testRWS_api

Deltares

October 30, 2018

Opvragen waterkwaliteitsdata door middel van RWS DDL API

```
Ik gebruik eigen R functies. Als package op github: wstolte/rwsapi. Dit package is nog in ontwikkeling.
if(!require("rwsapi", character.only = TRUE)){
   devtools::install_github("wstolte/rwsapi")
   library("rwsapi", character.only = TRUE)
}
require(rwsapi)
```

Aantal parameters

```
Opvragen metadata catalogus:

metadata <- rwsapi::rws_metadata()
```

```
Dit zijn metadata van alle datasets in de DDL. Bijvoorbeeld, Nitraat, of Chlorophyll zit er in metadata$content$AquoMetadataLijst$Parameter_Wat_Omschrijving[

grep(x = metadata$content$AquoMetadataLijst$Parameter_Wat_Omschrijving, pattern = "nitraat")]
```

```
## [1] "(massa)Concentratie nitraat in Oppervlaktewater uitgedrukt in stikstof / opgeloste fractie in m
## [2] "(massa)Concentratie som nitraat en nitriet in Oppervlaktewater uitgedrukt in stikstof / opgelos
metadata$content$AquoMetadataLijst$Parameter_Wat_Omschrijving[
    grep(x = metadata$content$AquoMetadataLijst$Parameter_Wat_Omschrijving, pattern = "chlorofy")]
```

[1] "(massa)Concentratie chlorofyl-a in Oppervlaktewater ug/l"

Maar Silikaat:

```
metadata$content$AquoMetadataLijst$Parameter_Wat_Omschrijving[
   grep(x = metadata$content$AquoMetadataLijst$Parameter_Wat_Omschrijving, pattern = "sili")]
```

character(0)

kan ik niet vinden.

Functie voor ophalen van data

R list structure wordt gebruikt als input in de functie hierboven.

```
"Einddatumtijd"))), .Names = c("AquoPlusWaarnemingMetadata",
"Locatie", "Periode"))
Als JSON ziet het er zo uit:
print(toJSON(requestlist, auto_unbox = T, digits = NA))
{"AquoPlusWaarnemingMetadata":{"AquoMetadata":{"Parameter":{"Code":"CHLFa"},"Grootheid":{"Code":"CONCTTE"}}}
```

Uitvoeren request. De response is in dit geval een r list object

11-27T09:00:00.000+01:00", "Einddatumtijd": "2018-01-28T09:01:00.000+01:00"}

```
response <- rws_observations(bodylist =requestlist)</pre>
```

Response omzetten naar dataframe

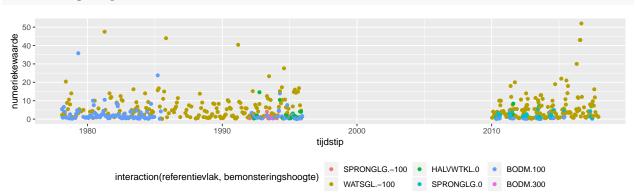
```
for(ii in seq(1:length(response$content$WaarnemingenLijst))) {
       temp.df = data.frame(
          locatie.code = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$Locatie$Code,
          EPSG = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$Locatie$Coordinatenstelsel,
          X = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$Locatie$X,
          Y = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$Locatie$Y,
          # locationname = ,
          tijdstip = lubridate::as_datetime(response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$MetingenLijst %>% map_
          referentievlak = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$MetingenLijst %>% map_chr(list(3,3,1),
          bemonsteringshoogte = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$MetingenLijst %>% map_chr(list(3,2
          kwaliteitswaardecode = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$MetingenLijst %>% map_chr(list(3,
          bemonsteringsapparaat = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$AquoMetadata$BemonsteringsAppara
          bemonsteringsSoort = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$AquoMetadata$BemonsteringsSoort$Cod
          biotaxoncode = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$AquoMetadata$BioTaxon$Code,
          biotaxoncompartimentcode = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$AquoMetadata$BioTaxon_Compart
          eenheidcode = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$AquoMetadata$Eenheid$Code,
          grootheidcode = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$AquoMetadata$Grootheid$Code,
          hoedanigheidcode = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$AquoMetadata$Hoedanigheid$Code,
          meetapparaatcode = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$AquoMetadata$MeetApparaat$Code,
          monsterbewerkingsmethodecode = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$AquoMetadata$MonsterBewerkingsmethodecode = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$AquoMetadata$MonsterBewerkingsmethodecode = response$content$WaarnemingenLijst[[iii]]$AquoMetadata$MonsterBewerkingsmethodecode = response$content$WaarnemingenLijst[[iii]]$AquoMetadata$WaarnemingenLijst[[iii]]$AquoMetadata$WaarnemingenLijst[[iii]]$AquoMetadata$Content$AquoMetadata$WaarnemingenLijst[[iii]]$AquoMetadata$Content$AquoMetadata$WaarnemingenLijst[[iii]]$AquoMetadata$AquoMetadata$AquoMetadata$AquoMetadata$AquoMetadata$AquoMetadata$AquoMetadata$AquoMetadata$AquoMetadata$AquoMetadata$AquoMetadata$Aquo
          orgaancode = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$AquoMetadata$Orgaan$Code,
          parametercode = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$AquoMetadata$Parameter$Code,
          plaatsbepalingsapparaatcode = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$AquoMetadata$PlaatsBepalin
          typeringcode = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$AquoMetadata$Typering$Code,
          waardebepalingstechniekcode = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$AquoMetadata$WaardeBepalin
          waardebepalingsmethodecode = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$AquoMetadata$WaardeBepaling
          waardebewerkingsmethodecode = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$AquoMetadata$WaardeBewerki.
          numeriekewaarde = response$content$WaarnemingenLijst[[ii]]$MetingenLijst %>% map dbl(list("Meetwa
       if(ii != 1){
          df = rbind(df, temp.df)
       }else df = temp.df
df[df$numeriekewaarde>1e10,] <- NA
```

```
df <- df[!is.na(df$numeriekewaarde),]
knitr::kable(head(df))</pre>
```

locatie.code	EPSG	X	Y	tijdstip	referentievlak	bemonsterin
SCHARDKDPPT	25831	558558.371921023	5732781.9484847197	1991-01-08 23:00:00	WATSGL	-100
SCHARDKDPPT	25831	558558.371921023	5732781.9484847197	1991-02-03 23:00:00	WATSGL	-100
SCHARDKDPPT	25831	558558.371921023	5732781.9484847197	1991-03-06 23:00:00	WATSGL	-100
SCHARDKDPPT	25831	558558.371921023	5732781.9484847197	1991-04-01 22:00:00	WATSGL	-100
SCHARDKDPPT	25831	558558.371921023	5732781.9484847197	1991-05-06 22:00:00	WATSGL	-100
SCHARDKDPPT	25831	558558.371921023	5732781.9484847197	1991-06-03 22:00:00	WATSGL	-100

Tijdserie

ggplot(df, aes(tijdstip, numeriekewaarde)) + geom_point(aes(color = interaction(referentievlak, bemonst theme(legend.position="bottom")



Dit ziet er goed uit. In Waterbase waren alleen oppervlaktewaarnemingen te zien, hier zijn ook diepere monsters meegenomen.

Aantal parameters

```
In de DDL webservice zijn
metadata <- rwsapi::rws_metadata()
grep(x = metadata$content$AquoMetadataLijst$Parameter_Wat_Omschrijving, pattern = "sili")
## integer(0)
Dit zijn metadata van alle datasets in de DDL. Bijvoorbeeld, Nitraat, of Chlorophyll zit er in
metadata$content$AquoMetadataLijst$Parameter_Wat_Omschrijving[
    grep(x = metadata$content$AquoMetadataLijst$Parameter_Wat_Omschrijving, pattern = "nitraat")]
## [1] "(massa)Concentratie nitraat in Oppervlaktewater uitgedrukt in stikstof / opgeloste fractie in m,
## [2] "(massa)Concentratie som nitraat en nitriet in Oppervlaktewater uitgedrukt in stikstof / opgeloste
metadata$content$AquoMetadataLijst$Parameter_Wat_Omschrijving[
    grep(x = metadata$content$AquoMetadataLijst$Parameter_Wat_Omschrijving, pattern = "chlorofy")]</pre>
```

[1] "(massa)Concentratie chlorofyl-a in Oppervlaktewater ug/l"

Maar Silikaat:

```
metadata$content$AquoMetadataLijst$Parameter_Wat_Omschrijving[
   grep(x = metadata$content$AquoMetadataLijst$Parameter_Wat_Omschrijving, pattern = "sili")]
```

character(0)

kan ik niet vinden.