

O'REILLY®

Wydanie II

Język R w data science

Importowanie, porządkowanie,
przekształcanie, wizualizowanie
i modelowanie danych



Hadley Wickham
Mine Çetinkaya-Rundel
Garrett Grolemund

Helion 

Tytuł oryginału: R for Data Science: Import, Tidy, Transform, Visualize, and Model Data,
2nd Edition

Tłumaczenie: Tomasz Walczak

ISBN: 978-83-289-0653-2

© 2024 Helion S.A.

Authorized Polish translation of the English edition of *R for Data Science*, 2E ISBN 9781492097402
© 2023 Hadley Wickham, Mine Çetinkaya-Rundel, and Garrett Grolemund.

This translation is published and sold by permission of O'Reilly Media, Inc., which owns or controls all rights to publish and sell the same.

All rights reserved. No part of this book may be reproduced or transmitted in any form or by any means, electronic or mechanical, including photocopying, recording or by any information storage retrieval system, without permission from the Publisher.

Wszelkie prawa zastrzeżone. Nieautoryzowane rozpowszechnianie całości lub fragmentu niniejszej publikacji w jakiegokolwiek postaci jest zabronione. Wykonywanie kopii metodą kserograficzną, fotograficzną, a także kopiowanie książki na nośniku filmowym, magnetycznym lub innym powoduje naruszenie praw autorskich niniejszej publikacji.

Wszystkie znaki występujące w tekście są zastrzeżonymi znakami firmowymi bądź towarowymi ich właścicieli.

Autor oraz wydawca dołożyli wszelkich starań, by zawarte w tej książce informacje były kompletne i rzetelne. Nie biorą jednak żadnej odpowiedzialności ani za ich wykorzystanie, ani za związane z tym ewentualne naruszenie praw patentowych lub autorskich. Autor oraz wydawca nie ponoszą również żadnej odpowiedzialności za ewentualne szkody wynikłe z wykorzystania informacji zawartych w książce.

Drogi Czytelniku!

Jeżeli chcesz ocenić tę książkę, zajrzyj pod adres

<https://helion.pl/user/opinie/jerda2>

Możesz tam wpisać swoje uwagi, spostrzeżenia, recenzję.

Helion S.A.

ul. Kościuszki 1c, 44-100 Gliwice

tel. 32 230 98 63

e-mail: helion@helion.pl

WWW: <https://helion.pl> (księgarnia internetowa, katalog książek)

Printed in Poland.

- Kup książkę
- Poleć książkę
- Oceń książkę

- Księgarnia internetowa
- Lubię to! » Nasza społeczność

Spis treści

Wprowadzenie	11
--------------------	----

Część I. Pełny obraz 23

1. Wizualizowanie danych	25
Wprowadzenie	25
Pierwsze kroki	26
Wywołania w pakiecie ggplot2	37
Wizualizacje rozkładu	38
Wizualizacje relacji	42
Zapisywanie wykresów	49
Typowe problemy	50
Podsumowanie	50
2. Przepływ pracy — podstawy	52
Podstawy programowania	52
Komentarze	53
Co zawiera nazwa?	54
Wywoływanie funkcji	55
Ćwiczenia	56
Podsumowanie	56
3. Przekształcanie danych	57
Wprowadzenie	57
Wiersze	60
Kolumny	64
Potoki	69
Grupy	71
Studium przypadku: agregacje i wielkość próby	77
Podsumowanie	78

4. Przepływ pracy — styl kodu	79
Nazwy	80
Odstępy	80
Potoki	81
Pakiet ggplot2	82
Komentarze dzielące kod na sekcje	83
Ćwiczenia	84
Podsumowanie	84
5. Porządkowanie danych	85
Wprowadzenie	85
Uporządkowanie danych	86
Wydłużanie danych	88
Poszerzanie danych	97
Podsumowanie	100
6. Przepływ pracy — skrypty i projekty	102
Skrypty	102
Projekty	105
Ćwiczenia	110
Podsumowanie	110
7. Importowanie danych	111
Wprowadzenie	111
Wczytywanie danych z pliku	111
Zarządzanie typami kolumn	117
Wczytywanie danych z wielu plików	120
Zapisywanie do pliku	121
Wprowadzanie danych	123
Podsumowanie	123
8. Przepływ pracy — uzyskiwanie pomocy	125
Google Twoim przyjacielem	125
Przygotowywanie powtarzalnego przykładu	125
Inwestowanie w siebie	127
Podsumowanie	128

Część II. Wizualizowanie	129
9. Warstwy	131
Wprowadzenie	131
Odzworowywanie właściwości estetycznych	131
Obiekty geometryczne (geomy)	135
Fasety	142
Przekształcenia statystyczne	144
Dostosowywanie pozycji	149
Układy współrzędnych	153
Warstwowa gramatyka grafiki	155
Podsumowanie	156
10. Eksploracyjna analiza danych	158
Wprowadzenie	158
Pytania	159
Zmienność	159
Nietypowe wartości	164
Współzmienność	166
Wzorce i modele	176
Podsumowanie	178
11. Przekazywanie informacji	179
Wprowadzenie	179
Etykiety	180
Adnotacje	182
Skale	187
Motywy	202
Układ	205
Podsumowanie	210
<hr/>	
Część III. Przekształcanie	211
12. Wektory logiczne	213
Wprowadzenie	213
Porównania	214
Algebra Boole'a	218
Podsumowania	221
Przekształcenia warunkowe	223
Podsumowanie	227

13. Liczby	228
Wprowadzenie	228
Tworzenie liczb	228
Zliczanie	229
Przekształcenia liczbowe	231
Ogólne przekształcenia	237
Podsumowania liczbowe	241
Podsumowanie	247
14. Łańcuchy znaków	248
Wprowadzenie	248
Tworzenie łańcucha znaków	249
Tworzenie wielu łańcuchów znaków na podstawie danych	251
Wyodrębnianie danych z łańcuchów znaków	254
Litery	259
Tekst nieanglojęzyczny	261
Podsumowanie	264
15. Wyrażenia regularne	265
Wprowadzenie	265
Podstawy wzorców	266
Najważniejsze funkcje	268
Szczegóły wzorca	272
Kontrolowanie wzorca	279
Praktyka	281
Wyrażenia regularne w innych miejscach	285
Podsumowanie	286
16. Czynniki	288
Wprowadzenie	288
Podstawowe informacje na temat czynników	288
Badania General Social Survey	290
Modyfikowanie kolejności w czynnikach	291
Modyfikowanie poziomów czynników	295
Czynniki uporządkowane	298
Podsumowanie	299
17. Daty i czas	300
Wprowadzenie	300
Tworzenie wartości typu data-czas	301
Komponenty daty i czasu	307

Przedziały czasu	313
Strefy czasowe	317
Podsumowanie	319
18. Brakujące wartości	320
Wprowadzenie	320
Opisane brakujące wartości	320
Nieopisane brakujące wartości	322
Czynniki i puste grupy	325
Podsumowanie	327
19. Złączenia	328
Wprowadzenie	328
Klucze	328
Podstawowe złączenia	333
Jak działają złączenia?	339
Złączenia nierównościowe	344
Podsumowanie	350
<hr/>	
Część IV. Importowanie	351
20. Arkusze kalkulacyjne	353
Wprowadzenie	353
Excel	353
Arkusze Google	366
Podsumowanie	370
21. Bazy danych	371
Wprowadzenie	371
Podstawy baz danych	372
Łączenie się z bazą danych	372
Podstawy pakietu dbplyr	375
SQL	377
Tłumaczenia funkcji	385
Podsumowanie	388
22. Pakiet arrow	389
Wprowadzenie	389
Pobieranie danych	390
Otwieranie zbioru danych	390

Format parquet	392
Stosowanie pakietu dplyr z pakietem arrow	393
Podsumowanie	396
23. Dane hierarchiczne	397
Wprowadzenie	397
Listy	397
Eliminowanie zagnieżdżenia	402
Studia przypadków	405
JSON	413
Podsumowanie	417
24. Web scraping	418
Wprowadzenie	418
Aspekty etyczne i prawne związane z web scrapingiem	419
Podstawy HTML-a	420
Wyodrębnianie danych	422
Znajdowanie odpowiednich selektorów	426
Łączenie wszystkich technik	427
Witryny dynamiczne	431
Podsumowanie	432
<hr/>	
Część V. Programowanie	433
25. Funkcje	435
Wprowadzenie	435
Funkcje wektorowe	436
Funkcje dla ramek danych	441
Funkcje wykresów	448
Styl	453
Podsumowanie	455
26. Iterowanie	456
Wprowadzenie	456
Modyfikowanie wielu kolumn	457
Wczytywanie wielu plików	466
Zapisywanie wielu danych wyjściowych	474
Podsumowanie	478

27. Praktyczny przewodnik po podstawowym języku R	479
Wprowadzenie	479
Pobieranie wielu elementów za pomocą operatora [480
Pobieranie pojedynczego elementu za pomocą operatorów \$ i [[484
Rodzina funkcji apply	487
Pętle for	489
Wykresy	490
Podsumowanie	491

Część VI. Przekazywanie informacji **493**

28. Quarto	495
Wprowadzenie	495
Podstawy Quarto	496
Edytor graficzny	499
Edytor kodu źródłowego	501
Fragmety kodu	502
Rysunki	506
Tabele	509
Buforowanie	510
Rozwiązywanie problemów	512
Nagłówek YAML	512
Proces pracy	515
Podsumowanie	516
29. Formaty w Quarto	518
Wprowadzenie	518
Opcje danych wyjściowych	518
Dokumenty	519
Prezentacje	520
Interaktywność	520
Strony internetowe i książki	522
Inne formaty	523
Podsumowanie	524

Wizualizowanie danych

Wprowadzenie

„Zwykły wykres dostarcza umysłom analityków danych więcej informacji niż jakiegokolwiek inne narzędzie”. — John Tukey

W R dostępnych jest kilka systemów generowania wykresów, jednak pakiet *ggplot2* jest jednym z najbardziej eleganckich i wszechstronnych spośród nich. W pakiecie *ggplot2* zaimplementowana jest *gramatyka grafiki*. Jest to spójny system opisywania i tworzenia wykresów. Za pomocą pakietu *ggplot2* możesz szybciej wykonywać liczne zadania dzięki opanowaniu jednego systemu i stosowaniu go w wielu miejscach.

Z tego rozdziału dowiesz się, jak wizualizować dane za pomocą pakietu *ggplot2*. Zaczniemy od utworzenia prostego wykresu punktowego, po czym dodamy do niego odwzorowania właściwości estetycznych i obiekty geometryczne (*geomy*). Są to podstawowe elementy składowe w pakiecie *ggplot2*. Następnie przeprowadzimy Cię przez wizualizowanie rozkładów pojedynczych zmiennych, a także wizualizowanie relacji między dwiema zmiennymi (lub większą ich liczbą). Zakończymy omówieniem zapisywania wykresów i wskazówkami dotyczącymi rozwiązywania problemów.

Wymagania wstępne

W tym rozdziale skupiamy się na *ggplot2*, jednym z podstawowych pakietów z biblioteki *tidyverse*. Aby uzyskać dostęp do zbiorów danych, stron pomocy i funkcji używanych w tym rozdziale, wczytaj bibliotekę *tidyverse* za pomocą poniższej instrukcji:

```
library(tidyverse)
#> — Attaching core tidyverse packages — tidyverse 2.0.0 —
#> ✓ dplyr 1.1.0.9000 ✓ readr 2.1.4
#> ✓ forcats 1.0.0 ✓ stringr 1.5.0
#> ✓ ggplot2 3.4.1 ✓ tibble 3.1.8
#> ✓ lubridate 1.9.2 ✓ tidyr 1.3.0
#> ✓ purrr 1.0.1
#> — Conflicts —
tidyverse_conflicts() —
#> ✗ dplyr::filter() masks stats::filter()
```

```
#> ✗ dplyr::lag() masks stats::lag()
#> ⓘ Use the conflicted package (<http://conflicted.r-lib.org/>) to force all
#> conflicts to become errors
```

Ten jeden wiersz kodu wczytuje rdzeń biblioteki *tidyverse*, czyli pakiety, które będą używane w prawie każdej analizie danych. Informuje również, które funkcje z biblioteki *tidyverse* kolidują z funkcjami z podstawowego języka R (lub z innych pakietów, które zostały wczytane)¹.

Jeśli uruchomisz ten kod i otrzymasz komunikat o błędzie informującym, że nie ma pakietu o nazwie *tidyverse* (there is no package called 'tidyverse'), musisz najpierw zainstalować ten pakiet, a następnie ponownie uruchomić funkcję `library()`:

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

Pakiet należy zainstalować tylko raz, ale trzeba go wczytać za każdym razem, gdy rozpoczynasz nową sesję.

Oprócz biblioteki *tidyverse* będziemy używać pakietu *palmerpenguins*, który zawiera zbiór danych na temat pingwinów (obejmuje on pomiary ciała pingwinów na trzech wyspach Archipelagu Palmera), a także pakietu *ggthemes*, który udostępnia bezpieczną paletę kolorów dla osób z zaburzeniami rozpoznawania barw.

```
library(palmerpenguins)
library(ggthemes)
```

Pierwsze kroki

Czy pingwiny z dłuższymi skrzydłami ważą więcej czy mniej niż pingwiny z krótszymi skrzydłami? Prawdopodobnie znasz już odpowiedź, ale postaraj się ją doprecyzować. Jak wygląda zależność między długością płetw a masą ciała? Czy jest dodatnia? Ujemna? Liniowa? Nieliniowa? Czy występują różnice w zależności od gatunku pingwina? A może w zależności od wyspy, na której żyje pingwin? Stworzymy wizualizacje, których można użyć, aby odpowiedzieć na te pytania.

Ramka danych penguins

Możesz przetestować swoje odpowiedzi na te pytania za pomocą ramki danych `penguins` znajdującej się w pakiecie *palmerpenguins* (czyli w ramce `palmerpenguins::penguins`). Ramka danych to „prostokątny” zbiór zmiennych (w kolumnach) i obserwacji (w wierszach). Ramka danych `penguins` zawiera 344 obserwacje zebrane i udostępnione przez dr Kristen Gorman z jednostki Palmer Station, Antarctica LTER².

¹ Możesz wyeliminować ten komunikat i wymusić rozwiązywanie konfliktów na żądanie za pomocą pakietu *conflicted*, który staje się tym ważniejszy, im więcej pakietów wczytujesz. Więcej informacji na temat pakietu *conflicted* znajdziesz na jego stronie (<https://oreil.ly/01bKz>).

² A.M. Horst, A.P. Hill i K.B. Gorman, *palmerpenguins: Palmer Archipelago (Antarctica) penguin data*, 2020, pakiet dla R, wersja 0.1.0, <https://oreil.ly/ncwc5>, doi: 10.5281/zenodo.3960218.

Aby ułatwić dyskusję, warto zdefiniować kilka terminów:

Zmienna

Ilość, jakość lub właściwość, którą można zmierzyć.

Wartość

Stan zmiennej w momencie jej pomiaru. Wartość zmiennej w poszczególnych pomiarach może się zmieniać.

Obserwacja

Zestaw pomiarów wykonanych w podobnych warunkach (zazwyczaj wszystkie pomiary w ramach obserwacji są wykonywane w tym samym czasie i na tym samym obiekcie). Obserwacja obejmuje kilka wartości, z których każda jest powiązana z inną zmienną. Czasami obserwację nazywamy **punktem danych**.

Dane tabelaryczne

Zestaw wartości, z których każda powiązana jest ze zmienną i obserwacją. Dane tabelaryczne są *uporządkowane*, jeśli każda wartość jest umieszczona we własnej „komórce”, każda zmienna we własnej kolumnie, a każda obserwacja we własnym wierszu.

W tym kontekście zmienna oznacza atrybut wszystkich pingwinów, a obserwacja reprezentuje wszystkie atrybuty pojedynczego pingwina.

Wpisz nazwę ramki danych w konsoli, a R wyświetli podgląd jej zawartości. Zauważ, że na górze tego podglądu znajduje się napis *tibble*. W bibliotece *tidyverse* używane są specjalne ramki danych nazywane *tibble*, które omawiamy dalej.

```
penguins
#> # A tibble: 344 × 8
#>   species island  bill_length_mm bill_depth_mm flipper_length_mm
#>   <fct>   <fct>   <dbl>           <dbl>           <int>
#> 1 Adelie  Torgersen 39.1             18.7             181
#> 2 Adelie  Torgersen 39.5             17.4             186
#> 3 Adelie  Torgersen 40.3             18              195
#> 4 Adelie  Torgersen NA              NA              NA
#> 5 Adelie  Torgersen 36.7             19.3             193
#> 6 Adelie  Torgersen 39.3             20.6             190
#> # ... with 338 more rows, and 3 more variables: body_mass_g <int>, sex <fct>,
#> #   year <int>
```

Ta ramka danych zawiera osiem kolumn. Aby uzyskać inny widok, w którym widoczne są wszystkie zmienne i kilka pierwszych obserwacji każdej z nich, użyj funkcji `glimpse()`. Ponadto jeśli używasz RStudio, możesz uruchomić wywołanie `View(penguins)`, by otworzyć interaktywną przeglądarkę danych.

```
glimpse(penguins)
#> Rows: 344
#> Columns: 8
#> $ species      <fct> Adelie, Adelie, Adelie, Adelie, Adelie, Adelie, A...
#> $ island        <fct> Torgersen, Torgersen, Torgersen, Torgersen, Torge...
#> $ bill_length_mm <dbl> 39.1, 39.5, 40.3, NA, 36.7, 39.3, 38.9, 39.2, 34...
#> $ bill_depth_mm <dbl> 18.7, 17.4, 18.0, NA, 19.3, 20.6, 17.8, 19.6, 18...
#> $ flipper_length_mm <int> 181, 186, 195, NA, 193, 190, 181, 195, 193, 190, ...
```

```
#> $ body_mass_g      <int> 3750, 3800, 3250, NA, 3450, 3650, 3625, 4675, 347...
#> $ sex              <fct> male, female, female, NA, female, male, female, m...
#> $ year             <int> 2007, 2007, 2007, 2007, 2007, 2007, 2007, 2007, 2...
```

Oto zmienne z ramki danych penguins:

species

Gatunek pingwina (Adelie, Chinstrap lub Gentoo).

flipper_length_mm

Długość skrzydła pingwina w milimetrach.

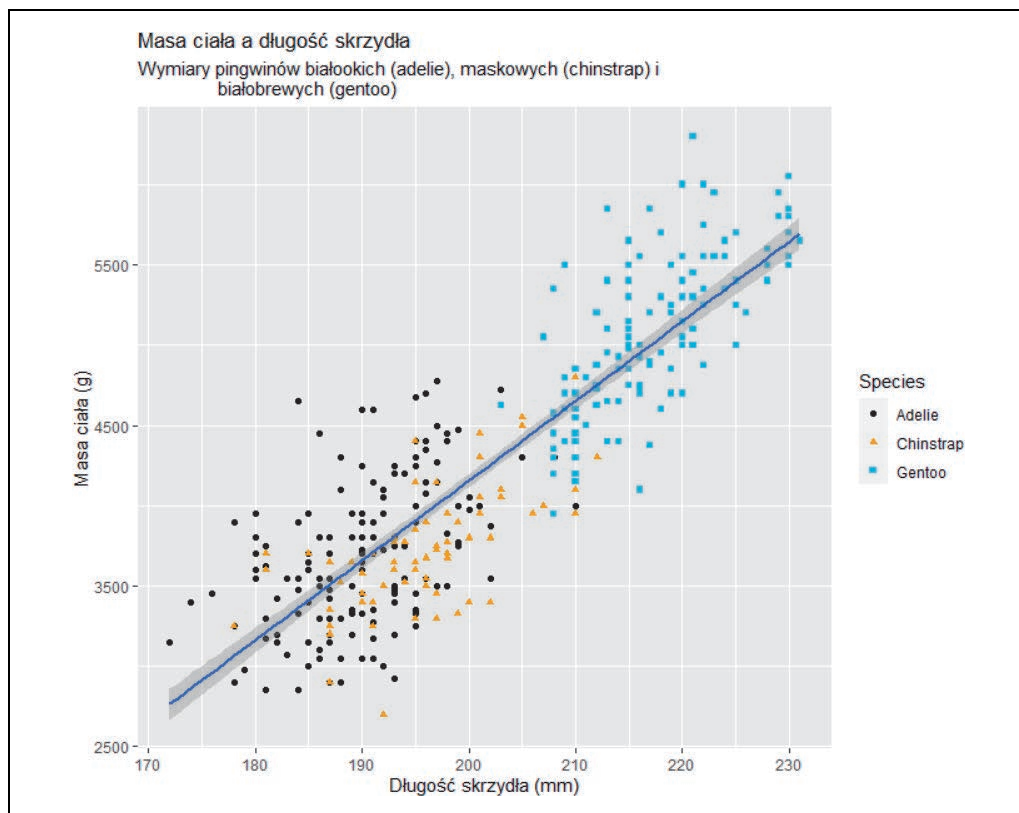
body_mass_g

Masa ciała pingwina w gramach.

Aby dowiedzieć się więcej o ramce danych penguins, otwórz stronę pomocy, korzystając z instrukcji ?penguins.

Docelowa wizualizacja

Naszym ostatecznym celem w tym rozdziale jest odtworzenie wizualizacji z rysunku 1.1, przedstawiającej zależność między długością skrzydeł a masą ciała pingwinów z uwzględnieniem gatunku pingwina.



Rysunek 1.1. Docelowa wizualizacja

Tworzenie wykresu za pomocą pakietu ggplot2

Odtwórzmy ten wykres krok po kroku.

W pakiecie `ggplot2` tworzenie wykresu rozpoczyna się od użycia funkcji `ggplot()`, która definiuje obiekt wykresu. Następnie do tego obiektu dodawane są warstwy. Pierwszym argumentem funkcji `ggplot()` jest zestaw danych używanych na wykresie. Tak więc wywołanie `ggplot(data = penguins)` tworzy pusty wykres, który jest przygotowany do wyświetlania danych z ramki danych `penguins`. Jednak ponieważ nie określiliśmy jeszcze, jak ma wyglądać wizualizacja, na razie wykres jest pusty. Nie jest on specjalnie interesujący, ale możesz myśleć o nim jak o pustym płótnie, na którym namalujesz pozostałe warstwy wykresu (rysunek 1.2).

```
ggplot(data = penguins)
```



Rysunek 1.2. Pierwszy, pusty wykres

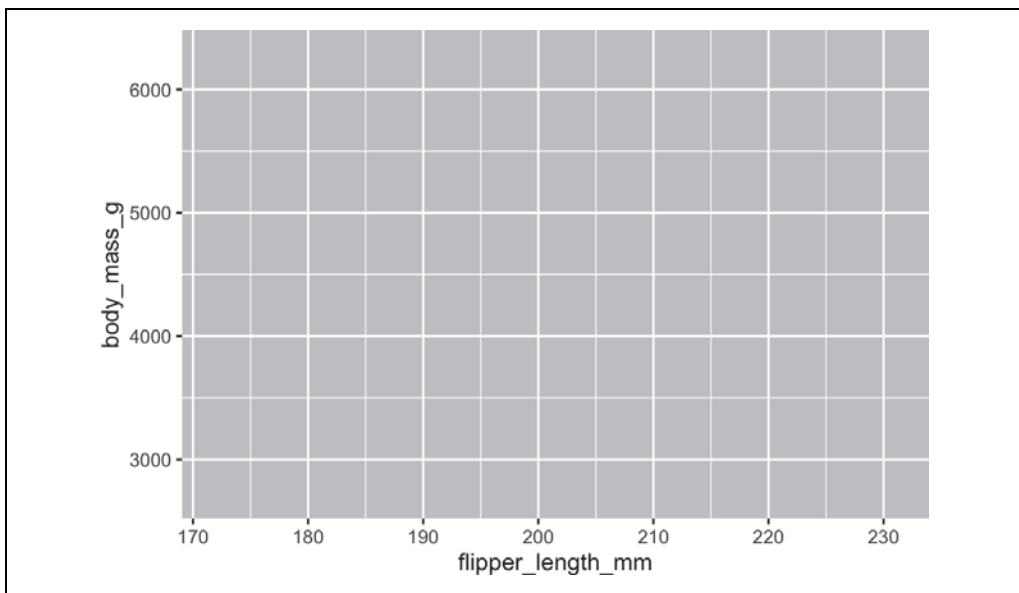
Następnie należy poinformować funkcję `ggplot()`, w jaki sposób informacje z danych mają być reprezentowane wizualnie. Argument `mapping` funkcji `ggplot()` definiuje sposób odwzorowania zmiennych ze zbioru danych na właściwości wizualne (*właściwości estetyczne*) wykresu. Argument `mapping` zawsze jest definiowany w funkcji `aes()`, a argumenty `x` i `y` funkcji `aes()` określają, które zmienne mają być odwzorowane na osiach `x` i `y`. Na razie odwzorujemy tylko długość skrzydeł na osi `x` i masę ciała na osi `y`. Pakiet `ggplot2` szuka odwzorowywanych zmiennych w argumencie `data`, który tu ma wartość `penguins`.

Wykres z rysunku 1.3 pokazuje wynik dodania tych odwzorowań.

```
ggplot(  
  data = penguins,  
  mapping = aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g)  
)
```

Puste płótno ma teraz lepiej określoną strukturę — wiadomo, gdzie będą wyświetlane długości skrzydeł (na osi `x`), a gdzie masa ciała (na osi `y`). Ale danych samych pingwinów nie ma jeszcze na wykresie. Dzieje się tak dlatego, że nie określiliśmy jeszcze w kodzie, jak obserwacje z ramki danych mają być reprezentowane na wykresie.

Aby to zrobić, trzeba zdefiniować *geom*, czyli obiekt geometryczny, którego wykres używa do reprezentowania danych. Takie obiekty geometryczne są dostępne w pakiecie `ggplot2` za pomocą funkcji o nazwach zaczynających się od członu `geom_`. Użytkownicy często opisują wykresy na podstawie



Rysunek 1.3. Wykres po dodaniu pierwszych odwzorowań

typu geomu używanego na wykresie. Na przykład na wykresach słupkowych używane są geomy słupkowe (`geom_bar()`), na wykresach liniowych stosuje się geomy liniowe (`geom_line()`), na wykresach pudełkowych używane są geomy pudełkowe (`geom_boxplot()`), na wykresach punktowych stosowane są geomy punktowe (`geom_point()`) i tak dalej.

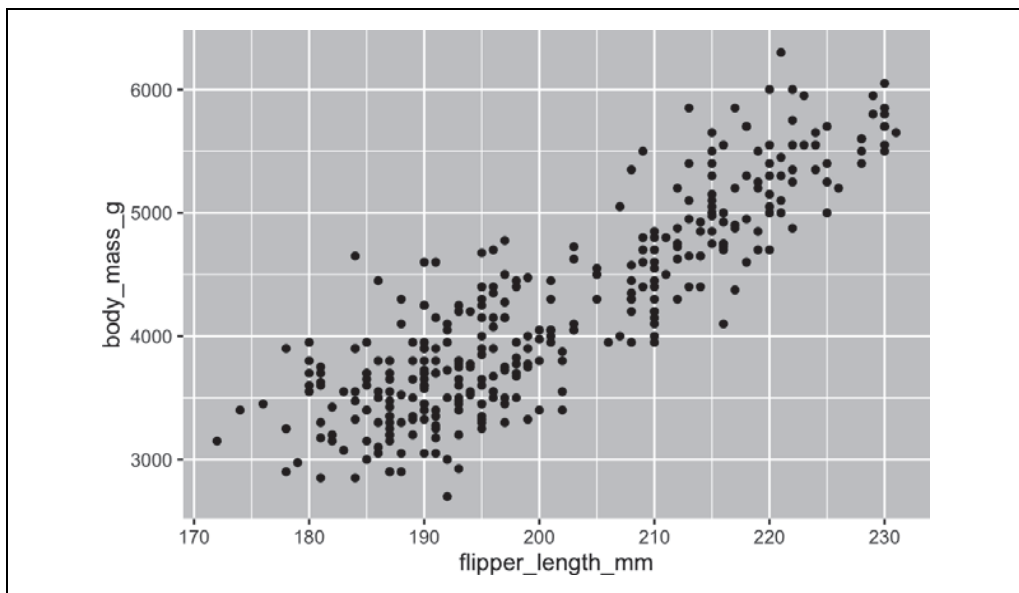
Funkcja `geom_point()` dodaje do wykresu warstwę punktów, która powoduje utworzenie wykresu punktowego (rysunek 1.4). Pakiet `ggplot2` zawiera wiele funkcji z rodziny `geom_`, a każda z nich dodaje do wykresu warstwę innego typu. W tej książce (zwłaszcza w rozdziale 9.) poznasz wiele funkcji tego typu.

```
ggplot(
  data = penguins,
  mapping = aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g)
) +
  geom_point()
#> Warning: Removed 2 rows containing missing values (geom_point()).
```

Uzyskaliśmy coś, co wygląda jak wykres punktowy. Nie jest on jeszcze identyczny z wykresem docelowym, ale za pomocą obecnej wersji można zacząć szukać odpowiedzi na początkowe pytanie: jak wygląda związek między długością skrzydeł a masą ciała? Zależność wydaje się być dodatnia (wraz ze wzrostem długości skrzydeł rośnie masa ciała), dość liniowa (punkty są skupione wokół linii, a nie wokół krzywej) i umiarkowanie silna (nie ma zbyt dużego rozrzutu wokół tej linii). Pingwiny z dłuższymi skrzydłami generalnie mają większą masę ciała.

Zanim dodamy do tego wykresu więcej warstw, zatrzymajmy się na chwilę i zastanówmy nad otrzymanym komunikatem ostrzegawczym:

```
Removed 2 rows containing missing values (geom_point())
```

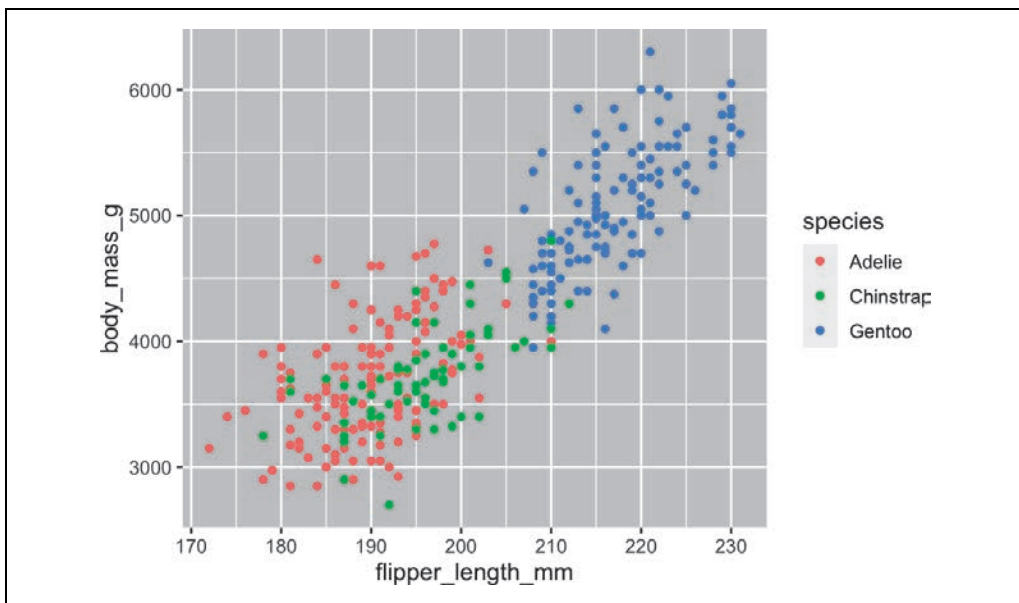
Rysunek 1.4. Wykres po dodaniu punktów danych

Ten komunikat pojawia się, ponieważ w zbiorze danych występują dwa pingwiny z brakującymi wartościami masy ciała i/lub długości skrzydła, a pakiet `ggplot2` nie potrafi przedstawić danych na wykresie bez obu tych wartości. Podobnie jak w języku R tak i w pakiecie `ggplot2` obowiązuje podejście, że brakujące wartości nigdy nie powinny być ignorowane bez informowania o nich użytkownika. Ten typ ostrzeżenia jest prawdopodobnie jednym z najczęściej wyświetlanych komunikatów, jakie można zobaczyć podczas pracy z rzeczywistymi danymi. Brakujące wartości są częstym problemem i dowiesz się o nich więcej w całej książce, a przede wszystkim w rozdziale 18. Dla pozostałych wykresów w tym rozdziale pomijamy to ostrzeżenie, aby nie powtarzać go przy każdym tworzonym wykresie.

Dodawanie właściwości estetycznych i warstw

Wykresy punktowe są przydatne do wyświetlania relacji między dwiema zmiennymi liczbowymi, ale zawsze warto sceptycznie traktować każdą zaobserwowaną relację między zmiennymi i zastanowić się, czy mogą istnieć inne zmienne, które wyjaśniają lub zmieniają charakter tej zaobserwowanej zależności. Na przykład czy związek między długością skrzydeł a masą ciała różni się w zależności od gatunku? Teraz uwzględnimy na wykresie gatunki i sprawdzimy, czy ujawni to dodatkowe informacje na temat zaobserwowanego związku między zmiennymi. W tym celu gatunki będziemy reprezentować za pomocą różnokolorowych punktów (rysunek 1.5).

Aby to osiągnąć, trzeba zmodyfikować właściwość estetyczną czy może `geom`? Jeśli udzielona odpowiedź to „trzeba odwzorować dane na właściwość estetyczną za pomocą funkcji `aes()`”, to już wiesz, jak tworzyć wizualizacje danych za pomocą pakietu `ggplot2`! Jeżeli Twoja odpowiedź była inna, nie martw się. W trakcie lektury utworzysz wiele innych wykresów za pomocą pakietu `ggplot2` i będziesz mieć o wiele więcej okazji do sprawdzenia swojej intuicji podczas ich konstruowania.



Rysunek 1.5. Teraz gatunki są reprezentowane przez różnokolorowe punkty

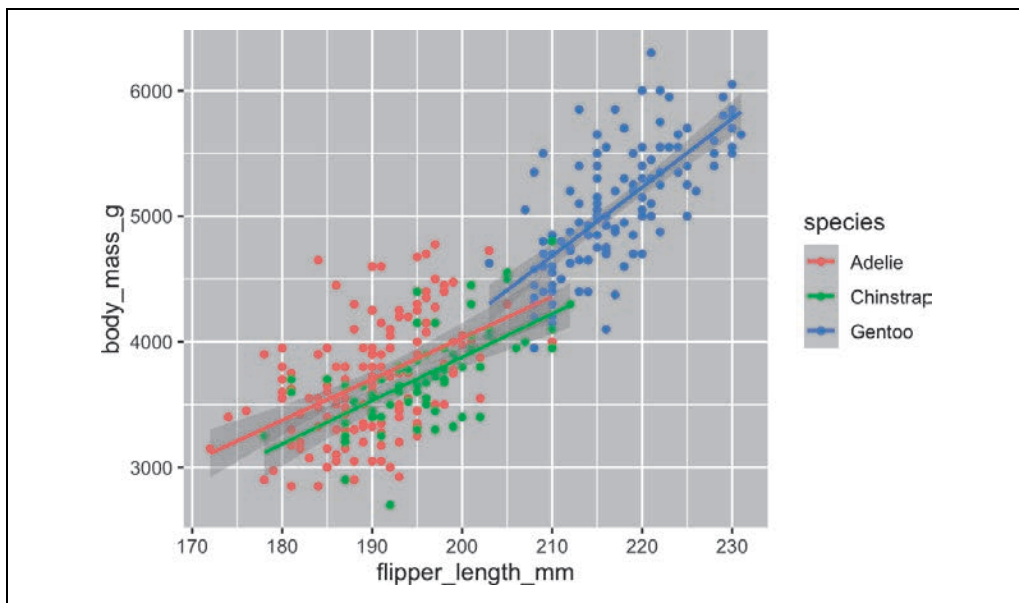
```
ggplot(
  data = penguins,
  mapping = aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g, color = species)
) +
  geom_point()
```

Gdy zmienna kategoryjalna jest odwzorowywana na właściwość estetyczną, *ggplot2* automatycznie przypisuje unikatową wartość właściwości estetycznej (tutaj jest to inny kolor) do każdego unikatowego poziomu zmiennej (do każdego z trzech gatunków). Ten proces jest nazywany **skalowaniem**. *ggplot2* dodaje również legendę wyjaśniającą, które wartości odpowiadają poszczególnym poziomom.

Teraz dodajmy jeszcze jedną warstwę: gładką krzywą przedstawiającą zależność między masą ciała a długością skrzydeł. Zanim przejdiesz dalej, zapoznaj się z poprzednim kodem i zastanów, jak dodać taką krzywą do istniejącego wykresu.

Ponieważ ta krzywa to nowy obiekt geometryczny reprezentujący dane, należy dodać nowy geom (*geom_smooth()*) w warstwie nad *geomem* punktów. Za pomocą opcji *method = "lm"* określ, że chcesz narysować linię najlepszego dopasowania w oparciu o model liniowy (rysunek 1.6).

```
ggplot(
  data = penguins,
  mapping = aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g, color = species)
) +
  geom_point() +
  geom_smooth(method = "lm")
```



Rysunek 1.6. `Geom geom_smooth()` pozwala dodać krzywą reprezentującą dane

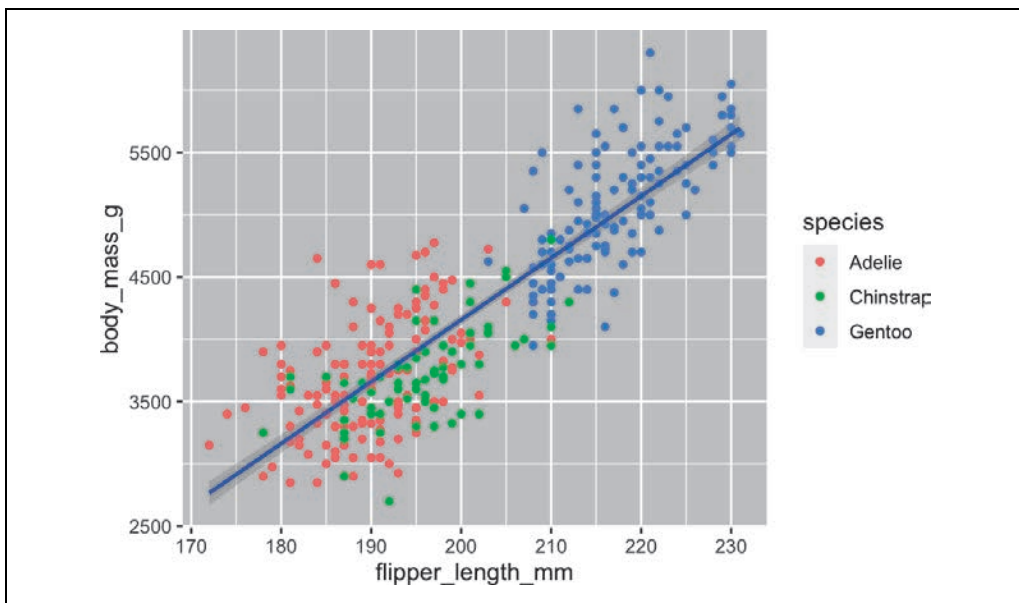
Udało się dodać linie, ale wykres wciąż nie wygląda jak wykres z docelowej wizualizacji z początku rozdziału, który ma tylko jedną linię dla całego zbioru danych. W obecnej wersji widoczne są oddzielne linie dla każdego z gatunków pingwinów.

Gdy w funkcji `ggplot()` odwzorowania na właściwości estetyczne są zdefiniowane na poziomie *globalnym*, są one przekazywane niżej do każdej z kolejnych warstw geomów na wykresie. Jednak każda funkcja geomów w `ggplot2` może również przyjmować argument `mapping`, co pozwala definiować odwzorowania na właściwości estetyczne na poziomie *lokalnym*. Są one dodawane do odwzorowań odziedziczonych z poziomu globalnego.

Ponieważ chcemy, aby kolory punktów były określone na podstawie gatunku, ale nie chcemy tworzyć oddzielnych linii dla każdego gatunku (rysunek 1.7), argument `color = species` należy podać tylko w wywołaniu `geom_point()`.

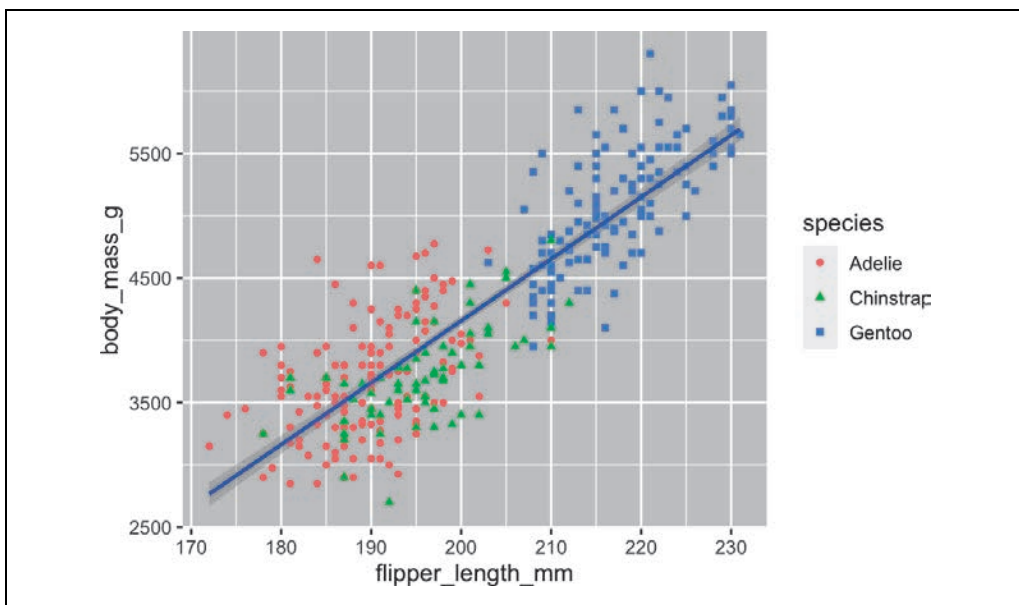
```
ggplot(
  data = penguins,
  mapping = aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g)
) +
  geom_point(mapping = aes(color = species)) +
  geom_smooth(method = "lm")
```

I gotowe! Uzyskaliśmy wykres, który wygląda bardzo podobnie do docelowej wizualizacji, choć nie jest jeszcze idealny. Nadal trzeba jeszcze wprowadzić różne kształty dla poszczególnych gatunków pingwinów i poprawić etykiety.



Rysunek 1.7. Teraz widoczna jest tylko jedna krzywa

Zasadniczo nie jest dobrym pomysłem przedstawianie informacji na wykresie za pomocą samych kolorów, ponieważ ludzie różnie postrzegają kolory ze względu na ślepotę barw lub inne różnice w widzeniu kolorów. Dlatego oprócz barw możemy odwzorować gatunki na właściwość estetyczną shape (rysunek 1.8).

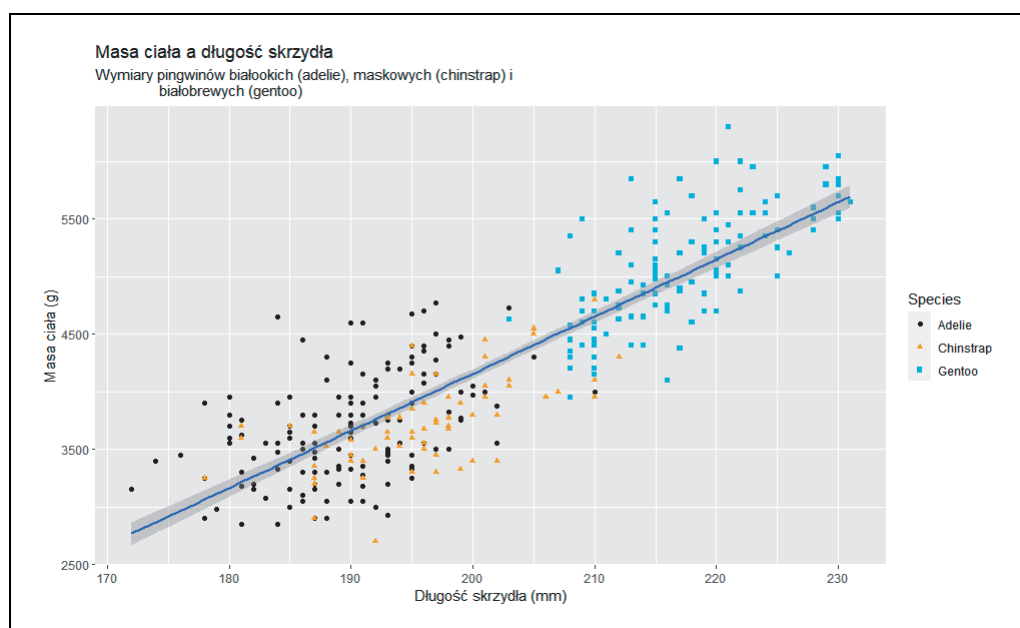


Rysunek 1.8. Poszczególne gatunki są wyróżnione nie tylko kolorem, ale i kształtami

```
ggplot(
  data = penguins,
  mapping = aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g)
) +
  geom_point(mapping = aes(color = species, shape = species)) +
  geom_smooth(method = "lm")
```

Warto zauważyć, że legenda jest automatycznie aktualizowana i uwzględnia teraz różne kształty punktów.

Na koniec można poprawić etykiety na wykresie za pomocą funkcji `labs()` dla nowej warstwy. Niektóre argumenty tej funkcji są oczywiste: `title` pozwala dodać tytuł, a `subtitle` określa podtytuł wykresu. Inne argumenty odpowiadają odwzorowaniom na właściwości estetyczne: `x` to etykieta osi x, `y` to etykieta osi y, a `color` i `shape` definiują etykiety w legendzie. Ponadto można zmienić paletę kolorów, aby była bezpieczna dla osób ze ślepotą kolorów. Służy do tego funkcja `scale_color_colorblind()` z pakietu `ggthemes`. Efekt jest pokazany na rysunku 1.9.



Rysunek 1.9. Gotowy wykres

```
ggplot(
  data = penguins,
  mapping = aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g)
) +
  geom_point(aes(color = species, shape = species)) +
  geom_smooth(method = "lm") +
  labs(
    title = "Masa ciała a długość skrzydła",
    subtitle = "Wymiary pingwinów białoookich (adelie), maskowych (chinstrap) i
      białobrewych (gentoo)",
    x = "Długość skrzydła (mm)", y = "Masa ciała (g)",
```

```

    color = "Species", shape = "Species"
  ) +
  scale_color_colorblind()

```

W końcu uzyskaliśmy wykres, który idealnie odpowiada docelowej wizualizacji!

Ćwiczenia

1. Ile wierszy ma ramka danych penguins? Ile kolumn?
2. Co opisuje zmienna `bill_depth_mm` w ramce danych penguins? Aby się tego dowiedzieć, zapoznaj się z pomocą, korzystając z instrukcji `?penguins`.
3. Utwórz wykres punktowy zmiennej `bill_depth_mm` względem zmiennej `bill_length_mm`. Należy więc skonstruować wykres punktowy ze zmienną `bill_depth_mm` na osi y i zmienną `bill_length_mm` na osi x. Opisz zależność między tymi dwiema zmiennymi.
4. Co się stanie, jeśli utworzysz wykres punktowy zmiennej `species` względem zmiennej `bill_depth_mm`? Jaki lepszy geom możesz wybrać?
5. Dlaczego poniższy kod wykresu jest błędny i jak można go poprawić?

```

ggplot(data = penguins) +
  geom_point()

```

6. Jak działa argument `na.rm` w funkcji `geom_point()`? Jaka jest wartość domyślna tego argumentu? Utwórz wykres punktowy, w którym zastosujesz ten argument o wartości `TRUE`.
7. Dodaj następujący podpis do wykresu utworzonego w poprzednim ćwiczeniu: „Dane pochodzą z pakietu `palmerpenguins`”. Wskazówka: zapoznaj się z dokumentacją funkcji `labs()`.
8. Odtwórz wizualizację z rysunku 1.10. Na jaką właściwość estetyczną należy odwzorować zmienną `bill_depth_mm`? Należy zastosować odwzorowania na poziomie globalnym czy na poziomie geomów?
9. „Uruchom” ten kod w głowie i spróbuj przewidzieć, jak będą wyglądać dane wyjściowe. Następnie uruchom kod w R i sprawdź, czy Twoje prognozy się potwierdziły:

```

ggplot(
  data = penguins,
  mapping = aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g, color = island)
) +
  geom_point() +
  geom_smooth(se = FALSE)

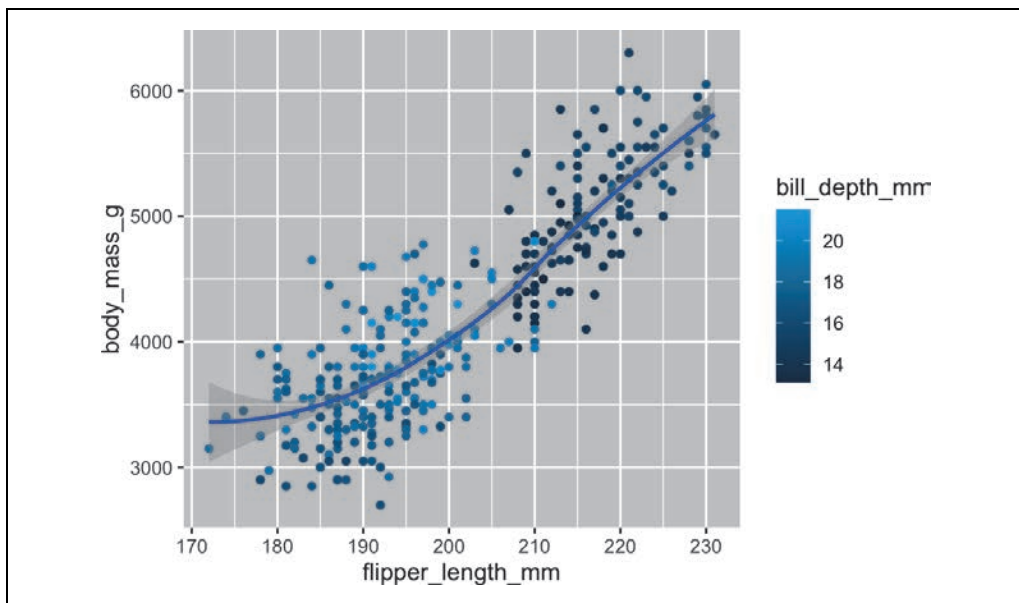
```

10. Czy wykresy uzyskane za pomocą dwóch poniższych fragmentów kodu będą różniły się od siebie? Dlaczego?

```

ggplot(
  data = penguins,
  mapping = aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g)
) +
  geom_point() +
  geom_smooth()

```



Rysunek 1.10. Odtwórz tę wizualizację

```
ggplot() +
  geom_point(
    data = penguins,
    mapping = aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g)
  ) +
  geom_smooth(
    data = penguins,
    mapping = aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g)
  )
```

Wywołania w pakiecie ggplot2

Po wprowadzających podrozdziałach przejdziemy do bardziej zwięzłego zapisu kodu opartego na pakiecie `ggplot2`. Do tej pory bezpośrednio zapisywaliśmy cały kod, co jest pomocne w trakcie nauki:

```
ggplot(
  data = penguins,
  mapping = aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g)
) +
  geom_point()
```

Zazwyczaj pierwszy argument (lub dwa argumenty) funkcji jest na tyle ważny, że należy znać go na pamięć. Pierwsze dwa argumenty funkcji `ggplot()` to `data` i `mapping`. W dalszej części książki nie będziemy podawać tych nazw. Oszczędza to pisania i, dzięki zmniejszeniu ilości dodatkowego tekstu, ułatwia dostrzeżenie różnic między kodem wykresów. Jest to naprawdę ważne zagadnienie, do którego wrócimy w rozdziale 25.

Oto bardziej zwięzła wersja kodu poprzedniego wykresu:

```
ggplot(penguins, aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g)) +  
  geom_point()
```

Dalej poznasz operator potoku, `|>`, który umożliwia zapis kodu wykresu w następujący sposób:

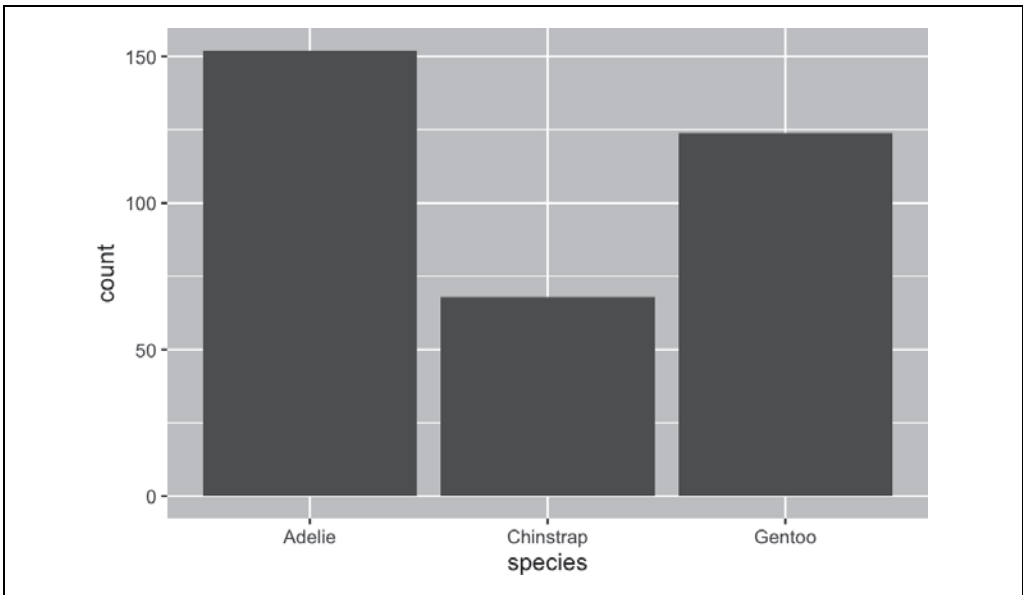
```
penguins |>  
  ggplot(aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g)) +  
  geom_point()
```

Wizualizacje rozkładu

Sposób wizualizacji rozkładu zmiennej zależy od typu zmiennej. Istnieją dwa typy zmiennych: kategoryjne i liczbowe.

Zmienne kategoryjne

Zmienna *kategoryjna* może przyjmować tylko jedną z niewielkiego zestawu wartości. Do zbadania rozkładu zmiennej kategoryjnej można użyć wykresu słupkowego. Wysokość słupków obrazuje liczbę obserwacji z każdą wartością zmiennej x (rysunek 1.11).



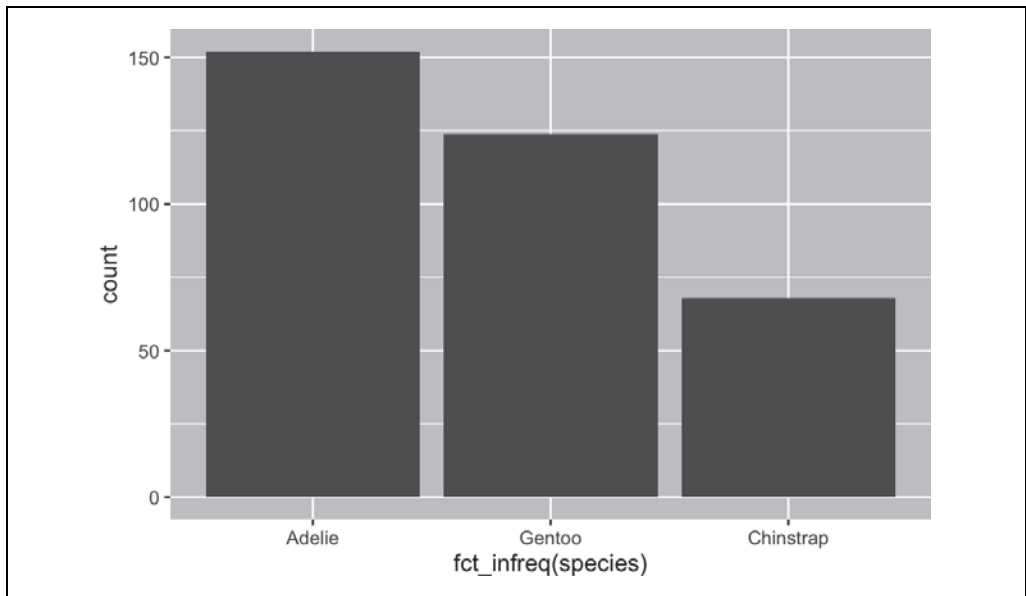
Rysunek 1.11. Wykres słupkowy

```
ggplot(penguins, aes(x = species)) +  
  geom_bar()
```

Na wykresach słupkowych zmiennych kategoryjnych bez określonego uporządkowania, na przykład zmiennej `species`, często zaleca się zmianę kolejności słupków na podstawie częstotliwości występowania poszczególnych wartości. Wymaga to przekształcenia zmiennej w czynnik (używany w R

do obsługi danych kategoryalnych), a następnie zmiany kolejności poziomów tego czynnika. Efekt pokazany jest na rysunku 1.12.

```
ggplot(penguins, aes(x = fct_infreq(species))) +  
  geom_bar()
```



Rysunek 1.12. Ten sam wykres po uporządkowaniu kolejności słupków

Więcej informacji na temat czynników i funkcji do ich obsługi (takich jak `fct_infreq()`) znajdziesz w rozdziale 16.

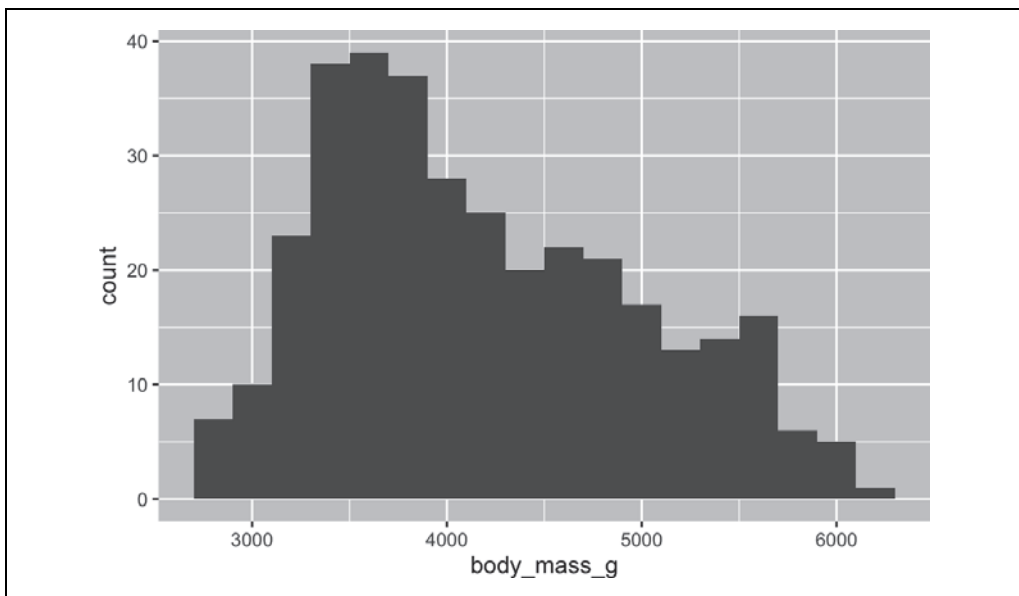
Zmienne liczbowe

Zmienna *liczbowa* (inaczej ilościowa) może przyjmować szeroki zakres wartości liczbowych i sensowne są operacje dodawania, odejmowania lub uśredniania takich wartości. Zmienne liczbowe mogą być ciągłe lub dyskretne.

Jedną z powszechnie stosowanych wizualizacji rozkładów zmiennych ciągłych jest histogram (rysunek 1.13).

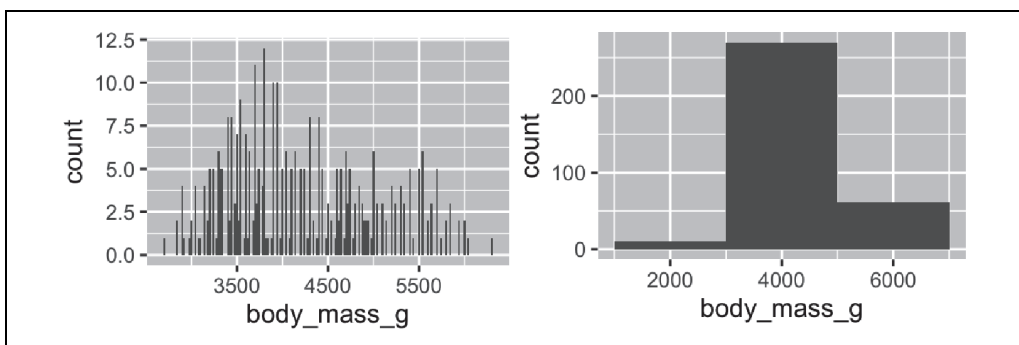
```
ggplot(penguins, aes(x = body_mass_g)) +  
  geom_histogram(binwidth = 200)
```

Histogram dzieli oś x na równo rozmieszczone przedziały. Wysokość słupka określa liczbę obserwacji, które mieszczą się w każdym przedziale. Na wykresie z rysunku 1.13 najwyższy słupek pokazuje, że 39 obserwacji ma wartość zmiennej `body_mass_g` między 3500 a 3700 gramów, które to wartości wyznaczają lewą i prawą krawędź słupka.



Rysunek 1.13. Histogram

Szerokość przedziałów w histogramie można określić za pomocą argumentu `binwidth`, który jest mierzony w jednostkach zmiennej x . Podczas pracy z histogramami należy zawsze sprawdzić różne wartości szerokości przedziału, ponieważ mogą one ujawniać różne wzorce. Na poniższych wykresach wartość `binwidth` wynosząca 20 skutkuje za wąskimi przedziałami, co prowadzi do zbyt dużej liczby słupków i utrudnia określenie kształtu rozkładu (rysunek 1.14). Podobnie wartość `binwidth` wynosząca 2000 jest zbyt duża, co powoduje, że wszystkie dane są podzielone na tylko trzy słupki, co także utrudnia określenie kształtu rozkładu. Wartość 200 zapewnia rozsądną równowagę.

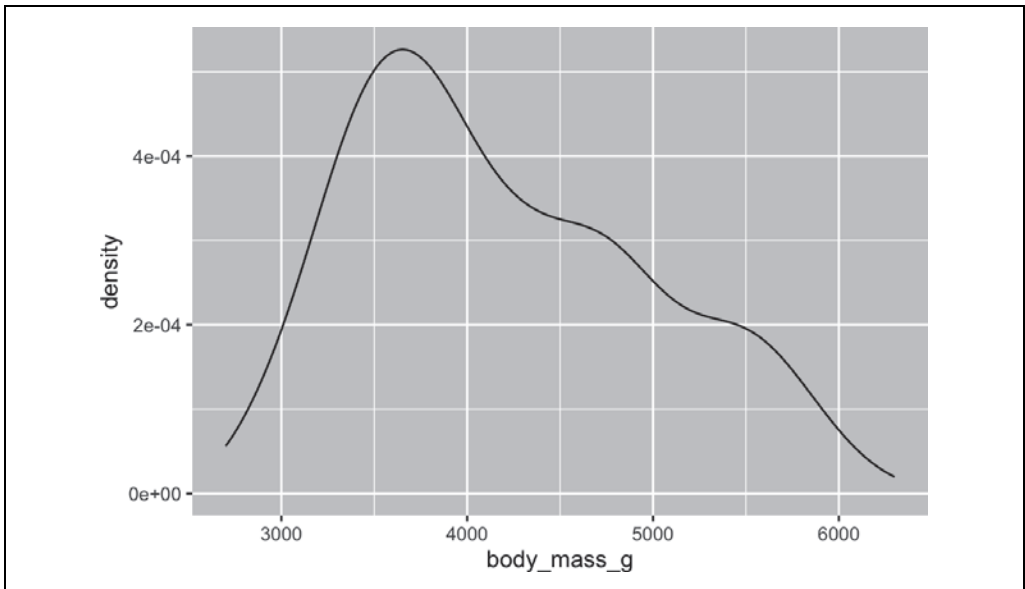


Rysunek 1.14. Za mała i za duża wartość argumentu `binwidth`

```
ggplot(penguins, aes(x = body_mass_g)) +
  geom_histogram(binwidth = 20)
ggplot(penguins, aes(x = body_mass_g)) +
  geom_histogram(binwidth = 2000)
```

Inną wizualizacją rozkładu zmiennych liczbowych jest wykres gęstości (rysunek 1.15). Wykres gęstości jest wygładzoną wersją histogramu i stanowi praktyczną alternatywę, szczególnie gdy używane są dane ciągłe o gładkim rozkładzie. Nie będziemy zagłębiać się w to, w jaki sposób funkcja `geom_density()` oblicza gęstość (więcej na ten temat przeczytasz w dokumentacji tej funkcji), warto jednak wyjaśnić, w jaki sposób rysowana jest krzywa gęstości. Posłużymy się do tego analogią. Wyobraź sobie histogram wykonany z drewnianych klocek. Następnie wyobraź sobie, że upuszczasz na niego ugotowane spaghetti. Kształt, jaki przybierze spaghetti położone na klocki, można uznać za kształt krzywej gęstości. Pokazuje ona mniej szczegółów niż histogram, ale może ułatwić szybkie poznanie kształtu rozkładu, a przede wszystkim ustalenie wartości modalnej i skośności.

```
ggplot(penguins, aes(x = body_mass_g)) +  
  geom_density()  
#> Warning: Removed 2 rows containing non-finite values (~stat_density()).
```



Rysunek 1.15. Wykres gęstości

Ćwiczenia

1. Sporządź wykres słupkowy gatunków pingwinów (zmienna `species`), w którym przypiszesz zmienną `species` do właściwości estetycznej `y`. Czym ten wykres różni się od poprzednich?
2. Czym różnią się poniższe dwa wykresy? Która właściwość estetyczna, `color` czy `fill`, jest bardziej przydatna do zmiany koloru słupków?

```
ggplot(penguins, aes(x = species)) +  
  geom_bar(color = "red")  
ggplot(penguins, aes(x = species)) +  
  geom_bar(fill = "red")
```

3. Do czego służy argument `bins` w funkcji `geom_histogram()`?

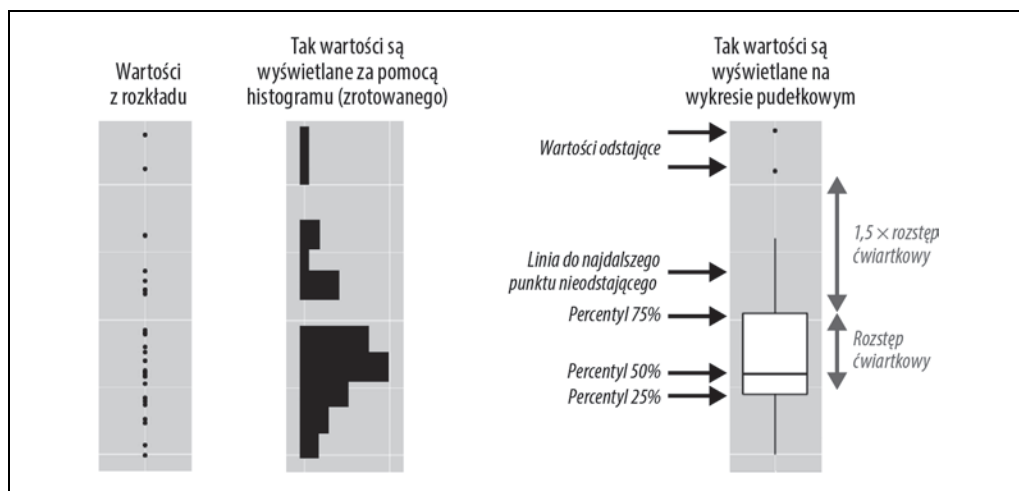
4. Utwórz histogram zmiennej carat ze zbioru danych diamonds, który jest dostępny po wczytaniu pakietu *tidyverse*. Poeksperymentuj z różnymi wartościami argumentu `binwidth`. Jaka wartość tego argumentu ujawnia najbardziej interesujące wzorce?

Wizualizacje relacji

Aby zwizualizować relację, potrzebne są co najmniej dwie zmienne odwzorowane na właściwości estetyczne wykresu. W następnych punktach poznasz wykresy często używane do wizualizowania relacji między dwiema zmiennymi lub większą ich liczbą oraz geomety stosowane do tworzenia takich wykresów.

Zmienne liczbowe i kategoryjne

Aby zwizualizować związek między zmienną liczbową i kategoryjną, można użyć wykresów pudełkowych jeden obok drugiego. **Wykres pudełkowy** to rodzaj wizualnego skrótu dla miar pozycji (percentyli), które opisują rozkład. Jest on również przydatny do identyfikowania ewentualnych wartości odstających. Jak pokazaliśmy na rysunku 1.16, każdy wykres pudełkowy składa się z następujących elementów:



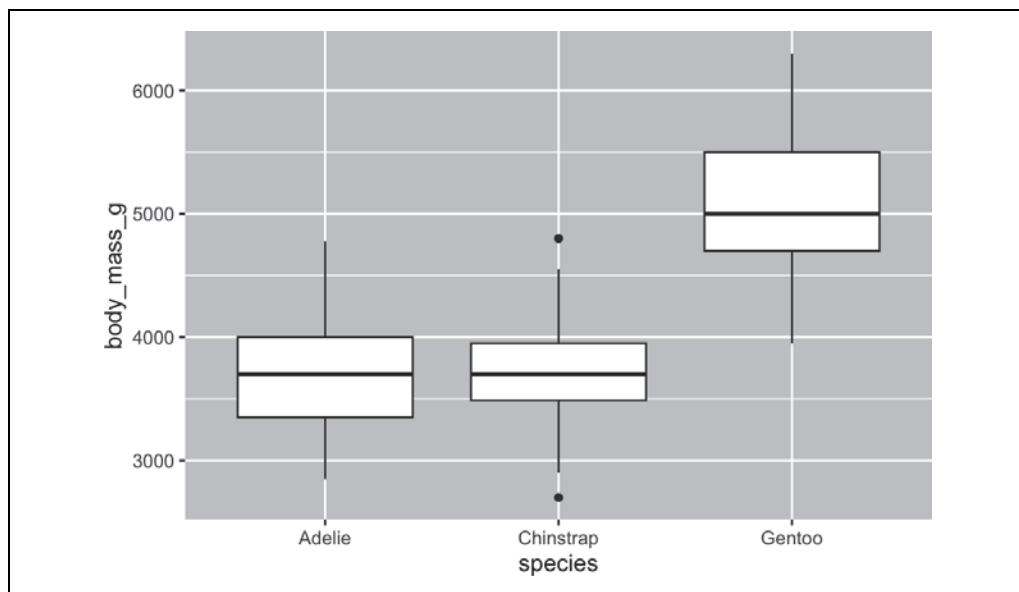
Rysunek 1.16. Rysunek ilustrujący, jak tworzony jest wykres pudełkowy

- „Pudełko”, które określa zakres środkowej połowy danych. Jest to tak zwany **rozstęp ćwiartkowy** (ang. *interquartile range* — IQR). Rozciąga się on od percentyla 25% rozkładu do percentyla 75%. W środku pudełka znajduje się linia, która reprezentuje medianę, czyli percentyl 50% rozkładu. Te trzy linie dają wyobrażenie o rozrzucie rozkładu i o tym, czy rozkład jest symetryczny względem mediany, czy też skośny w którąś ze stron.
- Punkty, które reprezentują obserwacje wykraczające o więcej niż $1,5 \times$ rozstęp ćwiartkowy od dowolnej krawędzi pudełka. Te odstające punkty są nietypowe, dlatego są wyświetlane pojedynczo.

- Linia (lub „wąs”), która rozciąga się od każdego końca pudełka i dochodzi do najdalszego nieodstającego punktu w rozkładzie.

Przyjrzyj się teraz rozkładowi masy ciała poszczególnych gatunków (rysunek 1.17). Użyj funkcji `geom_boxplot()`:

```
ggplot(penguins, aes(x = species, y = body_mass_g)) +
  geom_boxplot()
```



Rysunek 1.17. Rozkład masy ciała poszczególnych gatunków pingwinów

Możesz też wygenerować wykresy gęstości za pomocą funkcji `geom_density()` (rysunek 1.18).

```
ggplot(penguins, aes(x = body_mass_g, color = species)) +
  geom_density(linewidth = 0.75)
```

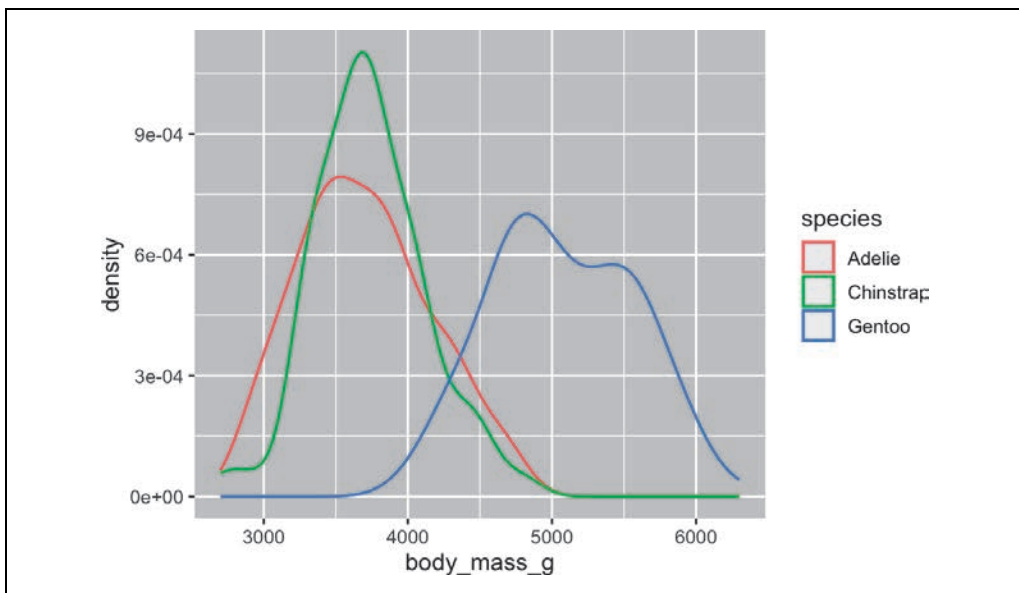
Dostosowaliśmy również grubość linii za pomocą argumentu `linewidth`, aby były lepiej widoczne.

Dodatkowo można odwzorować zmienną `species` na właściwości estetyczne `color` i `fill` oraz użyć właściwości estetycznej `alpha`, aby dodać przezroczystość do wypełnionych krzywych gęstości. Właściwość estetyczna `alpha` przyjmuje wartości od 0 (całkowicie przezroczysty) do 1 (całkowicie nieprzezroczysty). Na poniższym wykresie została użyta wartość 0,5 (rysunek 1.19).

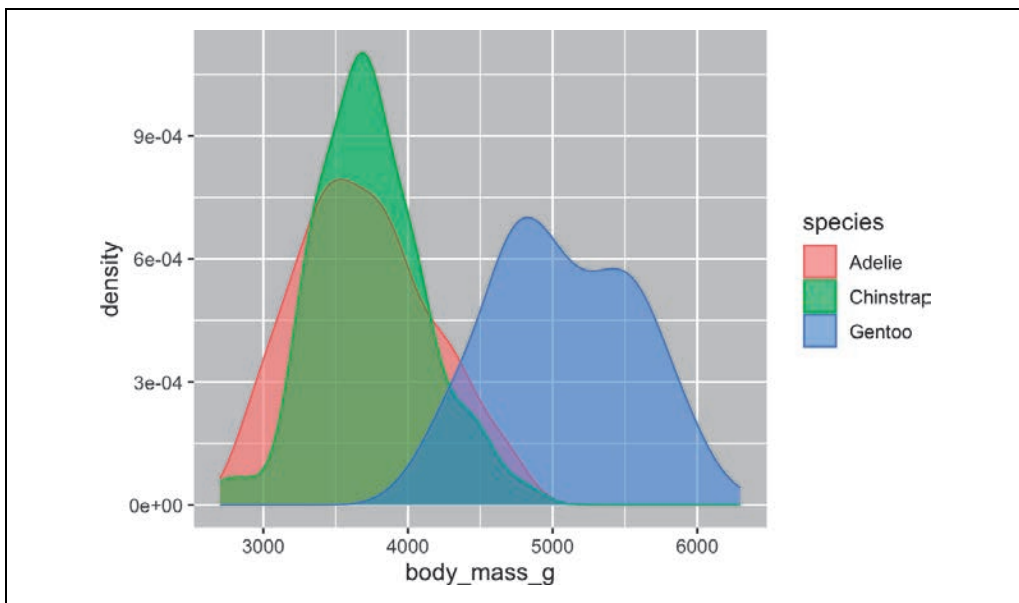
```
ggplot(penguins, aes(x = body_mass_g, color = species, fill = species)) +
  geom_density(alpha = 0.5)
```

Zwróć uwagę na terminologię, której tu używamy:

- *Odwzorowujemy* zmienne na właściwości estetyczne, jeśli chcemy, aby atrybut wizualny powiązany z daną właściwością estetyczną zmieniał się w zależności od wartości tej zmiennej.
- W przeciwnym razie *ustawiamy* wartość właściwości estetycznej.



Rysunek 1.18. Wykres gęstości



Rysunek 1.19. Wykres z częściowo przezroczystymi obszarami

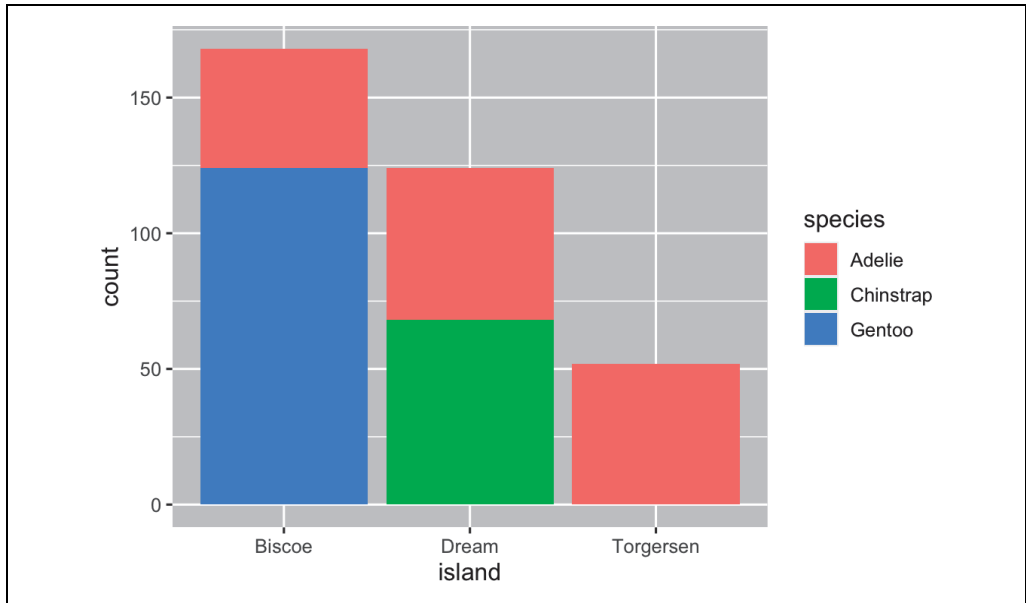
Dwie zmienne kategoryjne

Do wizualizacji relacji między dwiema zmiennymi kategoryjnymi można użyć skumulowanych wykresów słupkowych. Na przykład poniższe dwa wykresy słupkowe przedstawiają związek między

wyspą (zmienna `island`) a gatunkiem (zmienna `species`), a konkretnie wizualizują rozkład gatunków na każdej wyspie.

Pierwszy wykres przedstawia częstotliwość występowania każdego gatunku pingwinów na każdej wyspie. Ten wykres pokazuje, że na każdej wyspie występuje równa liczba pingwinów białookich, ale nie pozwala precyzyjnie ocenić procentowego rozkładu gatunków na każdej wyspie (rysunek 1.20).

```
ggplot(penguins, aes(x = island, fill = species)) +  
  geom_bar()
```

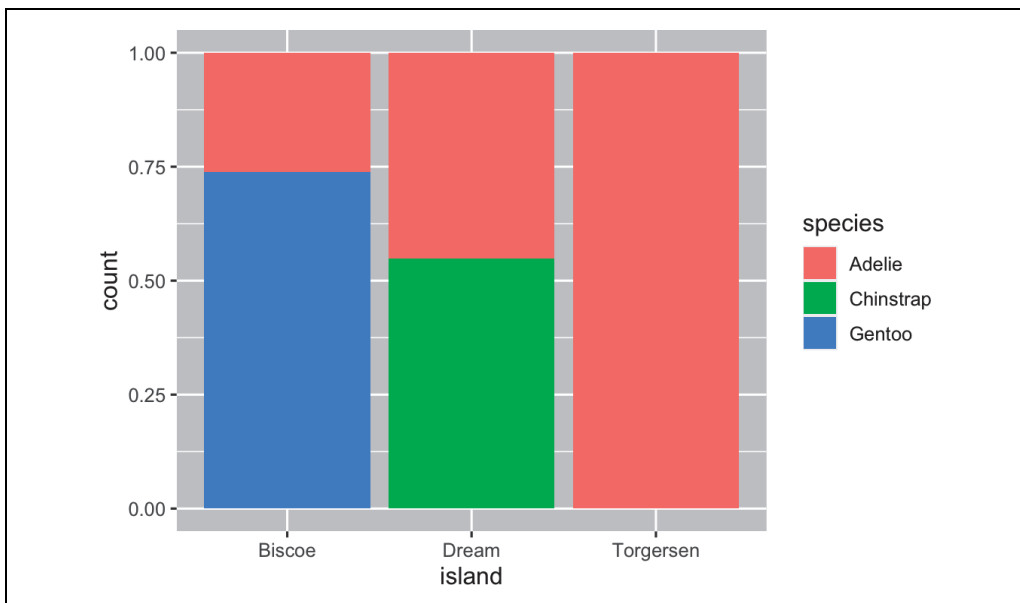


Rysunek 1.20. Na tym wykresie trudno ocenić procentowy rozkład gatunków na poszczególnych wyspach

Drugi wykres (rysunek 1.21) ilustruje względną częstotliwość i został utworzony za pomocą opcji `position = "fill"` dla geomu. Ten wykres jest bardziej przydatny do porównywania rozkładu gatunków na wyspach, ponieważ nie ma na niego wpływu różna liczba pingwinów na wyspach. Na podstawie tego wykresu można stwierdzić, że wszystkie pingwiny białobrewy żyją na wyspie Biscoe i stanowią tam około 75% wszystkich pingwinów, wszystkie pingwiny maskowe żyją na wyspie Dream i stanowią tam około 50% pingwinów, a pingwiny białookie żyją na wszystkich trzech wyspach i jako jedyne zamieszkują wyspę Torgersen.

```
ggplot(penguins, aes(x = island, fill = species)) +  
  geom_bar(position = "fill")
```

Podczas tworzenia wykresów słupkowych należy odwzorować zmienną, która zostanie rozdzielona między słupki, na właściwość estetyczną `x`, a zmienną, która wpływa na kolory wewnątrz słupków, na właściwość estetyczną `fill`.



Rysunek 1.21. Teraz procentowy rozkład jest lepiej widoczny

Dwie zmienne liczbowe

Do tej pory w kontekście wizualizowania relacji między dwiema zmiennymi liczbowymi opisaliśmy wykresy punktowe (tworzone za pomocą funkcji `geom_point()`) i gładkie krzywe (tworzone przy użyciu funkcji `geom_smooth()`). Wykres punktowy jest prawdopodobnie najczęściej używanym wykresem do wizualizowania relacji między dwiema zmiennymi liczbowymi (rysunek 1.22).

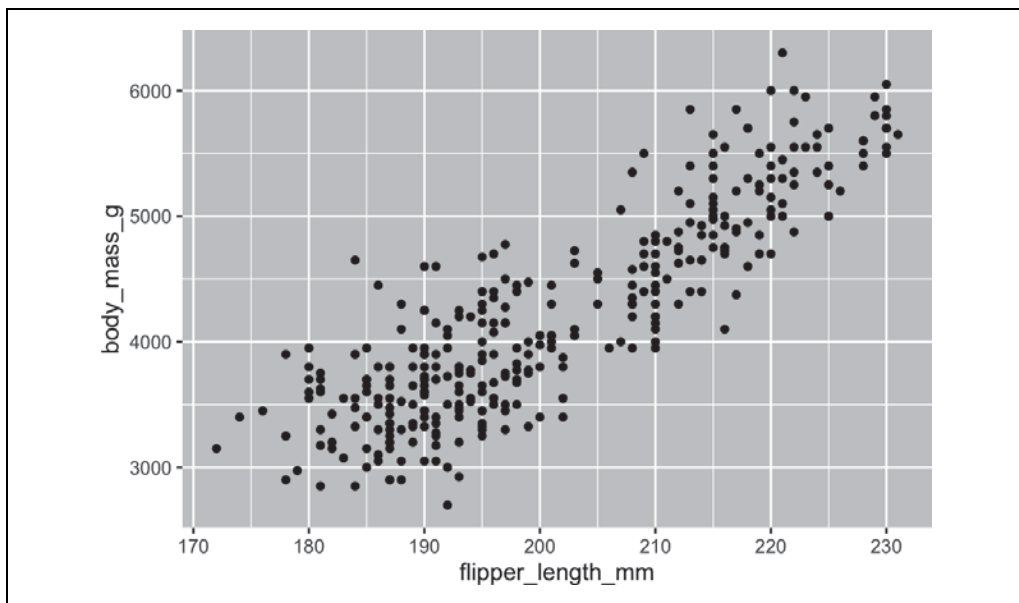
```
ggplot(penguins, aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g)) +
  geom_point()
```

Trzy zmienne lub większa ich liczba

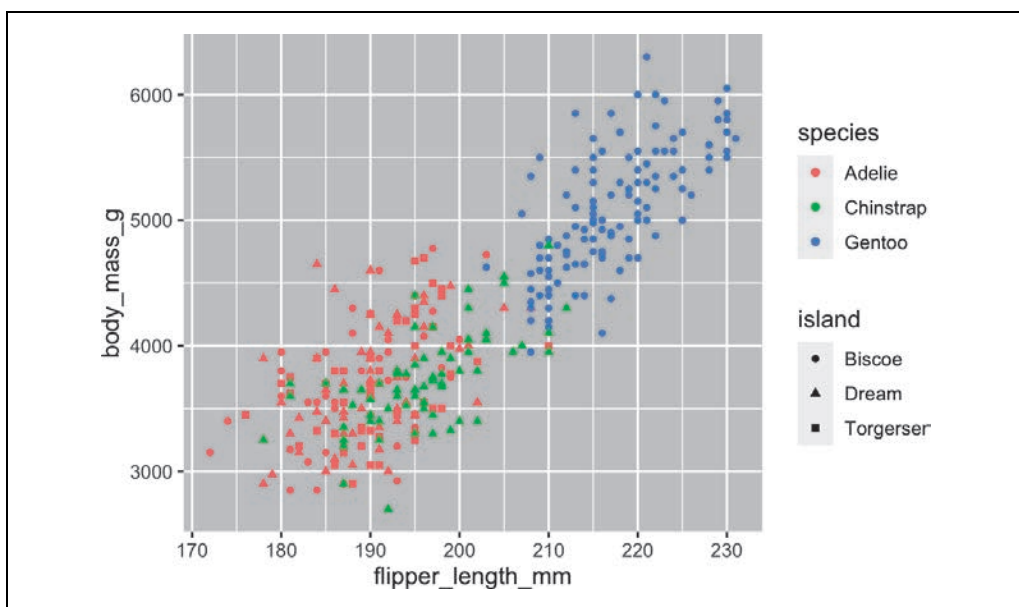
Jak wyjaśniliśmy w podrozdziale „Dodawanie właściwości estetycznych i warstw”, można uwzględnić na wykresie więcej zmiennych dzięki odwzorowaniu ich na dodatkowe właściwości estetyczne. Na przykład na poniższym wykresie punktowym kolory punktów reprezentują gatunki, a kształty punktów reprezentują wyspy (rysunek 1.23).

```
ggplot(penguins, aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g)) +
  geom_point(aes(color = species, shape = island))
```

Jednak dodanie do wykresu zbyt wielu odwzorowań na właściwości estetyczne sprawia, że staje się on przeładowany i mało zrozumiały. Inną opcją, która jest przydatna zwłaszcza dla zmiennych kategorialnych, jest podzielenie wykresu na *fasety*, czyli podwykresy, z których każdy wyświetla jeden podzbiór danych.



Rysunek 1.22. Wykres punktowy



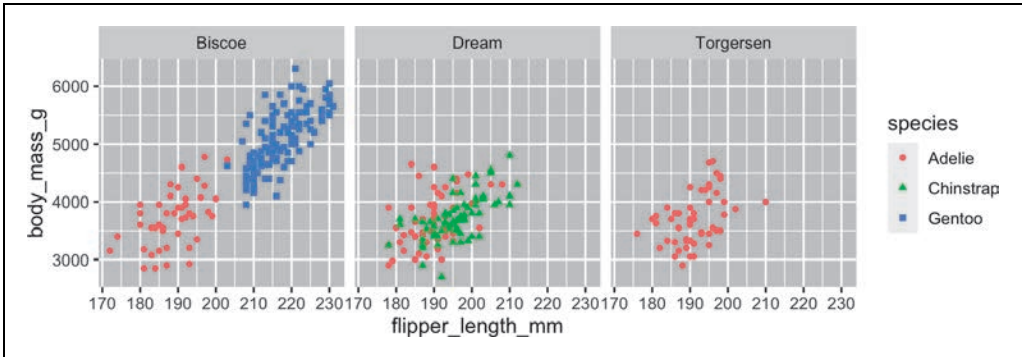
Rysunek 1.23. Różne właściwości estetyczne pozwalają zilustrować dodatkowe informacje

Aby podzielić wykres na fasety (rysunek 1.24) według pojedynczej zmiennej, należy użyć funkcji `facet_wrap()`. Pierwszym argumentem tej funkcji jest formuła³ dodawana za pomocą znaku `~`,

³ W tym miejscu słowo „formuła” oznacza konstrukcję tworzoną za pomocą znaku `~`, a nie synonim słowa „równanie”.

po którym następuje nazwa zmiennej. Zmienna przekazywana do funkcji `facet_wrap()` powinna być zmienną kategorialną.

```
ggplot(penguins, aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g)) +  
  geom_point(aes(color = species, shape = species)) +  
  facet_wrap(~island)
```



Rysunek 1.24. Podwykresy uzyskane na podstawie jednej zmiennej

W rozdziale 9. poznasz wiele innych geomów służących do wizualizowania rozkładów zmiennych i relacji między nimi.

Ćwiczenia

1. Ramka danych `mpg`, która jest dołączona do pakietu `ggplot2`, zawiera 234 obserwacje zebrane przez amerykańską Agencję Ochrony Środowiska na temat 38 modeli samochodów. Które zmienne w ramce danych `mpg` są kategorialne? Które zmienne są liczbowe? Wskazówka: wpisz instrukcję `?mpg`, aby zapoznać się z dokumentacją zbioru danych. Jak można znaleźć te informacje po wpisaniu instrukcji `mpg`?
2. Utwórz wykres punktowy zmiennej `hwy` względem zmiennej `displ` na podstawie ramki danych `mpg`. Następnie odwzoruj trzecią zmienną liczbową na właściwość `color`, potem na właściwość `size`, potem jednocześnie na właściwości `color` i `size`, a potem na właściwość `shape`. Jakie są różnice w działaniu tych właściwości estetycznych dla zmiennych kategorialnych i liczbowych?
3. Co się stanie, jeśli na wykresie punktowym zmiennej `hwy` względem zmiennej `displ` trzecia zmienna zostanie odwzorowana na właściwość `linewidth`?
4. Co się stanie, jeśli ta sama zmienna zostanie odwzorowana na wiele właściwości estetycznych?
5. Utwórz wykres punktowy zmiennej `bill_depth_mm` względem zmiennej `bill_length_mm` i przypisz punktom kolory na podstawie gatunków (zmienna `species`). Co dodanie kolorów na podstawie gatunków ujawnia na temat zależności między tymi dwiema zmiennymi? Czego dowiesz się po podziale wykresu na fasety na podstawie gatunków?
6. Dlaczego poniższy kod generuje dwie odrębne legendy? Jak poprawisz kod, aby połączyć te dwie legendy?

```
ggplot(
  data = penguins,
  mapping = aes(
    x = bill_length_mm, y = bill_depth_mm,
    color = species, shape = species
  )
) +
  geom_point() +
  labs(color = "Species")
```

7. Utwórz dwa skumulowane wykresy słupkowe. Na jakie pytanie można odpowiedzieć za pomocą pierwszego wykresu? Na jakie pytanie można odpowiedzieć na podstawie drugiego wykresu?

```
ggplot(penguins, aes(x = island, fill = species)) +
  geom_bar(position = "fill")
ggplot(penguins, aes(x = species, fill = island)) +
  geom_bar(position = "fill")
```

Zapisywanie wykresów

Po utworzeniu wykresu możesz chcieć usunąć go z R i zapisać jako grafikę, którą możesz wykorzystać w innym miejscu. Służy do tego funkcja `ggsave()`, która zapisuje ostatnio utworzony wykres na dysku:

```
ggplot(penguins, aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g)) +
  geom_point()
ggsave(filename = "penguin-plot.png")
```

Spowoduje to zapisanie wykresu w katalogu roboczym, o czym więcej dowiesz się z rozdziału 6.

Jeśli nie określisz szerokości i wysokości (argumenty `width` i `height`), zostaną one ustalone na podstawie wymiarów bieżącego urządzenia. Jeśli chcesz, by kod działał powtarzalnie, należy określić te argumenty. Więcej informacji na temat funkcji `ggsave()` znajdziesz w dokumentacji.

Zalecamy jednak generowanie raportów końcowych za pomocą Quarto, systemu do powtarzalnego tworzenia materiałów, który umożliwia przeplatanie kodu z tekstem oraz automatyczne dołączanie wykresów. Więcej informacji na temat Quarto znajdziesz w rozdziale 28.

Ćwiczenia

1. Uruchom poniższe wiersze kodu. Który z dwóch wykresów zostanie zapisany w pliku *mpg-plot.png*? Dlaczego?

```
ggplot(mpg, aes(x = class)) +
  geom_bar()
ggplot(mpg, aes(x = cty, y = hwy)) +
  geom_point()
ggsave("mpg-plot.png")
```

2. Co należy zmienić w tym kodzie, aby zapisać wykres w formacie PDF zamiast w formacie PNG? Jak można sprawdzić, jakie typy plików graficznych są obsługiwane przez funkcję `ggsave()`?

Typowe problemy

Gdy zaczniesz uruchamiać kod w języku R, prawdopodobnie napotkasz problemy. Nie przejmuj się — to zdarza się każdemu. Wszyscy piszemy kod w języku R od lat, ale każdego dnia zdarza nam się napisać fragment, który nie działa przy pierwszej próbie uruchomienia!

Zacznij od dokładnego porównania kodu, który uruchamiasz, z kodem w książce. Język R jest niezwykle drobiazgowy, a źle umieszczony znak może wpłynąć na działanie kodu. Upewnij się, że każdy nawias (jest dopasowany do nawiasu), a każdy cudzysłów " ma parę w postaci drugiego cudzysłowu ". Czasami uruchomisz kod i nic się nie stanie. Sprawdź wtedy lewą stronę konsoli. Jeśli widzisz symbol +, oznacza to, że według języka R nie wpisałeś kompletnego wyrażenia, dlatego system czeka, aż je dokończysz. W takiej sytuacji zwykle łatwo jest zacząć pracę od nowa przez wciśnięcie klawisza *Escape*, aby przerwać przetwarzanie bieżącego polecenia.

Jednym z częstych problemów podczas tworzenia grafiki za pomocą pakietu *ggplot2* jest umieszczenie znaku + w niewłaściwym miejscu. Musi on znajdować się na końcu wiersza, a nie na jego początku. Innymi słowy, upewnij się, że przypadkowo nie napisałeś takiego kodu:

```
ggplot(data = mpg)
+ geom_point(mapping = aes(x = displ, y = hwy))
```

Jeśli nadal nie możesz zrobić postępów, spróbuj skorzystać z pomocy. Aby uzyskać pomoc na temat dowolnej funkcji języka R, uruchom polecenie `?nazwa_funkcji` w konsoli lub zaznacz nazwę funkcji i wciśnij klawisz *F1* w środowisku RStudio. Nie przejmuj się, jeśli pomoc nie wydaje się zbyt przydatna. Przejdź wtedy do przykładów i poszukaj kodu, który odpowiada zadaniu, jakie próbujesz wykonać.

Jeśli to nie pomoże, uważnie przeczytaj komunikat o błędzie. Czasami znajdziesz w nim odpowiedź! Ale jeśli dopiero zaczynasz przygodę z językiem R, to nawet jeżeli odpowiedź znajduje się w komunikacie o błędzie, możesz jeszcze nie wiedzieć, jak ją zrozumieć. Innym świetnym narzędziem jest Google. Spróbuj wygooglować komunikat o błędzie, ponieważ jest wysoce prawdopodobne, że ktoś inny miał ten sam problem i uzyskał pomoc w internecie.

Podsumowanie

W tym rozdziale omówiliśmy podstawy wizualizowania danych za pomocą pakietu *ggplot2*. Zaczęliśmy od podstawowej idei działania tego pakietu — wizualizacja to odwzorowanie zmiennych z danych na właściwości estetyczne takie jak położenie, kolor, rozmiar czy kształt. Następnie pokazaliśmy, jak zwiększyć złożoność wykresu i poprawić jego wygląd przez dodawanie kolejnych warstw. Omówiliśmy również wykresy często używane do wizualizacji rozkładu pojedynczej zmiennej, a także opisaliśmy wizualizację relacji między dwiema zmiennymi lub większą ich liczbą z wykorzystaniem dodatkowych odwzorowań na właściwości estetyczne i/lub podziału wykresu na mniejsze części za pomocą fasetów.

W tej książce wielokrotnie będziemy korzystać z wizualizacji. Tam, gdzie będzie to potrzebne, będziemy wprowadzać nowe techniki, a ponadto w rozdziałach od 9. do 11. zagłębimy się w tworzenie wizualizacji za pomocą pakietu *ggplot2*.

Teraz, gdy znasz już podstawy wizualizacji, w następnym rozdziale zamierzamy nieco zmienić temat i przedstawić kilka praktycznych porad dotyczących przepływu pracy. W tej części książki przeplatamy porady dotyczące przepływu pracy z omawianiem narzędzi do danologii, ponieważ pomoże Ci to zachować porządek podczas pisania coraz większej ilości kodu w języku R.

PROGRAM PARTNERSKI

— GRUPY HELION —

- 
1. ZAREJESTRUJ SIĘ
 2. PREZENTUJ KSIĄŻKI
 3. ZBIERAJ PROWIZJĘ

Zmień swoją stronę WWW w działający bankomat!

Dowiedz się więcej i dołącz już dzisiaj!

<http://program-partnerski.helion.pl>

GRUPA
Helion 

To zaskakująco dobra aktualizacja światowej klasy przewodnika po danologii z użyciem języka R

Emma Rand, University of York

Aby w pełni wykorzystać potencjał danych i przekształcać je w wartościową wiedzę, musisz się posługiwać odpowiednimi narzędziami. Szczególnie przyda Ci się znajomość języka R, który pozwala na efektywne wykonywanie zadań, od importowania surowych danych po komunikowanie uzyskanych wyników w zrozumiały sposób.

Oto drugie, zaktualizowane wydanie znakomitego przewodnika dla analityków danych. Dzięki niemu dowiesz się, w jaki sposób używać języka R do importowania, przekształcania i wizualizowania danych, a także do przekazywania uzyskanych wyników analizy. Nauczysz się też rozwiązywać najczęściej występujące problemy, a liczne ćwiczenia ułatwią Ci utrwalenie zdobytej wiedzy. Omówiono tu najnowsze funkcje języka i najlepsze praktyki w data science. Zaprezentowano również zasady korzystania z wielu bibliotek języka R, na przykład tidyverse, służącej do pobierania informacji z różnych źródeł.

Dzięki tej książce nauczysz się:

- wizualizować, czyli tworzyć wykresy na potrzeby eksploracji danych
- przekształcać, czyli pracować z różnymi typami zmiennych
- importować, czyli pobierać dane w formie wygodnej do analizy
- programować, czyli rozwiązywać problemy z danymi za pomocą języka R
- przekazywać informacje, czyli pracować z użyciem Quarto

Hadley Wickham jest głównym specjalistą naukowym w firmie Posit i członkiem R Foundation. Tworzy narzędzia ułatwiające pracę z danymi.

Mine Çetinkaya-Rundel jest dyrektorem studiów licencjackich na Wydziale Nauk Statystycznych Duke University i trenerem programistów w firmie Posit.

Garrett Golemund jest autorem książki *Hands-On Programming with R* i dyrektorem do spraw nauczania w firmie Posit.

Helion
helion.pl
HELION SA
ul. Kościuszki 1c
44-100 Gliwice
tel.: 32 230 98 63
helion@helion.pl

KOD KORZYŚCI
Sięgnij po więcej! ▶



ISBN 978-83-289-0653-2



Cena: 129,00 zł