd, ymax = mean + sd),
                width = 0.2, position = position_dodge(0.9)) +
  facet_wrap(~Island) +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1, size = 14),
        axis.title = element_text(size = 18),
        strip.text = element_text(size = 14))
```



count()

- Si únicamente queremos contar los elmentos por grupo, podemos usar `count()`.
- Es un shortcut de `group_by() %>% summarise(n = n()) %>% ungroup()`:

```
penguins %>%
  count(Island, Common_name, Sex)
```

```
## # A tibble: 10 x 4
##    Island    Common_name  Sex       n
##    <chr>     <chr>        <chr> <int>
##  1 Biscoe    "Adelie "    F        22
##  2 Biscoe    "Adelie "    M        22
##  3 Biscoe    "Gentoo "    F        58
##  4 Biscoe    "Gentoo "    M        61
##  5 Dream     "Adelie "    F        27
##  6 Dream     "Adelie "    M        28
##  7 Dream     "Chinstrap " F        34
##  8 Dream     "Chinstrap " M        34
##  9 Torgersen "Adelie "    F        24
## 10 Torgersen "Adelie "    M        23
```

Uniendo datasets con `*_join()`

- A veces tenemos dos datasets con diferente tipo de información pero relacionados por una o más variables. Por ejemplo, resultados de una búsqueda con ncbi-blast:

```
blast_output <- readxl::read_excel("datasets.xlsx", sheet = "BLAST")
head(blast_output, 2)
```

```
## # A tibble: 2 x 4
##   subject       identity    evalue score
##   <chr>            <dbl>     <dbl> <dbl>
## 1 ath_AT5G47130    100   3.85e-135   381
## 2 AlyrAL7G37010     59.4 1.26e- 71   223
```

- ...y datos de las especies (en este caso plantas) de las secuencias:

```
species_data <- readxl::read_excel("datasets.xlsx", sheet = "PLANTS2")
head(species_data, 2)
```

```
## # A tibble: 2 x 4
##   sp    group       group_color species
##   <chr> <chr>       <chr>       <chr>
## 1 crei  Green algae #8f9a9b     Chlamydomonas reinhardtii
## 2 vcar  Green algae #8f9a9b     Volvox carteri
```

- Antes de unir, el resultado de blast necesita unas modificaciones:

1) Remover duplicados:

```
blast_output %>%
  count(subject) %>%
  arrange(desc(n)) %>% head(3)
```

```
## # A tibble: 3 x 2
##   subject             n
##   <chr>           <int>
## 1 spe_01g035900.1     4
## 2 ach_Achn067781      2
## 3 cchi_rna34811       2
```

```
blast_output <- blast_output %>%
  group_by(subject) %>%
  slice_max(identity) %>%
  ungroup()
head(blast_output, 3)
```

```
## # A tibble: 3 x 4
##   subject              identity   evalue score
##   <chr>                   <dbl>    <dbl> <dbl>
## 1 aal_AALBA5B1011210P1     45.6 7.41e- 9  56.2
## 2 aal_AALBA5B1054303P1     46.9 1.66e-51 172
## 3 aar_AA147G00007          51.5 8.68e-32 118
```

```
blast_output %>%
  count(subject) %>%
  arrange(desc(n)) %>% head(3)
```

```
## # A tibble: 3 x 2
##   subject                  n
##   <chr>                <int>
## 1 aal_AALBA5B1011210P1     1
## 2 aal_AALBA5B1054303P1     1
## 3 aar_AA147G00007          1
```

2) Crear un identificador único para unir con la columna "sp" de species_data:

```
blast_output <- blast_output %>%
  mutate(id = str_extract(subject, "^....") %>% str_remove("_$")) %>%
  select(id, everything())
head(blast_output, 3)
```

```
## # A tibble: 3 x 5
##   id    subject              identity   evalue score
##   <chr> <chr>                   <dbl>    <dbl> <dbl>
## 1 aal   aal_AALBA5B1011210P1     45.6 7.41e- 9  56.2
## 2 aal   aal_AALBA5B1054303P1     46.9 1.66e-51 172
## 3 aar   aar_AA147G00007          51.5 8.68e-32 118
```

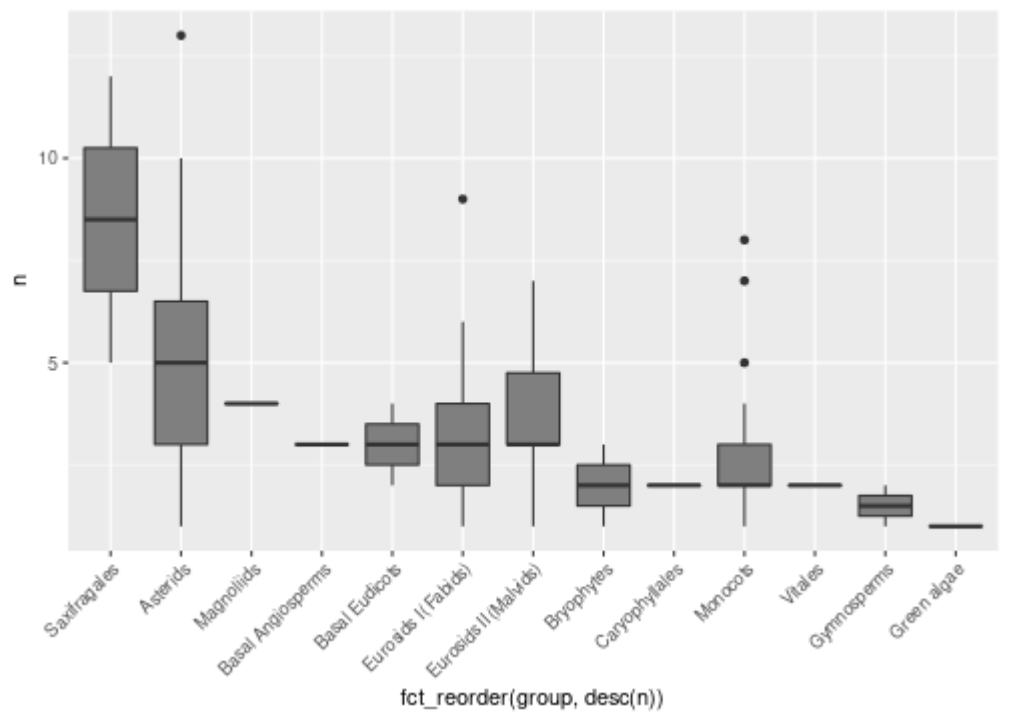
- Ahora podemos añadir los datos de las especies a las secuencias que encontramos por blast:

```
joined_data <- left_join(blast_output, species_data,
                         by = c("id" = "sp"))
joined_data
```

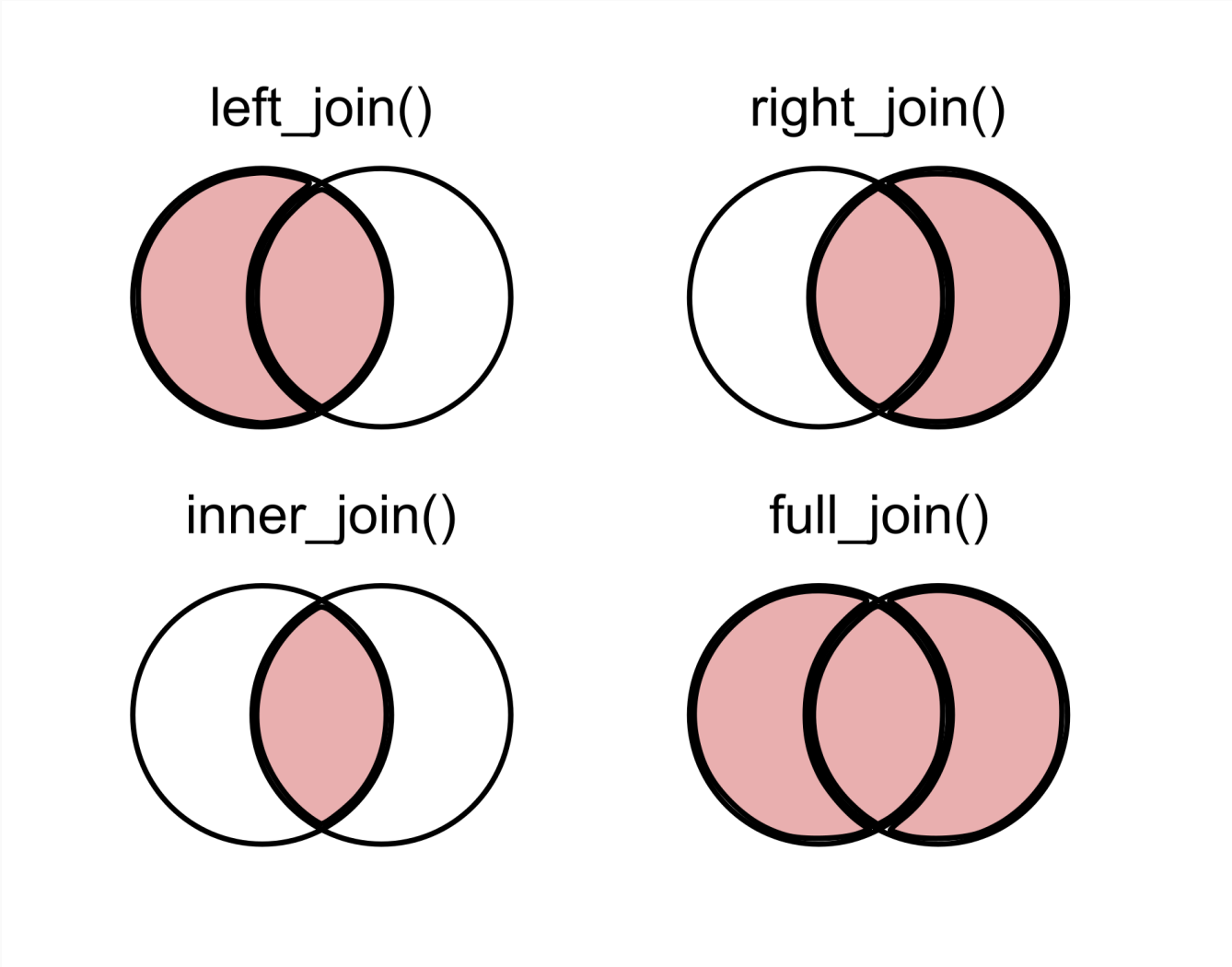
```
## # A tibble: 470 x 8
##    id    subject  identity   evalue score group group_color species
##    <chr> <chr>       <dbl>    <dbl> <dbl> <chr> <chr>       <chr>
##  1 aal   aal_AAL…     45.6 7.41e- 9  56.2 Gymn… #b5b35c     Abies …
##  2 aal   aal_AAL…     46.9 1.66e-51 172   Gymn… #b5b35c     Abies …
##  3 aar   aar_AA1…     51.5 8.68e-32 118   Euro… #e80060     Aethio…
##  4 aar   aar_AA1…     58.2 1.51e-63 202   Euro… #e80060     Aethio…
##  5 aar   aar_AA5…     51.3 1.06e-52 176   Euro… #e80060     Aethio…
##  6 ach   ach_Ach…     55.7 1.59e-22 100   Aste… #00ccb4     Actini…
##  7 ach   ach_Ach…     48.1 6.64e-24 102   Aste… #00ccb4     Actini…
##  8 ach   ach_Ach…     26.1 1.70e+ 0  35.8 Aste… #00ccb4     Actini…
##  9 ach   ach_Ach…     57.6 4.94e-43 148   Aste… #00ccb4     Actini…
## 10 ach   ach_Ach…     58.2 6.97e-25 104   Aste… #00ccb4     Actini…
## # … with 460 more rows
```

- ... y podemos ver cuantas secucencias obtuvimos por especie o grupo:

```
joined_data %>%
  count(group, species) %>%
  ggplot(aes(fct_reorder(group, desc(n)), n)) +
  geom_boxplot(fill = "gray50") +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1))
```



Hay otros tipos de join

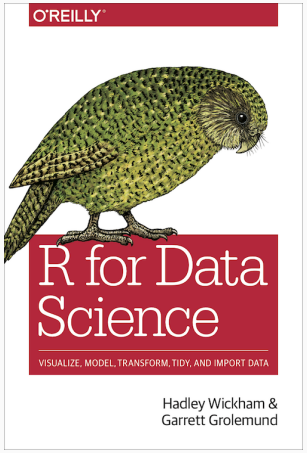


Actividades recomendadas

- ¿Cómo se utilizan las funciones `complete()` y `fill()` del paquete tidyr para lidiar con NAs?
- Investiga sobre **grouped mutates**.
- Investiga acerca **tidyselect**.
- Compara `casen_when()` (dplyr) con `ifelse()` (base).
- Investiga `bind_rows()` y `bind_cols()`.
- Investiga sobre el paquete **stringr** y expresiones regulares en R para manipular datos de tipo *character*.
- Practica con los diferentes tipos de `*join_()`.

Bibliografía recomendada

R for data Science - Hadley Wickham



Capítulos 5, 12 y 13

https://r4ds.had.co.nz/