R : Introduction à R — Analyse R | Cours 5

Ményssa Cherifa-Luron

2023-09-15

Contents

Introduction

Ce cours vous guide à travers les fondamentaux de l'importation de données en R, en couvrant divers formats de fichiers tels que les fichiers texte, CSV et Excel. Vous apprendrez à utiliser des fonctions comme `readLines`, `read.csv`, et `readxl` pour charger des données dans votre environnement R depuis diverses sources externes.

Par la suite, le cours se concentre sur la gestion de données en utilisant le package `dplyr`, un outil puissant et flexible pour la manipulation de données. Vous explorerez des concepts clés tels que l'opérateur `%>%` pour chaîner les commandes, ainsi que diverses fonctions avancées pour la sélection, le filtrage, la manipulation de colonnes, le groupement, le tri, et les jointures. Des techniques d'aggrégation conditionnelle et d'opérations complexes seront également abordées.

À travers des exemples pratiques, notamment avec le jeu de données `starwars`, ce cours vise à renforcer vos compétences en matière de préparation et d'analyse de données, vous rendant ainsi plus apte à tirer des insights pertinents de vos ensembles de données.

Organisation

Contenu du Cours : - Démonstrations - Exercices

Ressources

- Rbloggers : Blog Populaire sur le langage R
- Datacamp : Plateforme d'apprentissage de la data science interactive
- Big Book of R : Edition qui rassemble des livres open-source sur le langage R
- Introduction accélérée au langage R pour la data science : L'essentiel et plus de tout ce que nous verrons

Importation de données externes

Voici une explication détaillée des scripts R que vous avez fournis, qui traitent de l'importation de données externes et de l'aperçu des données dans le contexte du jeu de données `starwars`.

Importation de Données txt avec `readLines`

```r
texte <- readLines("../data/orgueil_et_prejuges.txt", encoding = "UTF-8")
```

Importation de Données CSV avec `read.csv`

```r
# Importation d'un fichier CSV
bike <- read.csv("../data/Animation.csv", header = TRUE, sep = ";")
```

- `read.csv` est une fonction de base en R pour lire les fichiers CSV.
- `header = TRUE` indique que la première ligne du fichier contient les noms des colonnes.
- `sep = ";"` spécifie que le séparateur de colonnes dans le fichier CSV est un point-virgule.

Figure 1: Illustration du langage R par DALL-E

Importation de Données Excel avec `readxl`

```r
# Importation d'un fichier Excel
library(readxl)

bike2 <- read_excel("../data/BikeSalesAnalysis.xlsx", sheet = "BikeSales")
```

- `read_excel` est une fonction du package `readxl`, utilisée pour lire des fichiers Excel.
- `sheet = "BikeSales"` spécifie le nom de la feuille de calcul à importer.

```r
# Récupération des noms des feuilles dans un fichier Excel
liste_noms <- excel_sheets("../data/BikeSalesAnalysis.xlsx")
```

- `excel_sheets` est utilisée pour lister toutes les feuilles disponibles dans un fichier Excel.

Data Management avec Dplyr

Aperçu des Données : Starwars

```r
library(tidyverse)
```

```r
# Ouvre un aperçu interactif de la dataframe
View(starwars)
```

- `View` ouvre une fenêtre interactive pour visualiser la dataframe `starwars`. C'est utile pour explorer les données de manière graphique.

Exploration des Données avec `glimpse`

- `glimpse` est une fonction du package `dplyr` qui fournit un aperçu rapide de la structure d'une dataframe, y compris les noms des colonnes, les types de données et les premières valeurs de chaque colonne.

```r
# Aperçu structuré des données
glimpse(starwars)
```

```
## Rows: 87
## Columns: 14
## $ name       <chr> "Luke Skywalker", "C-3PO", "R2-D2", "Darth Vader", "Leia Or~
## $ height     <int> 172, 167, 96, 202, 150, 178, 165, 97, 183, 182, 188, 180, 2~
## $ mass       <dbl> 77.0, 75.0, 32.0, 136.0, 49.0, 120.0, 75.0, 32.0, 84.0, 77.~
## $ hair_color <chr> "blond", NA, NA, "none", "brown", "brown, grey", "brown", N~
## $ skin_color <chr> "fair", "gold", "white, blue", "white", "light", "light", "~
## $ eye_color  <chr> "blue", "yellow", "red", "yellow", "brown", "blue", "blue",~
## $ birth_year <dbl> 19.0, 112.0, 33.0, 41.9, 19.0, 52.0, 47.0, NA, 24.0, 57.0, ~
## $ sex        <chr> "male", "none", "none", "male", "female", "male", "female",~
## $ gender     <chr> "masculine", "masculine", "masculine", "masculine", "femini~
```

```
## $ homeworld  <chr> "Tatooine", "Tatooine", "Naboo", "Tatooine", "Alderaan", "T~
## $ species    <chr> "Human", "Droid", "Droid", "Human", "Human", "Human", "Huma~
## $ films      <list> <"The Empire Strikes Back", "Revenge of the Sith", "Return~
## $ vehicles   <list> <"Snowspeeder", "Imperial Speeder Bike">, <>, <>, <>, "Imp~
## $ starships  <list> <"X-wing", "Imperial shuttle">, <>, <>, "TIE Advanced x1",~
```

L'opérateur : "%>%"

La programmation avec le "pipe" en R, symbolisée par l'opérateur `%>%`, est une technique populaire pour chaîner des opérations de manière lisible.

Cet opérateur, popularisé par le package `magrittr` et largement utilisé avec `dplyr`, permet de transférer le résultat d'une expression vers une autre, rendant le code plus lisible et évitant la création de multiples variables temporaires.

Les fonctions avancées

Les fonctions avancées utilisées avec l'opérateur `%>%` dans R, en particulier avec le package `dplyr`, offrent des capacités étendues pour manipuler et analyser des ensembles de données de manière efficace et intuitive.

Voici un aperçu de quelques-unes de ces fonctions :

Sélection et Filtrage Avancés

- `select()` : Permet de choisir des colonnes spécifiques dans un data frame. Peut être utilisée avec des fonctions comme `contains()`, `starts_with()`, `ends_with()`, et `matches()` pour sélectionner des colonnes basées sur des motifs dans leurs noms.

```
# Sélectionner toutes les colonnes SAUF 'name' : select()
starwars %>%
  select(-name)
```

```
## # A tibble: 87 x 13
##    height  mass hair_color    skin_color  eye_color birth_year sex    gender
##     <int> <dbl> <chr>         <chr>       <chr>          <dbl> <chr>  <chr>
##  1    172    77 blond         fair        blue            19   male   masculine
##  2    167    75 <NA>          gold        yellow         112   none   masculine
##  3     96    32 <NA>          white, blue red             33   none   masculine
##  4    202   136 none          white       yellow          41.9 male   masculine
##  5    150    49 brown         light       brown           19   female feminine
##  6    178   120 brown, grey   light       blue            52   male   masculine
##  7    165    75 brown         light       blue            47   female feminine
##  8     97    32 <NA>          white, red  red             NA   none   masculine
##  9    183    84 black         light       brown           24   male   masculine
## 10    182    77 auburn, white fair        blue-gray       57   male   masculine
## # i 77 more rows
## # i 5 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
## #   vehicles <list>, starships <list>
```

```
# Sélectionner uniquement les colonnes 'name' et 'skin color'
starwars %>%
  select(name, skin_color)
```

```
## # A tibble: 87 x 2
##    name               skin_color
##    <chr>              <chr>
##  1 Luke Skywalker     fair
##  2 C-3PO              gold
##  3 R2-D2              white, blue
##  4 Darth Vader        white
##  5 Leia Organa        light
##  6 Owen Lars          light
##  7 Beru Whitesun lars light
##  8 R5-D4              white, red
##  9 Biggs Darklighter  light
## 10 Obi-Wan Kenobi     fair
## # i 77 more rows
```

```
# Sélectionner uniquement les colonnes contenant un "_" : contains("_")
starwars %>%
  select(contains("_"))
```

```
## # A tibble: 87 x 4
##    hair_color    skin_color  eye_color birth_year
##    <chr>         <chr>       <chr>          <dbl>
##  1 blond         fair        blue            19
##  2 <NA>          gold        yellow         112
##  3 <NA>          white, blue red             33
##  4 none          white       yellow          41.9
##  5 brown         light       brown           19
##  6 brown, grey   light       blue            52
##  7 brown         light       blue            47
##  8 <NA>          white, red  red             NA
##  9 black         light       brown           24
## 10 auburn, white fair        blue-gray       57
## # i 77 more rows
```

```
# Sélectionner uniquement les colonnes commençant par "s" : starts_with("s")
starwars %>%
  select(starts_with("s"))
```

```
## # A tibble: 87 x 4
##    skin_color  sex    species starships
##    <chr>       <chr>  <chr>   <list>
##  1 fair        male   Human   <chr [2]>
##  2 gold        none   Droid   <chr [0]>
##  3 white, blue none   Droid   <chr [0]>
##  4 white       male   Human   <chr [1]>
##  5 light       female Human   <chr [0]>
##  6 light       male   Human   <chr [0]>
##  7 light       female Human   <chr [0]>
##  8 white, red  none   Droid   <chr [0]>
##  9 light       male   Human   <chr [1]>
## 10 fair        male   Human   <chr [5]>
## # i 77 more rows
```

```r
# Sélectionner la colonne 'name' et toutes les colonnes se terminant par "color" :
#  ends_with("color")
starwars %>%
  select(ends_with("color"))
```

```
## # A tibble: 87 x 3
##    hair_color    skin_color  eye_color
##    <chr>         <chr>       <chr>
##  1 blond         fair        blue
##  2 <NA>          gold        yellow
##  3 <NA>          white, blue red
##  4 none          white       yellow
##  5 brown         light       brown
##  6 brown, grey   light       blue
##  7 brown         light       blue
##  8 <NA>          white, red  red
##  9 black         light       brown
## 10 auburn, white fair        blue-gray
## # i 77 more rows
```

- **`filter()`** : Utilisée pour extraire des lignes qui satisfont certaines conditions. Supporte les opérateurs logiques (`&`, `|`) et peut être utilisée pour des comparaisons complexes.

```r
# Filtrer les personnages dont l'espèce est "Human" : filter()
starwars %>%
  filter(species  == "Human")
```

```
## # A tibble: 35 x 14
##    name     height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
##    <chr>     <int> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
##  1 Luke Sk~    172    77 blond      fair       blue            19   male  mascu~
##  2 Darth V~    202   136 none       white      yellow          41.9 male  mascu~
##  3 Leia Or~    150    49 brown      light      brown           19   fema~ femin~
##  4 Owen La~    178   120 brown, gr~ light      blue            52   male  mascu~
##  5 Beru Wh~    165    75 brown      light      blue            47   fema~ femin~
##  6 Biggs D~    183    84 black      light      brown           24   male  mascu~
##  7 Obi-Wan~    182    77 auburn, w~ fair       blue-gray       57   male  mascu~
##  8 Anakin ~    188    84 blond      fair       blue            41.9 male  mascu~
##  9 Wilhuff~    180    NA auburn, g~ fair       blue            64   male  mascu~
## 10 Han Solo    180    80 brown      fair       brown           29   male  mascu~
## # i 25 more rows
## # i 5 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
## #   vehicles <list>, starships <list>
```

```r
# Filtrer et supprimer le personnage "Jabba Desilijic Tiure"
starwars %>%
  filter(name  != "Jabba Desilijic Tiure")
```

```
## # A tibble: 86 x 14
##    name     height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
##    <chr>     <int> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
```

```
##  1 Luke Sk~    172    77 blond      fair       blue            19   male  mascu~
##  2 C-3PO       167    75 <NA>       gold       yellow         112   none  mascu~
##  3 R2-D2        96    32 <NA>       white, bl~ red             33   none  mascu~
##  4 Darth V~    202   136 none       white      yellow          41.9 male  mascu~
##  5 Leia Or~    150    49 brown      light      brown           19   fema~ femin~
##  6 Owen La~    178   120 brown, gr~ light      blue            52   male  mascu~
##  7 Beru Wh~    165    75 brown      light      blue            47   fema~ femin~
##  8 R5-D4        97    32 <NA>       white, red red             NA   none  mascu~
##  9 Biggs D~    183    84 black      light      brown           24   male  mascu~
## 10 Obi-Wan~    182    77 auburn, w~ fair       blue-gray       57   male  mascu~
## # i 76 more rows
## # i 5 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
## #   vehicles <list>, starships <list>
```

```
# Filtrer les personnages dont l'espèce est soit "Human", soit "Droid"
starwars %>%
  filter(species ==  "Human" | species == "Droid")
```

```
## # A tibble: 41 x 14
##    name     height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
##    <chr>     <int> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
##  1 Luke Sk~    172    77 blond      fair       blue            19   male  mascu~
##  2 C-3PO       167    75 <NA>       gold       yellow         112   none  mascu~
##  3 R2-D2        96    32 <NA>       white, bl~ red             33   none  mascu~
##  4 Darth V~    202   136 none       white      yellow          41.9 male  mascu~
##  5 Leia Or~    150    49 brown      light      brown           19   fema~ femin~
##  6 Owen La~    178   120 brown, gr~ light      blue            52   male  mascu~
##  7 Beru Wh~    165    75 brown      light      blue            47   fema~ femin~
##  8 R5-D4        97    32 <NA>       white, red red             NA   none  mascu~
##  9 Biggs D~    183    84 black      light      brown           24   male  mascu~
## 10 Obi-Wan~    182    77 auburn, w~ fair       blue-gray       57   male  mascu~
## # i 31 more rows
## # i 5 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
## #   vehicles <list>, starships <list>
```

```
# Filtrer les personnages de l'espèce "Human" et sélectionner uniquement
# les colonnes 'name', 'height' et 'birth_year'
starwars %>%
  filter(species  == "Human") %>%
  select(name, height, birth_year)
```

```
## # A tibble: 35 x 3
##    name               height birth_year
##    <chr>               <int>      <dbl>
##  1 Luke Skywalker        172       19
##  2 Darth Vader           202       41.9
##  3 Leia Organa           150       19
##  4 Owen Lars             178       52
##  5 Beru Whitesun lars    165       47
##  6 Biggs Darklighter     183       24
##  7 Obi-Wan Kenobi        182       57
##  8 Anakin Skywalker      188       41.9
##  9 Wilhuff Tarkin        180       64
```

```
## 10 Han Solo              180       29
## # i 25 more rows
```

Manipulation de colonnes

- **`separate()`** : Divise une colonne en plusieurs colonnes en fonction d'un séparateur spécifié, ce qui est utile pour séparer les noms complets en prénoms et noms de famille, par exemple.

```
# Séparer la colonne 'name' en plusieurs colonnes
# (prénom, deuxième prénom, troisième prénom) en utilisant l'espace comme séparateur ;
starwars %>%
  separate(name, c("prenom", "nom"), sep = " ")
```

```
## Warning: Expected 2 pieces. Additional pieces discarded in 7 rows [7, 16, 18, 29, 34,
## 60, 65].
```

```
## Warning: Expected 2 pieces. Missing pieces filled with `NA` in 24 rows [2, 3, 8, 13, 15,
## 19, 20, 22, 23, 25, 26, 38, 39, 46, 49, 58, 63, 64, 73, 77, ...].
```

```
## # A tibble: 87 x 15
##    prenom  nom     height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex
##    <chr>   <chr>    <int> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr>
##  1 Luke    Skywal~    172    77 blond      fair       blue            19   male
##  2 C-3PO   <NA>       167    75 <NA>       gold       yellow         112   none
##  3 R2-D2   <NA>        96    32 <NA>       white, bl~ red             33   none
##  4 Darth   Vader      202   136 none       white      yellow          41.9 male
##  5 Leia    Organa     150    49 brown      light      brown           19   fema~
##  6 Owen    Lars       178   120 brown, gr~ light      blue            52   male
##  7 Beru    Whites~    165    75 brown      light      blue            47   fema~
##  8 R5-D4   <NA>        97    32 <NA>       white, red red             NA   none
##  9 Biggs   Darkli~    183    84 black      light      brown           24   male
## 10 Obi-Wan Kenobi     182    77 auburn, w~ fair       blue-gray       57   male
## # i 77 more rows
## # i 6 more variables: gender <chr>, homeworld <chr>, species <chr>,
## #   films <list>, vehicles <list>, starships <list>
```

- **`mutate()`** : Ajoute de nouvelles colonnes ou modifie des colonnes existantes. Par exemple, vous pouvez l'utiliser pour calculer de nouvelles valeurs à partir des données existantes.
- **`transmute()`** : Semblable à `mutate()`, mais ne garde que les nouvelles colonnes créées.

Calcul de l'Indice de Masse Corporelle (BMI)

Le BMI (Indice de Masse Corporelle) est calculé en divisant la masse (en kilogrammes) par le carré de la hauteur (en mètres).

```
starwars %>%
  select(mass, height) %>%
  mutate(bmi = mass / (height / 100)^2)
```

```
## # A tibble: 87 x 3
##     mass height   bmi
##    <dbl>  <int> <dbl>
##  1    77    172  26.0
##  2    75    167  26.9
##  3    32     96  34.7
##  4   136    202  33.3
##  5    49    150  21.8
##  6   120    178  37.9
##  7    75    165  27.5
##  8    32     97  34.0
##  9    84    183  25.1
## 10    77    182  23.2
## # i 77 more rows
```

```
starwars %>%
  select(name, mass, height) %>%
  transmute(bmi = mass / (height / 100)^2)
```

```
## # A tibble: 87 x 1
##      bmi
##    <dbl>
##  1  26.0
##  2  26.9
##  3  34.7
##  4  33.3
##  5  21.8
##  6  37.9
##  7  27.5
##  8  34.0
##  9  25.1
## 10  23.2
## # i 77 more rows
```

```
# Replace() remplace toutes les occurrences de 41.9 dans la colonne birth_year par 41.
starwars %>%
  mutate(birth_year = replace(birth_year, birth_year == 41.9, 41))
```

```
## # A tibble: 87 x 14
##    name     height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
##    <chr>     <int> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
##  1 Luke Sk~    172    77 blond      fair       blue              19 male  mascu~
##  2 C-3PO       167    75 <NA>       gold       yellow           112 none  mascu~
##  3 R2-D2        96    32 <NA>       white, bl~ red               33 none  mascu~
##  4 Darth V~    202   136 none       white      yellow            41 male  mascu~
##  5 Leia Or~    150    49 brown      light      brown             19 fema~ femin~
##  6 Owen La~    178   120 brown, gr~ light      blue              52 male  mascu~
##  7 Beru Wh~    165    75 brown      light      blue              47 fema~ femin~
##  8 R5-D4        97    32 <NA>       white, red red               NA none  mascu~
##  9 Biggs D~    183    84 black      light      brown             24 male  mascu~
## 10 Obi-Wan~    182    77 auburn, w~ fair       blue-gray         57 male  mascu~
## # i 77 more rows
## # i 5 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
```

```
## #   vehicles <list>, starships <list>
```

- **rename()** : Renommer les colonnes d'un data frame.

```
# Renommer les colonnes 'height' et 'mass' en 'height_cm' et 'mass_kg' : rename()
starwars %>%
  rename("height_cm" = "height",
         "mass_kg" = "mass") %>%
  select(height_cm, mass_kg)
```

```
## # A tibble: 87 x 2
##    height_cm mass_kg
##        <int>   <dbl>
##  1       172      77
##  2       167      75
##  3        96      32
##  4       202     136
##  5       150      49
##  6       178     120
##  7       165      75
##  8        97      32
##  9       183      84
## 10       182      77
## # i 77 more rows
```

Groupement et Résumé

- **group_by()** : Permet de regrouper les données par une ou plusieurs colonnes. Très utile pour les analyses ultérieures qui nécessitent des calculs par groupe.
- **summarise()** : Utilisée pour créer des résumés statistiques des groupes de données. Elle peut être utilisée pour calculer des moyennes, des sommes, des médianes, etc., sur des groupes spécifiés par group_by().

```
starwars %>%
  group_by(species) %>%
  summarise(
    average_height = mean(height, na.rm = TRUE),
    average_mass = mean(mass, na.rm = TRUE),
    count = n()
  )
```

```
## # A tibble: 38 x 4
##    species   average_height average_mass count
##    <chr>              <dbl>        <dbl> <int>
##  1 Aleena                79           15       1
##  2 Besalisk             198          102       1
##  3 Cerean               198           82       1
##  4 Chagrian             196          NaN       1
##  5 Clawdite             168           55       1
##  6 Droid                131.          69.8     6
##  7 Dug                  112           40       1
```

```
##  8 Ewok                 88          20       1
##  9 Geonosian           183          80       1
## 10 Gungan              209.         74       3
## # i 28 more rows
```

Dans cet exemple : - `group_by(species)` regroupe les données par l'espèce. - `summarise()` est utilisé pour calculer les moyennes de la taille et de la masse pour chaque groupe d'espèces. `na.rm = TRUE` est utilisé pour exclure les valeurs manquantes (`NA`) des calculs. - `n()` est utilisé pour compter le nombre de personnages dans chaque groupe d'espèces.

```r
# Regrouper les données par 'species' et 'hair_color'
starwars %>%
  group_by(species, hair_color) %>%
  summarise(count = n(), .groups = 'drop')
```

```
## # A tibble: 52 x 3
##    species   hair_color count
##    <chr>     <chr>      <int>
##  1 Aleena    none           1
##  2 Besalisk  none           1
##  3 Cerean    white          1
##  4 Chagrian  none           1
##  5 Clawdite  blonde         1
##  6 Droid     none           3
##  7 Droid     <NA>           3
##  8 Dug       none           1
##  9 Ewok      brown          1
## 10 Geonosian none           1
## # i 42 more rows
```

Dans cet exemple : - `group_by(species, hair_color)` regroupe les données à la fois par l'espèce et la couleur des cheveux. - `summarise(count = n(), .groups = 'drop')` calcule le nombre de personnages (`n()`) pour chaque combinaison d'espèce et de couleur de cheveux. L'option `.groups = 'drop'` est utilisée pour éviter que le résultat ne soit regroupé, ce qui facilite sa manipulation ultérieure. - `head(starwars_hair_color)` affiche les premières lignes du résultat pour avoir un aperçu.

Tri et Organisation

- **`arrange()`** : Trie les données en fonction d'une ou plusieurs colonnes. Peut être utilisée avec `desc()` pour un tri décroissant.

```r
# Tri ascendant par la colonne 'height'
starwars_sorted_by_height <- starwars %>%
  arrange(height)
```

```r
# Tri décroissant par la colonne 'mass'
starwars_sorted_by_mass <- starwars %>%
  arrange(desc(mass))
```

Jointures

Les fonctions de jointure dans `dplyr` permettent de combiner des data frames en fonction de colonnes clés, de manière similaire aux jointures dans SQL. Voici des exemples pour chaque type de jointure : `inner_join()`, `left_join()`, `right_join()`, et `full_join()`. Pour ces exemples, imaginons deux data frames simplifiés : `df1` et `df2`.

```
# Data frames exemples
df1 <- data.frame(id = c(1, 2, 3), nom = c("Alice", "Bob", "Carol"))
df2 <- data.frame(id = c(2, 3, 4), ville = c("Paris", "Lyon", "Marseille"))
```

`inner_join()`

`inner_join()` retourne toutes les lignes de `df1` et `df2` ayant des valeurs correspondantes dans les colonnes clés.

```
result_inner <- inner_join(df1, df2, by = "id")
```

Dans cet exemple, `result_inner` contient les lignes de `df1` et `df2` où les `id` correspondent.

`left_join()`

`left_join()` retourne toutes les lignes de `df1` et toutes les colonnes de `df1` et `df2`. Les lignes de `df2` sont incluses seulement si leurs clés correspondent à celles de `df1`.

```
result_left <- left_join(df1, df2, by = "id")
```

Ici, `result_left` contient toutes les lignes de `df1` avec les informations correspondantes de `df2`.

`right_join()`

`right_join()` fonctionne comme `left_join()`, mais il retourne toutes les lignes de `df2` et toutes les colonnes de `df1` et `df2`.

```
result_right <- right_join(df1, df2, by = "id")
```

`result_right` contient toutes les lignes de `df2` avec les informations correspondantes de `df1`.

`full_join()`

`full_join()` combine `df1` et `df2` en incluant toutes les lignes de `df1` et `df2`, même si les clés ne correspondent pas.

```
result_full <- full_join(df1, df2, by = "id")
```

`result_full` contient toutes les lignes de `df1` et `df2`, avec des valeurs `NA` pour les données manquantes.

Aggrégation Conditionnelle et Opérations Plus Complexes

- **`summarise_at()`, `mutate_at()`, `if_else()`** : Permettent de réaliser des opérations sur un ensemble de colonnes spécifiées ou d'appliquer des conditions complexes.

`summarise_at()` est utilisée pour appliquer une ou plusieurs fonctions de résumé à un ensemble de colonnes spécifiées.

```r
# Calculer la moyenne et l'écart-type pour certaines colonnes numériques
starwars %>%
  summarise_at(vars(height, mass), list(mean = ~mean(., na.rm = TRUE),
                                        sd = ~sd(., na.rm = TRUE)))
```

```
## # A tibble: 1 x 4
##   height_mean mass_mean height_sd mass_sd
##         <dbl>     <dbl>     <dbl>   <dbl>
## 1        174.      97.3      34.8    169.
```

Dans cet exemple, `summarise_at()` calcule la moyenne (`mean`) et l'écart-type (`sd`) pour les colonnes `height` et `mass`, en excluant les valeurs `NA`.

`mutate_at()` est utilisée pour appliquer une fonction à un ensemble de colonnes spécifiées.

```r
# Normaliser les colonnes 'height' et 'mass'
starwars %>%
  mutate_at(vars(height, mass), ~(. - mean(., na.rm = TRUE)) / sd(., na.rm = TRUE))
```

```
## # A tibble: 87 x 14
##    name   height    mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
##    <chr>   <dbl>   <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
##  1 Luke~ -0.0678 -0.120  blond      fair       blue            19   male  mascu~
##  2 C-3PO -0.212  -0.132  <NA>       gold       yellow         112   none  mascu~
##  3 R2-D2 -2.25   -0.385  <NA>       white, bl~ red             33   none  mascu~
##  4 Dart~  0.795   0.228  none       white      yellow          41.9 male  mascu~
##  5 Leia~ -0.701  -0.285  brown      light      brown           19   fema~ femin~
##  6 Owen~  0.105   0.134  brown, gr~ light      blue            52   male  mascu~
##  7 Beru~ -0.269  -0.132  brown      light      blue            47   fema~ femin~
##  8 R5-D4 -2.22   -0.385  <NA>       white, red red             NA   none  mascu~
##  9 Bigg~  0.249  -0.0786 black      light      brown           24   male  mascu~
## 10 Obi-~  0.220  -0.120  auburn, w~ fair       blue-gray       57   male  mascu~
## # i 77 more rows
## # i 5 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
## #   vehicles <list>, starships <list>
```

Ici, `mutate_at()` normalise les valeurs des colonnes `height` et `mass` (soustraction de la moyenne et division par l'écart-type).

`if_else()` est une version vectorisée et type-safe de la fonction `ifelse()`.

```r
# Créer une nouvelle colonne 'height_category'
starwars %>%
  mutate(height_category = if_else(height > 170, "tall", "short", missing = "unknown"))
```

```
## # A tibble: 87 x 15
##    name     height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
##    <chr>     <int> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
##  1 Luke Sk~    172    77 blond      fair       blue            19   male  mascu~
##  2 C-3PO       167    75 <NA>       gold       yellow         112   none  mascu~
##  3 R2-D2        96    32 <NA>       white, bl~ red             33   none  mascu~
##  4 Darth V~    202   136 none       white      yellow          41.9 male  mascu~
```

```
##  5 Leia Or~    150    49 brown      light      brown           19   fema~ femin~
##  6 Owen La~    178   120 brown, gr~ light      blue            52   male  mascu~
##  7 Beru Wh~    165    75 brown      light      blue            47   fema~ femin~
##  8 R5-D4        97    32 <NA>       white, red red             NA   none  mascu~
##  9 Biggs D~    183    84 black      light      brown           24   male  mascu~
## 10 Obi-Wan~    182    77 auburn, w~ fair       blue-gray       57   male  mascu~
## # i 77 more rows
## # i 6 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
## #   vehicles <list>, starships <list>, height_category <chr>
```

Dans cet exemple, `if_else()` est utilisée pour créer une nouvelle colonne `height_category` basée sur la condition si la `height` est supérieure à 170. Si oui, la catégorie est "tall", sinon "short". En cas de valeurs `NA`, la catégorie est définie comme "unknown".

Lien entre Dplyr et ggplot2

`dplyr` et `ggplot2` sont deux des packages les plus populaires en R pour la manipulation de données et la visualisation, respectivement. Ils font tous deux partie de l'écosystème de packages développé sous l'égide du projet `tidyverse`, créé par Hadley Wickham et d'autres. Voici les principaux aspects de leur relation et interaction :

Philosophie Commune : Tidyverse

1. **Approche Tidyverse :** `dplyr` et `ggplot2` adhèrent à la philosophie du "tidyverse", qui encourage une syntaxe cohérente et lisible, et un format de données ("tidy data") où chaque colonne est une variable et chaque ligne est une observation. Cette approche facilite grandement la manipulation et la visualisation des données.

2. **Pipelines et Lisibilité :** Les deux packages utilisent l'opérateur pipe `%>%` pour enchaîner des commandes de manière fluide, ce qui rend le code plus lisible et logique. Par exemple, avec `dplyr`, on peut transformer des données puis les passer directement à `ggplot2` pour la visualisation.

Lien Direct dans le Workflow d'Analyse

Dans un workflow typique d'analyse de données en R : 1. **Manipulation :** Les données sont d'abord manipulées et explorées à l'aide de `dplyr`. Par exemple, on peut grouper des données, calculer des résumés statistiques ou filtrer des sous-ensembles de données.

2. **Visualisation :** Ensuite, les données transformées sont visualisées avec `ggplot2`. La nature intégrée de ces deux packages permet un transfert fluide des données manipulées directement vers les fonctions de graphique.

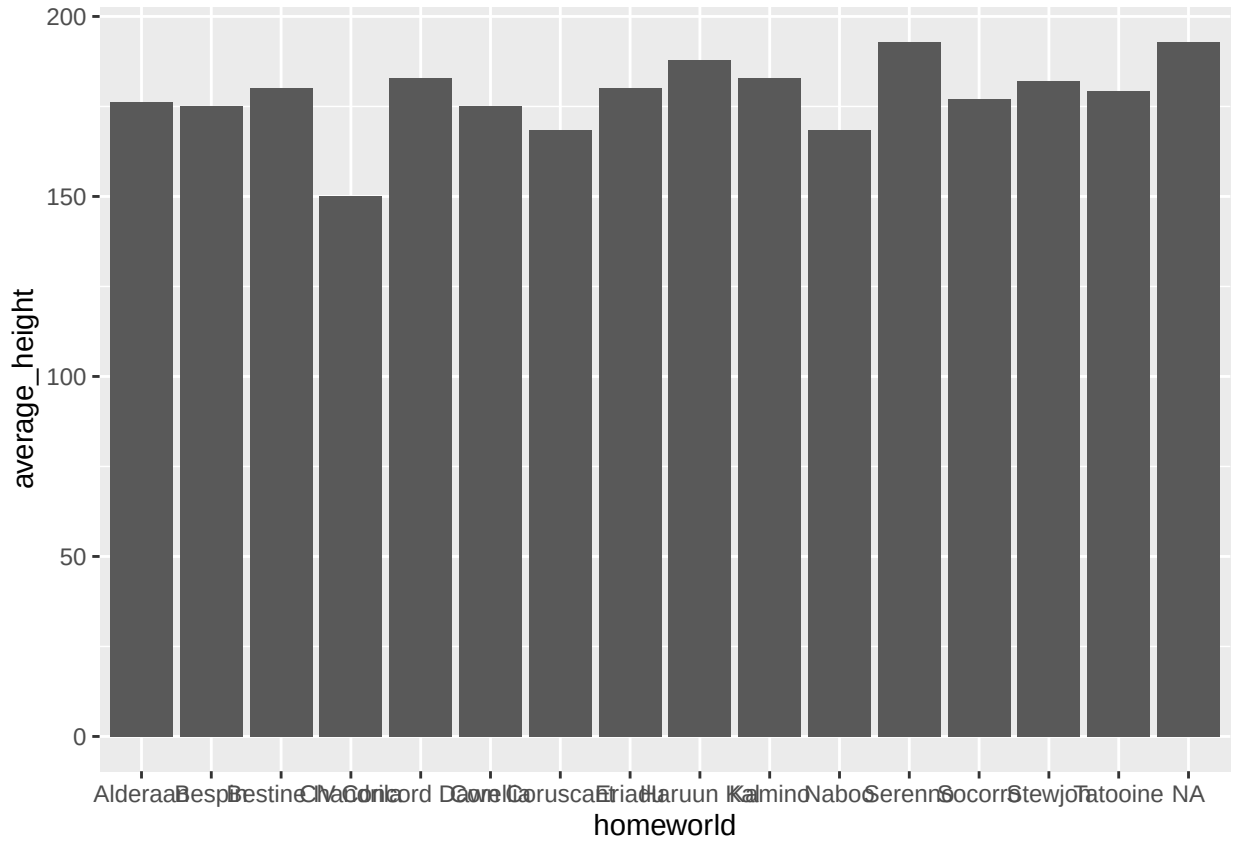
Exemple de Workflow

```r
library(dplyr)
library(ggplot2)

# Manipulation des données avec dplyr
```

```r
data_processed <- starwars %>%
  filter(species == "Human") %>%
  group_by(homeworld) %>%
  summarize(average_height = mean(height, na.rm = TRUE))

# Visualisation avec ggplot2
ggplot(data_processed, aes(x = homeworld, y = average_height)) +
  geom_col()
```

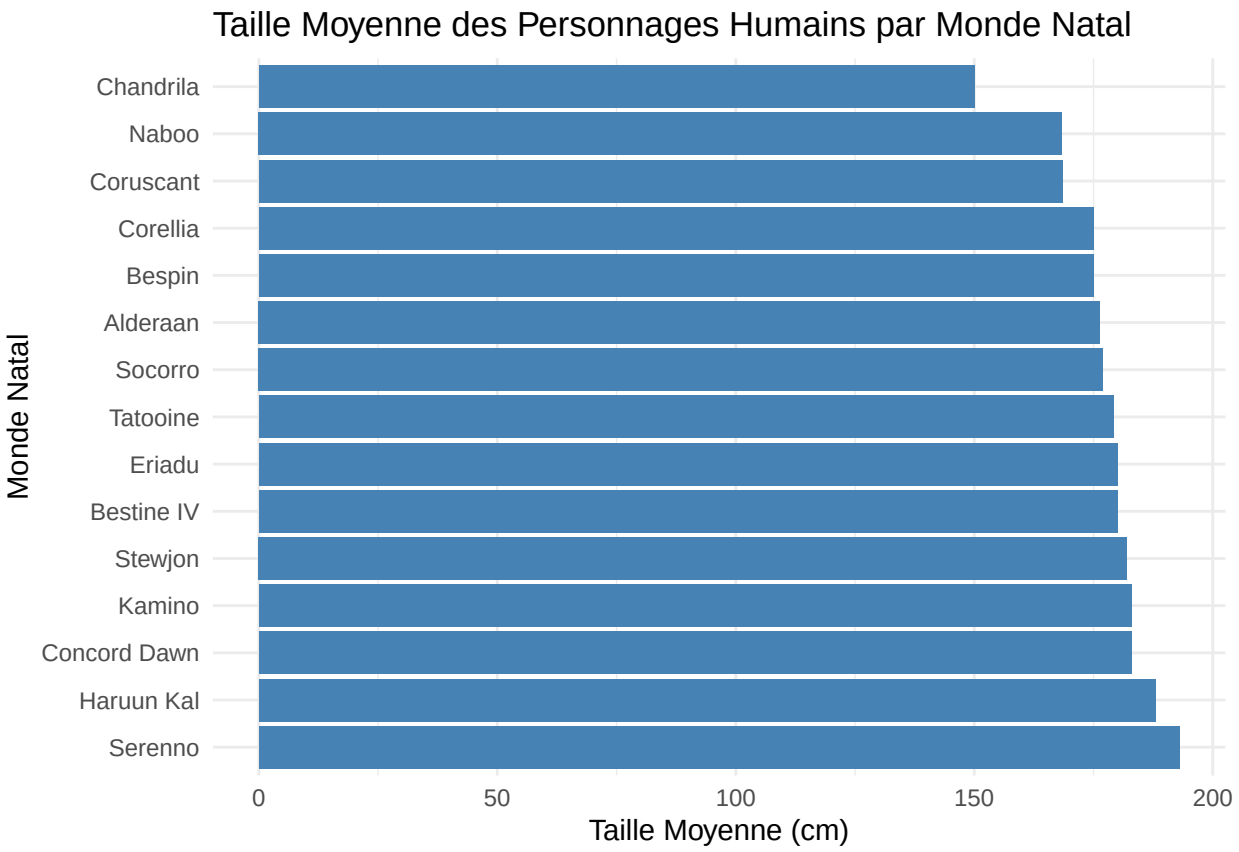


Dans cet exemple, `dplyr` est utilisé pour préparer les données, qui sont ensuite visualisées avec `ggplot2`. Ce flux de travail intégré est un des principaux avantages de l'utilisation conjointe de `dplyr` et `ggplot2`.

Voici un autre exemple avec les données `starwars`

```r
starwars %>%
  filter(species == "Human") %>%  # Filtrer pour garder seulement les humains
  select(name, homeworld, height) %>%  # Sélectionner les colonnes pertinentes
  group_by(homeworld) %>%  # Grouper par monde natal
  summarize(average_height = mean(height, na.rm = TRUE)) %>%  # Calculer la taille moyenne
  arrange(desc(average_height))  %>% # Trier par taille moyenne en ordre décroissant
  # Ajout de ggplot pour visualiser les résultats
  drop_na() %>% # Retire les personnages sans monde natal
  ggplot(aes(x = reorder(homeworld, -average_height), y = average_height)) +
  geom_bar(stat = "identity", fill = "steelblue") +
  theme_minimal() +
  labs(title = "Taille Moyenne des Personnages Humains par Monde Natal",
```

```r
      x = "Monde Natal",
      y = "Taille Moyenne (cm)") +
  coord_flip()  # Retourner les axes pour une meilleure lisibilité
```



Exercices

Pour commencer à pratiquer, suivez ces étapes :

1. **Accédez au Dépôt GitHub :** Visitez l'URL fournie : https://github.com/universdesdonnees/Introduction-a-R pour accéder au dépôt GitHub contenant les matériaux du cours.
2. **Trouvez le Fichier des Exercices :** Dans le dépôt, localisez le fichier nommé **exercices5.txt**. Ce fichier contient les premiers exercices que vous devez pratiquer.
3. **Lisez et Essayez de Résoudre les Exercices :** Ouvrez le fichier **exercices4.txt** et lisez attentivement les exercices. Essayez de les résoudre par vous-même dans votre environnement R (comme RStudio). Il est important de pratiquer par vous-même avant de regarder les solutions pour mieux apprendre.
4. **Consultez la Correction :** Une fois que vous avez tenté de résoudre les exercices, ou si vous rencontrez des difficultés, consultez le fichier **correction_exercices5.R** pour voir les solutions. Analysez les solutions pour comprendre les méthodes et logiques utilisées.