

# R 프로그래밍 기초다지기

---

## 6강 - 범주형 변수와 시각화

슬기로운통계생활

Issac Lee



**Factor**를 배워보자.



# 팩터 (Factor) 에 대하여



## 범주형 변수를 다루는 도구

- 범주형 변수 (Categorical variable) 는 변수가 가질 수 있는 값이 한정된 변수였다.
- 벡터에 정보가 더 들어가 있는 개체로 볼 수 있음

```
x <- c(1, 13, 5, 2, 1)
x_factor <- factor(x)
x_factor
```

```
## [1] 1 13 5 2 1
## Levels: 1 2 5 13
```

# 팩터를 구성하는 요소



## 벡터 (vector)와 레벨 (Level)

- factor를 factor로 만드는 핵심 요소
- 벡터에 레벨 정보를 입힌 것이 factor라고 생각할 수 있음
- 미리 정의된 레벨 정보를 벡터로 참조하는 구조

```
class(x_factor)
```

```
## [1] "factor"
```

```
unclass(x_factor)
```

```
## [1] 1 4 3 2 1  
## attr(,"levels")  
## [1] "1" "2" "5" "13"
```



# 팩터 (factor) 선언 방법

## factor() 함수를 사용

- 들어가는 내용과 레벨 정보를 입력
- 레벨 값과 정보 값은 다를 수 있음
  - 앞으로 들어올 레벨 값을 처음에 지정
  - 이미 정의된 레벨에 해당하는 값만 넣을 수 있음.

```
x
```

```
## [1] 1 13 5 2 1
```

```
x_factor2 <- factor(x,  
  levels = c(1, 2, 5, 7, 13))  
x_factor2
```

```
## [1] 1 13 5 2 1  
## Levels: 1 2 5 7 13
```

# 레벨 조정하기



## 기존 레벨을 수정

```
x_factor
```

```
## [1] 1 13 5 2 1  
## Levels: 1 2 5 13
```

```
levels(x_factor)
```

```
## [1] "1" "2" "5" "13"
```

```
levels(x_factor) <-  
  paste("school", 1:4)  
x_factor
```

```
## [1] school 1 school 4 school  
## Levels: school 1 school 2 sch
```

# 순서가 존재할 때 (Ordered factor)



## 순위 변수 (Ordinal variables)

- 나쁘다, 중간, 좋다. 의 경우 순서가 존재함.
- 이런 경우 레벨에 코딩을 같이 넣어줄 수 있음.

```
con_vector <- c("bad", "good", "soso", "good")
x_factor3 <- factor(con_vector,
                    levels = c("bad", "soso", "good"),
                    ordered = TRUE)

x_factor3
```

```
## [1] bad good soso good
## Levels: bad < soso < good
```



# tapply() 함수와 팩터

## 팩터 레벨에 따른 함수 적용

- 문법: tapply(대상 벡터, 나누는 기준, 적용함수)

```
age <- sample(20:60, 6)
gender <- sample(c("남자", "여자",
                  6, replace = TRUE
age; gender
```

```
## [1] 49 45 26 27 48 31
```

```
## [1] "남자" "여자" "여자" "여자"
```

```
tapply(age, gender, mean)
```

```
## 남자 여자
## 49.0 35.4
```



# tapply() 함수 응용

## 펭귄 종류별 부리 길이 계산

- 2개 팩터도 가능
- 문제: aggregate() 함수와의 차이점은?

```
library(palmerpenguins)
with(penguins,
      tapply(bill_length_mm,
             species, mean,
             na.rm = TRUE))
```

```
##   Adelie Chinstrap   Gentoo
## 38.79139 48.83382 47.50488
```

```
with(penguins,
      tapply(bill_length_mm,
             list(species, island),
             mean, na.rm = TRUE))
```

```
##           Biscoe   Dream T
## Adelie      38.97500 38.50179
## Chinstrap          NA 48.83382
## Gentoo      47.50488          NA
```



# split() 함수를 사용한 데이터 쪼개기

## 데이터 나누기

- 문법: split(대상, 나누는 기준)

```
x_factor
```

```
## [1] school 1 school 4 school  
## Levels: school 1 school 2 sch
```

```
split(1:5, x_factor)
```

```
## $`school 1`  
## [1] 1 5  
##  
## $`school 2`  
## [1] 4  
##  
## $`school 3`  
## [1] 3  
##  
## $`school 4`  
## [1] 2
```



# by() 함수

tapply() vs. by()

- tapply()의 첫 입력값은 항상 벡터
- by()는 행렬이나 데이터 프레임이 와도 됨

```
with(penguins,  
      tapply(bill_length_mm,  
             species, mean,  
             na.rm = TRUE))
```

```
by(penguins,  
   penguins$species,  
   function(df){ with(df,  
                      var(bill_length_mm,  
                          bill_depth_mm,  
                          na.rm = TRUE)) }  
)
```

```
## penguins$species: Adelie  
## [1] 1.268602  
## -----  
## penguins$species: Chinstrap  
## [1] 2.477801  
## -----  
## penguins$species: Gentoo
```

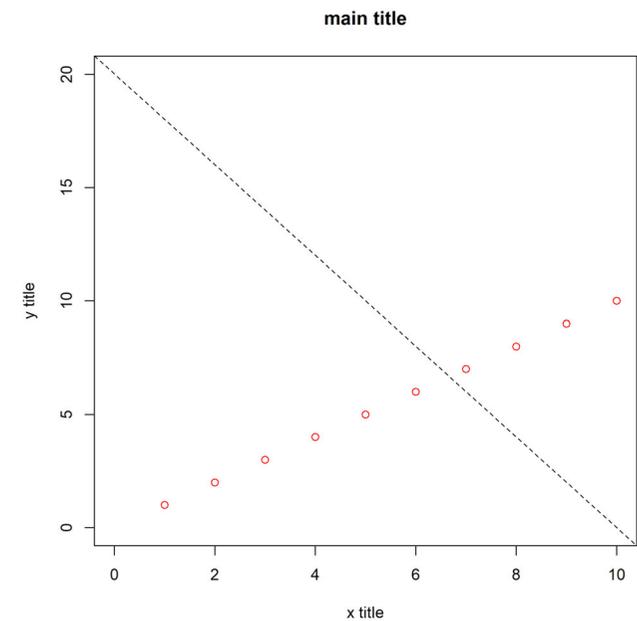
# 시각화 맛보기



## R plot 개념 이해

- 레이어 개념으로 이루어짐

```
plot(0, 0,  
     xlim = c(0, 10),  
     ylim = c(0, 20),  
     type = "n",  
     xlab = "x title",  
     ylab = "y title",  
     main = "main title")  
points(1:10, 1:10, col = "red")  
abline(a = 20, b = -2,  
       lty = "dashed")
```



# 펭귄데이터 시각화

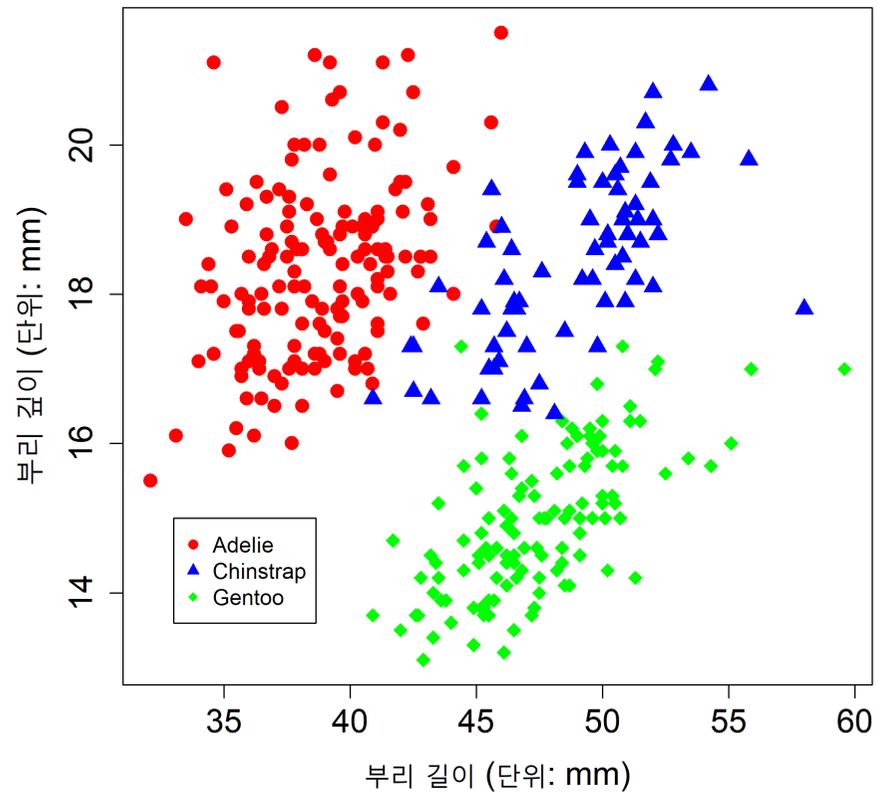


```
with(penguins,  
plot(bill_length_mm,  
      bill_depth_mm,  
      col = c("red", "blue", "green")[as.factor(species)],  
      pch = c(16:18)[as.factor(species)],  
      main = "팔머 펭귄 종류별 부리길이 vs 깊이",  
      xlab = "부리 길이 (단위: mm)",  
      ylab = "부리 깊이 (단위: mm)",  
      cex = 1.5, # 점 크기  
      cex.main = 2, # 제목  
      cex.lab = 1.5, # 축 제목  
      cex.axis = 1.5) # 축 숫자  
)  
legend(33, 15, legend = c("Adelie", "Chinstrap", "Gentoo"),  
       col = c("red", "blue", "green"),  
       pch = 16:18)
```

# 시각화 결과



팔머 펭귄 종류별 부리길이 vs 깊이



# 종별 부리 길이 vs. 깊이



```
mean_points <-  
  aggregate(cbind(bill_length_mm, bill_depth_mm) ~ species,  
            data = penguins,  
            mean)  
names(mean_points) <- c("species", "x", "y")  
mean_points
```

```
##      species      x      y  
## 1   Adelie 38.79139 18.34636  
## 2 Chinstrap 48.83382 18.42059  
## 3   Gentoo 47.50488 14.98211
```

# 주석 (Annotation)

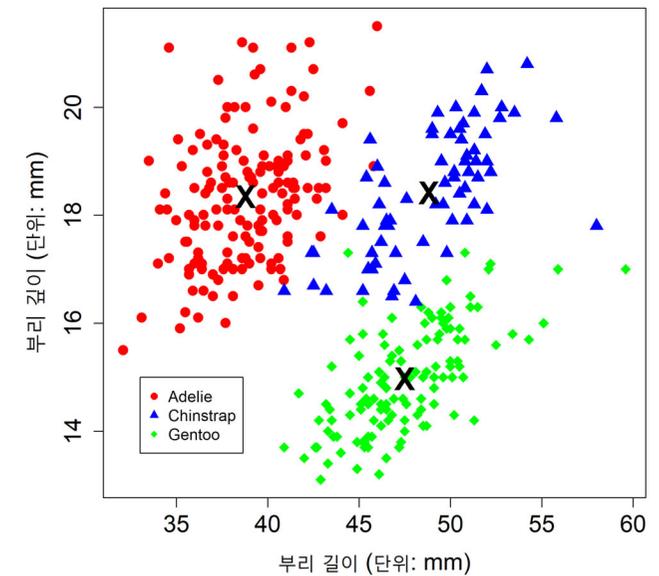


## text() 함수

- 문법: `text(x, y, label)`
- 각 종별 평균 부리 길이 및 깊이 표시

```
text(mean_points[, c("x", "y")],  
     label = "X",  
     font = 2, # 굵게  
     cex = 2) # 크기
```

팔머 펭귄 종류별 부리길이 vs 깊이



# 다음시간



사용자 함수(Function)와 루프(Loops)



## 참고자료 및 사용교재

### [1] [The art of R programming](#)

- R 공부하시는 분이면 꼭 한번 보셔야 하는 책입니다.
- 위 교재의 한글 번역본 [빅데이터 분석 도구 R 프로그래밍](#)도 있습니다. 도서 제목 클릭하셔서 구매하시면 저의 [사리사욕](#)을 충당하는데 도움이 됩니다.