Trabajo Práctico 1: Introducción al lenguaje R

A partir de la sección 1.2 esta guía debe leerse ejecutando simultáneamente en R todos los comandos indicados.

W. J. Owen 2006. **The R Guide**
http://cran.r-project.org/doc/contrib/Owen-TheRGuide.pdf

Emmanuel Paradis 2003. **R para Principiantes**
http://cran.r-project.org/doc/contrib/rdebuts_es.pdf

Tom Short 2004. **R Reference Card**

http://cran.r-project.org/doc/contrib/Short-refcard.pdf

1.1 Un poco de historia

R es un conjunto de programas integrados para manejo de datos, simulaciones, cálculos y realización de gráficos. Es además un lenguaje de programación orientado a objetos.
R es una implementación libre, independiente, open-source del lenguaje de programación S que actualmente es un producto comercial llamado S-PLUS y es distribuido por Insightful Corporation. El lenguaje S, que fue desarrollado a mediados de los años 70 en Bell Labs (de AT&T y actualmente Lucent Technologies). Originalmente un programa para el sistema operativo Unix, R ahora puede obenerse también en versiones para Windows y Macintosh y Linux. A pesar de que hay diferencias menores entre R y S-PLUS (la mayoría en la interfase gráfica), son esencialmente idénticos.
El proyecto R fue iniciado por Robert Gentleman y Ross Ihaka (de donde se deriva "R") del Statistics Department, University of Auckland, en 1995.
Acualmente R es mantenido por un grupo internacional de desarrolladores *voluntarios*: Core development team.

La página web del proyecto R es `http://www.r-project.org`. Este es el sitio principal sobre información de R: documentación, FAQs (FAQ son las iniciales de Frequently Asked Questions, o sea preguntas más frecuentes).

Para bajar el sofware directamente se puede visitar el **C**omprehensive **R** **A**rchive **N**etwork (CRAN): `http://cran.us.r-project.org/`

La versión actual de R es 2.2.1.

Para analizar los datos de microarreglos utilizaremos el software R y programas específicos desarrollados por BioConductor. Este también está integrado por

desarrolladores voluntarios de software para el análisis y comprensión de datos de genómica, especialmente microarreglos, y se inició a mediados de 2001
(http://www.bioconductor.org/whatisit)

1.2 Iniciando y cerrando R

La forma más fácil de usar R es en forma interactiva mediante la línea de comandos. Una vez instalado hay que hacer un doble click en el ícono de R (en Unix/Linux, se escribe R desde el símbolo de comandos (command prompt)). Cuando R se inicia, aparece la ventana del programa "*Gui*" (graphical user interface) con un mensaje de apertura

```
R : Copyright 2005, The R Foundation for Statistical Computing
Version 2.2.1  (2005-12-20 r36812)
ISBN 3-900051-07-0

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.
```

Debajo del mensaje de apertura en la Consola de R se encuentra el "prompt" que es el símbolo **>** ("mayor").

```
>
```

La mayoría de las expresiones en R se escriben directamente a continuación del "prompt" en la Consola de R.

Si se escribe e intenta ejecutar un comando que se ha escrito en forma incompleta, el programa presenta un "+" que es el prompt de continuación.

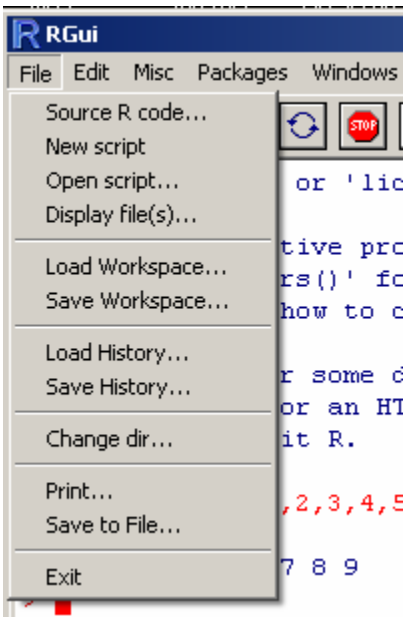
Comencemos agregando a R los paquetes específicos de microarreglos de la página de BioConductor: http://www.bioconductor.org/download/.

La forma más sencilla de instalar los paquetes es utilizando el script de instalación `biocLite.R` (en la próxima sección veremos que es un script, aquí simplemente lo utilizamos). Así es como se usa

En el prompt de se escribe

```
> source("http://www.bioconductor.org/biocLite.R")
> biocLite()
```

Ya tenemos instalados los programas.



Para salir de R, se escribe **q()** o se utiliza la opción Exit que se encuentra abajo en el menú File.

1.3 Tipos de objetos en R

Los objetos primitivos o atómicos de R son:

variables:
- numéricas (integer, double, complex)
- de caracteres
- lógicas

funciones

Presentaremos primero ejemplos de los distintos tipos de variables y veremos más adelante cómo se pueden construir objetos más complejos como vectores, matrices y listas. Presentaremos funciones incorporadas en el R y finalmente veremos cómo como escribir las propias funciones.

1.3.1 Variables

```
> a  <-  49      # <- operador de asignación
                 # no se pueden poner espacios entre el "menor" y el "menos"
                 # se asigna el valor 49 a la variable a
```

```
> a  <-   49                          # variable numérica
>  class(a)
[1] "numeric"
>  a
[1] 49
>  sqrt(a)
[1] 7
```

```
>   a <-  "El perro se comió mi informe"
>   a
[1] "El perro se comió mi informe"
> class(a)                                  # variable caracter
[1] "character"

>   b <- sub("perro","gato",a)  # sustituye una cadena de caracteres
>   b
[1] "El gato se comió mi informe"
```

En el siguiente ejemplo, se asigna a la variable **a** el resultado (verdadero o falso) de una comparación.

```
>   a <-   (1+1==3)   # operador de comparación " == "
>   class(a)
[1] "logical"
>  a
[1] FALSE
```

1.3.2 Vectores

Un vector es una colección ordenada de datos del mismo tipo. Utilizamos la función **c()** y **el operador :** , para generar vectores. Volveremos a ver el operador : más adelante.

```
 > aaa <- c (TRUE, FALSE) #   función c()
>   aaa
[1]  TRUE FALSE
> class(aaa)
[1] "logical"
```

```
> bbb <- c(2.1,3.8)       # vector numérico
>  bbb
[1] 2.1 3.8
> class(bbb)
[1] "numeric"

> ccc <- c("a","b","c")   # vector de caracteres
>  ccc
[1] "a" "b" "c"
> class (ccc)
[1] "character"
```

```
> ddd <- 1:3              # vector de enteros
>  ddd
[1] 1 2 3
> class(ddd)
[1] "integer"
```

Ejemplo: La intensidad estimada de 15488 spots de un microarray es un vector de 15488 números.

- Un número es un caso particular de un vector, que consiste de un solo elemento.

Generación de vectores. La función `c()` y el operador de asignación

Un comando útil en R para entrar una cantidad pequeña de datos es la función **`c()`**. Esta función *combina, concatena* elementos del mismo tipo. Por ejemplo, supongamos que los valores siguientes representan ocho tiradas de un dado equilibrado:

```
2 5 1 6 5 5 4 1
```

Para ingresar estos valores en una sesión de R, *asignándolos* al objeto **`queridostodos`** escribimos

```
> queridostodos <- c(2,5,1,6,5,5,4,1)
```

y si escribimos

```
> queridostodos
```

y oprimimos enter, aparecerá lo siguiente

```
[1] 2 5 1 6 5 5 4 1
>
```

Observaciones:

- Hemos asignado valores a una variable llamada **`queridostodos.`** R distingue mayúsculas y minúsculas de manera que podría haber otra variable distinta llamada **`QueridosTodos.`** El nombre de una variable, tiene que comenzar con una letra y puede contener la mayoría de las combinaciones de letras, números y puntos. No puede nombrarse con números únicamente.
- El operador de asignación "**`<-`**"; está compuesto de un **`<`** ("menor") y un **`-`** ("menos" o "guión") escritos juntos. Se lee como "*toma*", la variable **`queridostodos`** *toma* el valor **`c(2,5,1,6,5,5,4,1)`**. Alternativamente, a partir de la versión 1.4.0 de R también puede utilizarse "**`=`**"como el operador de asignación.

- El valor de **queridostodos** no aparece en pantalla automáticamente. Sí lo hace cuando se escribe el nombre en la línea de comandos, como vimos más arriba.
- El valor de **queridostodos** está precedido con un [1]. Esto indica que el valor es un vector.
- Al concatenar valores numéricos con caracteres, éstos deben estar entre comillas y el vector resultante es un vector de caracteres.

```
> nuevovector <- c(1,2,3, Pedro, Juan)
Error: object "Pedro" not found
> nuevovector <- c(1,2,3, "Pedro", "Juan")
> nuevovector
[1] "1"     "2"     "3"     "Pedro" "Juan"
> class(nuevovector)
[1] "character"
```

1.3.3 Matrices

Consideraremos la función **matrix()** para entender el uso de funciones en R.
Del help obtenemos:

```
 Matrices
Description:
'matrix' creates a matrix from the given set of values.
Usage:
matrix(data = NA, nrow = 1, ncol = 1, byrow = FALSE)
Arguments:
data: the data vector
nrow: the desired number of rows
ncol: the desired number of columns
byrow: logical. If `FALSE' the matrix is filled by columns,
otherwise the matrix is filled by rows.
...
```

Vemos que esta función toma vectores y los transforma en objetos con estructura de matriz. Son 4 los argumentos de esta función. Especifican los datos de entrada, el tamaño del objeto matriz creado y al argumento **byrow** que toma los valores **TRUE** o **T** (verdadero) y **FALSE** o **F** (falso) para especificar cómo son llenados los valores en la matriz.

Habitualmente los argumentos de las funciones tienen valores por *defecto* (*default* values), y vemos que ésto ocurre en los argumentos de la función matrix() de manera que llamar a la función **matrix()** sin argumentos da como resultado una matriz que tiene una fila y una columna con un único valor **NA** (missing o "**N**ot **A**vailable").

```
> matrix()
     [,1]
[1,]   NA
>
```

El siguiente ejemplo es más interesante:

```
> a <- c(1,2,3,4,5,6,7,8)
> A <- matrix(a,nrow=2,ncol=4, byrow=FALSE) # a is diferente de A
> A
[,1] [,2] [,3] [,4]
[1,] 1 3 5 7
[2,] 2 4 6 8
>
```

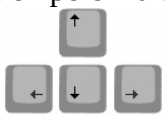
Observe que podríamos haber eliminado **byrow=FALSE** argument, ya que éste es el valor por defecto. Es más, como los argumentos tienen un orden específico podríamos haber escrito

```
> A <- matrix(a,2,4)
```

para obtener el mismo resultado. Pero para evitar confusiones, es conveniente incluir el nombre del argumento en la llamada a una función.

1.4 Facilidades del entorno de R

1.4.1 History

Cada comando que se ejecuta es guardado como Historia (History) y se puede ahorrar mucho tiempo en la escritura de los comandos en R si se aprende a utilizar el teclado de flechas,  adecuadamente. La flecha hacia arriba (↑) navega hacia atrás sobre esta historia de comandos y la flecha hacia abajo (↓) lo hace hacia delante. Las flechas hacia la izquierda (←) y hacia la derecha (→) mueven el cursor en esos sentidos dentro de la línea de comandos. Con teclas, el mouse y las opciones de copiar y pegar es fácil ejecutar comandos previos.

1.4.2 Script

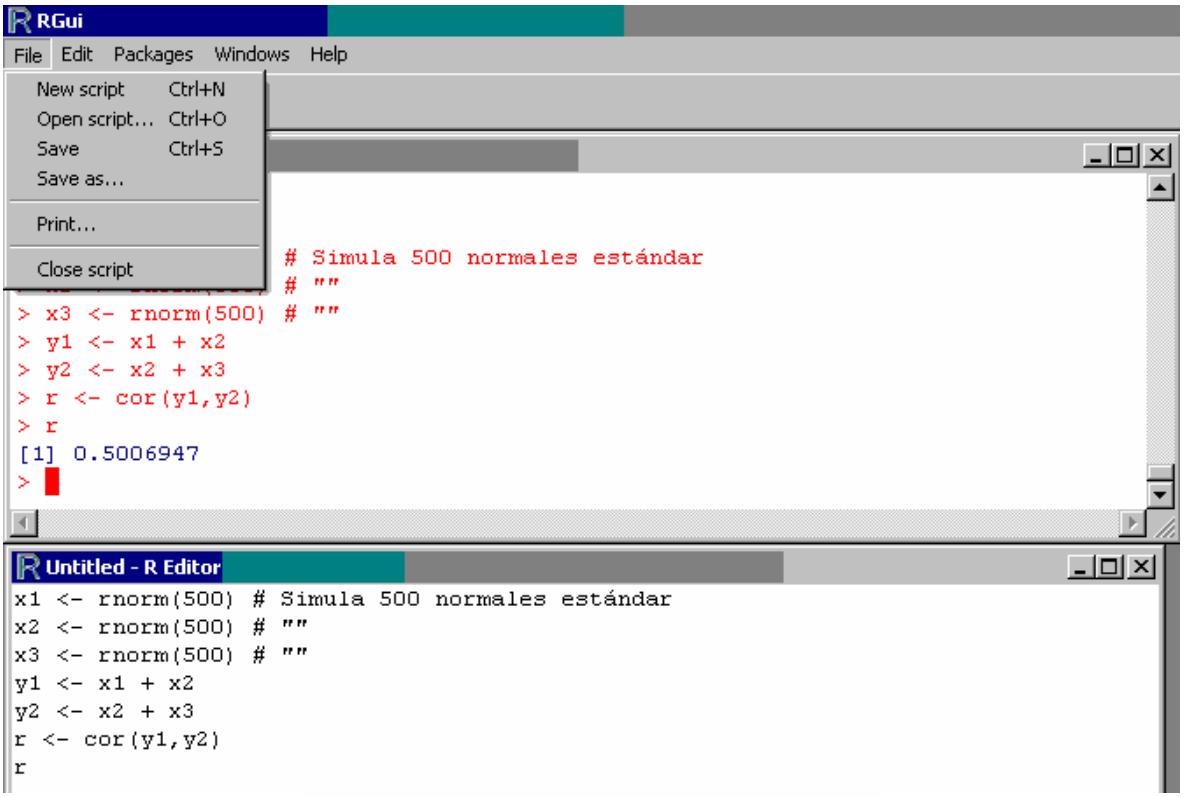
Cuando interesan ejecutar muchos comandos es más útil tener abierta junto con la ventana de comandos de R una ventana del editor que permite generar un archivo **script**. En dicha ventana se puede escribir como en un editor de textos y además ejecutar las instrucciones

Para abrir una ventana con un script nuevo, simplemente se clickea en el menú principal:

```
File -> New script
```

Para ejecutar un comando en la ventana del script hay que seleccionar el o los comandos que interesan y clickear en el ícono de ejecución del menú del editor.

Ejemplo: Se simulan tres muestras normales standard de tamaño 500 asignándolos a las variables x1, x2, x3. Se suman los valores de la primera y la segunda muestra asignándolos a la variable y1, también se suman los de la segunda y la tercera variable asignándolos a la variable y2. Luego se calcula la correlación entre y1 e y2.



Es útil acomodar las dos ventanas, la de comandos y la del editor, para poder verlas simultáneamente.

Esto puede realizarse cambiando la forma de las ventanas “a mano” o mediante la opción:

`Windows -> Tile` del menú principal (ver figura anterior).

Cuando se ejecuta un comando desde el **`script`** los resultados se muestran en la ventana de la consola inicial del `R`.

Con la ventana **`script`** activa es posible guardarlo desde el correspondiente menú

`File -> Save`

o

`File -> Save as...`

Si por ejemplo, lo guardamos como **`corsim.R`** en el disco C:, este archivo **script** se puede volver a utilizar abriéndolo desde el menú principal:

`File -> Open script`

o se lo puede correr, sin abrirlo, escribiendo en la línea de comandos:

```
> source("C:/corsim.R")
> r
[1] 0.4986693
```

Observación: el resultado no es el mismo que antes, a que se puede deber eso?

Nota: para representar directorios y subdirectorios se utiliza la barra de dividir (/), y no (\) como habitualmente se escribe en los sistemas operativos DOS y Windows.

1.4.3 El espacio de trabajo – Workspace

Todas las variables u "objetos" creados en `R` están guardados en lo que se llama el espacio de trabajo o *workspace*. Para ver qué variables están en el espacio de trabajo puede usarse la función **`ls()`**(esta función no necesita argumentos entre los paréntesis). Actualmente tenemos **`queridostodos`** más las generadas al correr el script:

```
> ls()
[1] "queridostodos" "r"            "x1"           "x2"           "x3"
[6] "y1"            "y2"
>
```

Definamos una nueva variable, una función simple de la variable **queridostodos.** Ésta será agregada al espacio de trabajo:

```
> nuevaqueridostodos<- queridostodos/2 # divide cada elemento por 2
> nuevaqueridostodos
```

```
[1] 0.5 1.0 1.5 2.0 2.5 3.0 3.5 4.0 4.5
> ls()
[1] "nuevaqueridostodos" "queridostodos"      "r"
[4] "x1"                 "x2"                 "x3"
[7] "y1"                 "y2"
>
```

Más observaciones:

• A la nueva variable **nuevaqueridostodos** le ha sido asignado el valor de **queridostodos** dividido 2. Continuaremos con expresiones algebraicas en la próxima sección.
• Puede agregarse un comentario en la línea de comandos iniciándolo con el carácter #
R ignora todo lo que figura después de # en una línea de comandos.

Para eliminar objetos en el espacio de trabajo use la función **rm()**:

```
> rm(nuevaqueridostodos,r,x1,x2,y1,y2)
> ls()
[1] "queridostodos" "x3"
```

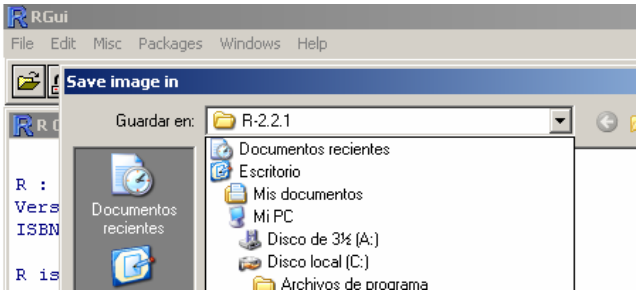
También se pueden eliminar todos los objetos via la opción “Remove all objects” en el “Misc” del menu. Sin embargo, es posible que interese más quitar algunos objetos y guardar otros.

Al salir de R, el programa pregunta si quiere guardar la imagen de su espacio de trabajo (workspace image). Si se clickea en “yes” todos los objetos (los nuevos creados en la sesión actual y los creados en las anteriores) serán guardados y estarán disponibles en la siguiente sesión. Si clickea en “no”, se perderán todos los objetos nuevos y el espacio de trabajo será restaurado al último momento en que la imagen fuera guardada. Es recomendable salvar el trabajo.

Más conveniente aún es *guardar el espacio de trabajo en una carpeta específica*, por ejemplo en C:\microarreglos. Para ello en el **menú principal** de R, seleccionar

File -> Save Workspace -> Save image in

se abre un navegador y se puede elegir la carpeta donde guardar el espacio de trabajo. Al guardarse se genera un ícono de R, que permite abrir el programa desde esa carpeta y con el espacio de trabajo allí guardado.



1.4.4 Ventanas de ayuda

Supongamos por ejemplo que interesa saber algo más sobre la función **`log()`**en R. Los dos comandos siguientes producen el mismo resultado:

```
> help(log)
> ?log
```

Se abre una *Ventana de Ayuda* (*Help Window*) con la siguiente información*:*

```
Logarithms and Exponentials

Description:

     'log' computes natural logarithms, 'log10' computes common (i.e.,
     base 10) logarithms, and 'log2' computes binary (i.e., base 2)
     logarithms. The general form 'logb(x, base)' computes logarithms
     with base 'base' ('log10' and 'log2' are only special cases).

       . . . (salteamos una parte)


Usage:

     log(x, base = exp(1))
     logb(x, base = exp(1))
     log10(x)
     log2(x)
     . . .

Arguments:

       x: a numeric or complex vector.

    base: positive number.  The base with respect to which logarithms
          are computed.  Defaults to e='exp(1)'.

      . . . .
Value:
     A vector of the same length as 'x' containing the transformed
     values.  'log(0)' gives '-Inf' (when available).
```

Vemos que la función **log()** de R es la función matemática logaritmo. Esta función toma dos argumentos: "**x**" es la variable u objecto al que se le tomará logaritmo y "**base**" define qué logaritmo será calculado. Note que por defecto la base es e = 2.718281828.., que corresponde al logaritmo natural. También vemos que hay otras funciones asociadas **log10() y log2()** para el cálculo de los logaritmos en base 10 y base 2 repectivamente.

Ejemplos:

```
> log(100)
[1] 4.60517
> log2(16) # igual a log(16,base=2) o simplemente log(16,2)
[1] 4
> log(1000,base=10) # igual a log10(1000)
[1] 3
>
```

Debido a la naturaleza orientada a objetos de R, también podemos utilizar la función **log()**para calcular el logaritmo de vectores numéricos y matrices, componente a componente:

```
> log2(c(1,2,3,4)) # log base 2 del vector (1,2,3,4)
[1] 0.000000 1.000000 1.584963 2.000000
>
```

También se puede acceder al Help desde el menu en la ventana de R. Este incluye al help que se puede acceder a través de la web. También se puede realizar una búsqueda mediante una palabra clave mediante la función **apropos()**. Por ejemplo, para encontrar todas las funciones de R que contienen la cadena **norm**:

```
> apropos("norm")
[1] "dlnorm" "dnorm" "plnorm" "pnorm" "qlnorm"
[6] "qnorm" "qqnorm" "qqnorm.default" "rlnorm" "rnorm"
>
```

Observe que ponemos doble comillas a la palabra clave pero también funciona con comillas simples (' ').

No podremos acceder utilizando la función **help** a información sobre un tema que no corresponde al nombre de un objeto de R.

```
> help ("DNA")
No documentation for 'DNA' in specified packages and libraries:
you could try 'help.search("DNA")'
> help.search("DNA")
```

La función **`help.search`** permite la búsqueda en documentación del sistema de una cadena de caracteres especificada.

La función **`help.start`** despliega una ventana desde donde se puede acceder a toda la documentación disponible, uso:

```
> help.start()
```

1.4.5 Imprimir y Guardar el trabajo

Seleccionando **`File -> print`** del menú principal se pueden imprimir todos los comandos realizados en la sesión junto con todos los resultados aparecidos en la pantalla (incluidos los errores). Otra forma consiste en copiar y pegar todo lo necesario a un editor de textos (sugerencia: utilice el **`Courier font`** de manera que el formato sea idéntico al de la **`Consola de R`**). También es posible salvar todo lo que está en la **`Consola de R`** utilizando **`File -> Save to File`** del menú principal, parados en la Consola de R.

1.4.6 Otras fuentes de referencia

Es imposible escribir todo sobre R en un documento de un tamaño razonable, pero se pueden encontrar muchos manuales tutoriales y libros como ayuda para aprender a usar R.

La página

http://cran.r-project.org/

es muy útil para ampliar la bibliografía.

Aquí algunos ejemplos más de la documentación disponible

• **El programa `R:`** Desde el Help del menú se puede acceder a los manuales que vienen con el software. Estos están escritos por el grupo de desarrollo de `R.` Algunos son largos y específicos, pero el manual "*An Introduction to R*" es una buena fuente de información útil.

• **Documentación:** El sitio de CRAN http://cran.r-project.org/
tiene contribuciones de los usuarios y algunas son en castellano, como la traducción de "*An Introduction to R*". Allí también se encuentra

"The R Guide" by Jason Owen, guía de la que he tomado gran parte de este material y el que sigue.

R reference card by Tom Short es un resumen de 4 páginas muy útil.

• **Libros:**
Introductory Statistics with R. Peter Dalgaard, Springer-Verlag (2002).
Modern Applied Statistics with S, 4th Ed. by W.N. Venables and B.D. Ripley, Springer-Verlag (2002).

1.5 Ejercicios

1. Utilice el help para hallar información sobre las funciones **`mean`** y **`median`** de R.
2. Obtenga una lista de todas las funciones en R que contienen la cadena de caracteres **`test`**en su nombre.
3. Cree el vector **`info`** que contiene su edad, altura (en cm) y código postal.
4. Cree la matriz **`Ident`** que es la matriz identidad de 3x3.
5. Guarde el trabajo de esta sesión el archivo **`PrimeraR.txt`**.