

Řazení datasetů

V této kapitole používám dataframy *spe* a *env* a vektor korelací druhů pakomárů s Froudeho číslem. Všechna data najdete v učebních materiálech v Excelovém souboru ve složce devátého cvičení¹.

Mnohdy potřebujeme data nějak seřadit. Třeba si chceme zběžně prohlédnout rozložení hodnot (hlavně jejich "ocasy"), nebo hledáme patterny mezi dvěma proměnnými, nebo se chceme blíž podívat na část dat, která je nejvíce nebo nejméně něco, nebo jen chceme zjistit nějaké informace o několika "nej" objektech. Důvodů může být hromada. Zde najdete stručný návod, jak objekty řadit.

Funkce spojené s řazením hodnot jsou tři:

- **sort()**
- **rank()**
- **order()**

sort()

Funkce **sort()** **seřadí vlastní hodnoty** objektu podle jejich velikosti, případně abecedy. Můžeme třeba seřadit hodnoty Froudeho čísla pro jejich zběžné prohlédnutí, abychom se rychle podívali na nejnižší a nejvyšší hodnoty. Nejprve je ale zaokrouhlím, ať jsou přehlednější.

```
env$frR<- round(env$fr, 2)
sort(env$frR)

## [1] 0.00 0.02 0.04 0.05 0.05 0.07 0.07 0.13 0.13 0.14 0.14 0.14 0.14 0.17 0.18
## [15] 0.18 0.22 0.24 0.30 0.30 0.33 0.41 0.43 0.48 0.51 0.52 0.54 0.56
```

Řazení funguje nejen na numerických hodnotách, ale i na logických a textových. Na logických to ale asi nemá valný smysl.

```
sort(env$frR>0.23)

## [1] FALSE FALSE
## [12] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
## [23] TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE

sort(rownames(env))

## [1] "s1"  "s10" "s11" "s12" "s13" "s14" "s15" "s16" "s17" "s18" "s19"
## [12] "s2"  "s20" "s21" "s22" "s23" "s24" "s25" "s26" "s27" "s3"   "s4"
## [23] "s5"  "s6"  "s7"  "s8"  "s9"
```

rank()

Funkce **rank()** vrátí **pořadí hodnot, v jakém jsou** v daném objektu. Tuto funkci použijeme např. při neparametrických testech, kdy chceme pracovat s pořadími hodnot, nebo chceme-li zjistit pořadí nějakého měření vzhledem k ostatním.

¹Opět, jedná se o abundance larev pakomárů na ploškách dna v řece Svatce (dataframe *spe*). Pro každou plošku je zaznamenán typ habitatu (5 kategorií), hloubka vody a rychlosť proudu a vypočítáno Froudeho číslo (hydraulický parametr). Vektor *korelace* obsahuje Spearmanovy korelace abundancí druhů s Froudeho číslem.

```
env$frR

## [1] 0.14 0.18 0.14 0.05 0.05 0.07 0.30 0.43 0.33 0.41 0.22 0.52 0.07 0.18
## [15] 0.30 0.17 0.14 0.24 0.04 0.48 0.51 0.13 0.13 0.56 0.54 0.00 0.02

sort(env$frR)

## [1] 0.00 0.02 0.04 0.05 0.05 0.07 0.07 0.13 0.13 0.14 0.14 0.14 0.17 0.18
## [15] 0.18 0.22 0.24 0.30 0.30 0.33 0.41 0.43 0.48 0.51 0.52 0.54 0.56

rank(env$frR)

## [1] 11.0 14.5 11.0 4.5 4.5 6.5 18.5 22.0 20.0 21.0 16.0 25.0 6.5 14.5
## [15] 18.5 13.0 11.0 17.0 3.0 23.0 24.0 8.5 8.5 27.0 26.0 1.0 2.0
```

Pokud se stane, že se nějaká hodnota v objektu opakuje, její (vlastně jejich) pořadí je průměrem jejich pozice v seřazeném objektu. Například hodnota 0,14 je ve vektoru Froudových čísel třikrát: na první, třetí a sedmnácté pozici. Když vektor seřadíme, dostanou se na pozice 10 - 12. Průměr z hodnot 10, 11 a 12 je 11, proto pořadí (rank) hodnoty 0,14 je 11.

order()

Při řazení objektů nejčastěji sáhneme k funkci `order()`. Ta nám vrátí **pořadí hodnot, jak by měly být poskládané, aby byly seřazené** podle velikosti nebo podle abecedy. Toto pořadí následně můžeme použít jako numerický subscript pro seřazení jakýchkoliv i jiných objektů podle dané proměnné, případně proměnných.

```
env$frR

## [1] 0.14 0.18 0.14 0.05 0.05 0.07 0.30 0.43 0.33 0.41 0.22 0.52 0.07 0.18
## [15] 0.30 0.17 0.14 0.24 0.04 0.48 0.51 0.13 0.13 0.56 0.54 0.00 0.02

order(env$frR)

## [1] 26 27 19 4 5 6 13 22 23 1 3 17 16 2 14 11 18 7 15 9 10 8 20
## [24] 21 12 25 24
```

Výsledek funkce `order()` říká: "Aby ten vektor byl popořadě, dej na první pozici 26. hodnotu, pak 27., pak 19., 4., ... a nakonec 24.". Opravdu, 26. hodnota je nejnižší (0,00), 27. druhá nejnižší (0,02), ... a nakonec 24. nejvyšší (0,56).

Tedy

```
sort(env$frR)

## [1] 0.00 0.02 0.04 0.05 0.05 0.07 0.07 0.13 0.13 0.14 0.14 0.14 0.17 0.18
## [15] 0.18 0.22 0.24 0.30 0.30 0.33 0.41 0.43 0.48 0.51 0.52 0.54 0.56
```

nám vrátí stejný výsledek jako

```
env$frR[order(env$frR)]

## [1] 0.00 0.02 0.04 0.05 0.05 0.07 0.07 0.13 0.13 0.14 0.14 0.14 0.17 0.18
## [15] 0.18 0.22 0.24 0.30 0.30 0.33 0.41 0.43 0.48 0.51 0.52 0.54 0.56
```

Podle jedné proměnné můžeme tedy seřadit proměnnou jinou, třeba abundance druhu *Microtendipes chloris*, nebo řádky dataframu *env*:

```
spe$micrchg[order(env$frR)]  
  
## [1] 287 126 25 14 30 31 213 8 5 25 31 1 0 31 0 0 0  
## [18] 0 9 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0  
  
env[order(env$frR),]  
  
##      gr_env depth   vel      fr   frR  
## s26 Ep_CPOM 0.124 0.002 0.001813 0.00  
## s27 Ep_CPOM 0.478 0.044 0.020319 0.02  
## s19     Ep 0.162 0.050 0.039662 0.04  
## s4   Ep_FPOM 0.291 0.078 0.046165 0.05  
## s5   Ep_FPOM 0.320 0.092 0.051925 0.05  
## s6   Ep_FPOM 0.328 0.126 0.070242 0.07  
## s13  Ep_CPOM 0.184 0.088 0.065500 0.07  
## s22     Ep 0.340 0.246 0.134698 0.13  
## s23     Ep 0.344 0.234 0.127380 0.13  
## s1     Ep 0.395 0.274 0.139193 0.14  
## s3     Ep 0.496 0.310 0.140536 0.14  
## s17    Ep 0.454 0.286 0.135520 0.14  
## s16    Ep 0.501 0.372 0.167799 0.17  
## s2     Ep 0.422 0.358 0.175951 0.18  
## s14    Ep 0.155 0.224 0.181655 0.18  
## s11   Er_VEG 0.236 0.334 0.219511 0.22  
## s18   Er_VEG 0.200 0.340 0.242733 0.24  
## s7     Er 0.278 0.490 0.296715 0.30  
## s15   Er_VEG 0.279 0.496 0.299809 0.30  
## s9     Er 0.243 0.508 0.329023 0.33  
## s10   Er_VEG 0.353 0.758 0.407331 0.41  
## s8     Er 0.213 0.618 0.427528 0.43  
## s20    Er 0.290 0.804 0.476675 0.48  
## s21   Er_VEG 0.138 0.590 0.507082 0.51  
## s12   Er_VEG 0.245 0.810 0.522477 0.52  
## s25    Er 0.139 0.630 0.539509 0.54  
## s24   Er_VEG 0.300 0.958 0.558432 0.56
```

A nemusíme se omezovat na řazení podle jedné proměnné, ale můžeme jich použít, kolik chceme. Třeba seřadíme dataframe *env* podle typu habitatu a uvnitř habitatu podle Froudeho čísla:

```
env[order(env$gr_env, env$frR),]  
  
##      gr_env depth   vel      fr   frR  
## s19     Ep 0.162 0.050 0.039662 0.04  
## s22     Ep 0.340 0.246 0.134698 0.13  
## s23     Ep 0.344 0.234 0.127380 0.13  
## s1     Ep 0.395 0.274 0.139193 0.14  
## s3     Ep 0.496 0.310 0.140536 0.14  
## s17    Ep 0.454 0.286 0.135520 0.14  
## s16    Ep 0.501 0.372 0.167799 0.17  
## s2     Ep 0.422 0.358 0.175951 0.18
```

```

## s14      Ep 0.155 0.224 0.181655 0.18
## s26  Ep_CPOM 0.124 0.002 0.001813 0.00
## s27  Ep_CPOM 0.478 0.044 0.020319 0.02
## s13  Ep_CPOM 0.184 0.088 0.065500 0.07
## s4   Ep_FPOM 0.291 0.078 0.046165 0.05
## s5   Ep_FPOM 0.320 0.092 0.051925 0.05
## s6   Ep_FPOM 0.328 0.126 0.070242 0.07
## s7    Er 0.278 0.490 0.296715 0.30
## s9    Er 0.243 0.508 0.329023 0.33
## s8    Er 0.213 0.618 0.427528 0.43
## s20   Er 0.290 0.804 0.476675 0.48
## s25   Er 0.139 0.630 0.539509 0.54
## s11  Er_VEG 0.236 0.334 0.219511 0.22
## s18  Er_VEG 0.200 0.340 0.242733 0.24
## s15  Er_VEG 0.279 0.496 0.299809 0.30
## s10  Er_VEG 0.353 0.758 0.407331 0.41
## s21  Er_VEG 0.138 0.590 0.507082 0.51
## s12  Er_VEG 0.245 0.810 0.522477 0.52
## s24  Er_VEG 0.300 0.958 0.558432 0.56

```

A samozřejmě lze řadit i sestupně, od největšího po nejmenší. K tomu buď můžeme použít argument `decreasing=` (funguje i u funkce `sort()`, nebo znaménko mínsus `-`. Budu šetřit místo a seřadím abundance druhu *Microtendipes chloris* podle Froudeho čísla, tentokrát sestupně.

```

spe$micrchgr[order(env$frR, decreasing=T)]
## [1] 0 0 0 0 0 0 0 0 0 9 0 0 0 31 0 0 25 31
## [18] 1 8 5 31 213 14 30 25 126 287

spe$micrchgr[order(-env$frR)]
## [1] 0 0 0 0 0 0 0 0 0 9 0 0 0 31 0 0 25 31
## [18] 1 8 5 31 213 14 30 25 126 287

```

Výběr “nej” elementů

Řazení můžeme využít i k vybrání “nej” elementů. Jednoduše objekt podle nějaké proměnné seřadíme, a pak z něj vybereme prvních x elementů. Dostaneme tak podsoubor x “nej” elementů. Například se můžeme zeptat na jména deseti nejpočetnějších druhů:

```

names(spe)[order(-colSums(spe))][1:10]

## [1] "Synosemi" "Orthobum" "rheotasp" "micrchgr" "Orthrubi" "tvetbaca"
## [7] "thieGrGe" "tvetdive" "mictrasp" "corysp."

# nebo
names(spe)[order(-colSums(spe))[1:10]]

## [1] "Synosemi" "Orthobum" "rheotasp" "micrchgr" "Orthrubi" "tvetbaca"
## [7] "thieGrGe" "tvetdive" "mictrasp" "corysp."

```

Nebo si můžeme vypsat abundance sedmi (aby se mi vešli na stránku) druhů, které nejlíp korelovaly s Froudovým číslem:

	micrchgr	tvetdive	tvetbaca	cromussp	orththie	thieGrGe	cricbigr
## s1	25	4	4	0	0	5	2
## s2	31	7	11	0	0	15	7
## s3	31	5	8	0	0	8	0
## s4	14	1	2	0	0	17	0
## s5	30	0	2	10	0	59	0
## s6	31	0	0	4	0	61	1
## s7	0	9	5	0	0	5	2
## s8	0	4	0	0	1	0	1
## s9	0	5	4	0	2	1	7
## s10	0	17	25	0	0	0	6
## s11	0	12	11	0	0	1	7
## s12	0	32	38	0	1	1	13
## s13	213	0	2	20	0	72	0
## s14	0	2	4	1	0	3	2
## s15	9	64	83	0	1	17	3
## s16	0	1	2	0	0	1	2
## s17	1	0	0	0	1	4	0
## s18	0	53	86	0	1	3	9
## s19	25	2	3	1	0	14	0
## s20	0	41	25	0	0	13	0
## s21	0	87	127	0	3	10	2
## s22	8	5	2	6	0	13	0
## s23	5	0	0	7	0	6	0
## s24	0	116	177	0	2	6	3
## s25	0	10	10	0	1	1	1
## s26	287	1	1	5	0	127	0
## s27	126	2	0	2	0	32	0

Abychom v tom něco dokázali vykoukat, můžeme seřadit řádky podle Froudeho čísla:

	micrchgr	tvetdive	tvetbaca	cromussp	orththie	thieGrGe	cricbigr
## s26	287	1	1	5	0	127	0
## s27	126	2	0	2	0	32	0
## s19	25	2	3	1	0	14	0
## s4	14	1	2	0	0	17	0
## s5	30	0	2	10	0	59	0
## s13	213	0	2	20	0	72	0
## s6	31	0	0	4	0	61	1
## s23	5	0	0	7	0	6	0
## s22	8	5	2	6	0	13	0
## s17	1	0	0	0	1	4	0
## s1	25	4	4	0	0	5	2
## s3	31	5	8	0	0	8	0
## s16	0	1	2	0	0	1	2
## s2	31	7	11	0	0	15	7
## s14	0	2	4	1	0	3	2
## s11	0	12	11	0	0	1	7

## s18	0	53	86	0	1	3	9
## s7	0	9	5	0	0	5	2
## s15	9	64	83	0	1	17	3
## s9	0	5	4	0	2	1	7
## s10	0	17	25	0	0	0	6
## s8	0	4	0	0	1	0	1
## s20	0	41	25	0	0	13	0
## s21	0	87	127	0	3	10	2
## s12	0	32	38	0	1	1	13
## s25	0	10	10	0	1	1	1
## s24	0	116	177	0	2	6	3

A sloupce podle odpovědi druhů (jestli jeho abundance s Froudeho číslem klesá nebo stoupá):

# to je lepsi rozdelit do nekolika kroku.							
# nejprve omezime dataframe spe na 7 druhu, ktere nejlip koreluji a seradime jeho radky podle Froudeho čísla							
spe.vyb<- spe[order(env\$fr),order(-abs(korelace))[1:7]]							
# ted stejne omezime vektor korelace a logicky vektor odlišujici druhy s kladnou a zapornou korelací							
kor.vyb<- korelace[order(-abs(korelace))[1:7]]							
vetsi.vyb<- (korelace>0)[order(-abs(korelace))[1:7]]							
# a nakonec omezeny dataframe seradime podle omezenych vektoru:							
spe.vyb[, order(vetsi.vyb, -abs(kor.vyb))]							
## micrchgr cromussp thieGrGe tvetdive tvetbaca orththie cricbigr							
## s26	287	5	127	1	1	0	0
## s27	126	2	32	2	0	0	0
## s19	25	1	14	2	3	0	0
## s4	14	0	17	1	2	0	0
## s5	30	10	59	0	2	0	0
## s13	213	20	72	0	2	0	0
## s6	31	4	61	0	0	0	1
## s23	5	7	6	0	0	0	0
## s22	8	6	13	5	2	0	0
## s17	1	0	4	0	0	1	0
## s1	25	0	5	4	4	0	2
## s3	31	0	8	5	8	0	0
## s16	0	0	1	1	2	0	2
## s2	31	0	15	7	11	0	7
## s14	0	1	3	2	4	0	2
## s11	0	0	1	12	11	0	7
## s18	0	0	3	53	86	1	9
## s7	0	0	5	9	5	0	2
## s15	9	0	17	64	83	1	3
## s9	0	0	1	5	4	2	7
## s10	0	0	0	17	25	0	6
## s8	0	0	0	4	0	1	1
## s20	0	0	13	41	25	0	0
## s21	0	0	10	87	127	3	2
## s12	0	0	1	32	38	1	13
## s25	0	0	1	10	10	1	1
## s24	0	0	6	116	177	2	3