

Pacotes a serem instalados: gmodels, RWeka, class, psych, rpart.plot, stats,

Estrutura de dados:

- dataframe: é uma das estruturas mais utilizadas no R. É uma lista encadeada de vetores. Usado para implementar tabelas com várias funcionalidades como, por exemplo, acrescentar e remover linhas e colunas.

Comandos R:

```
#Lê um arquivo csv e carrega em um dataframe
```

```
dados <- read.csv("nomearq.csv", stringsAsFactors = FALSE)
```

```
# Opções: sep, nrow, skip, header
```

```
dados <- read.csv("nomearq.csv", stringsAsFactors = FALSE, sep = "#", nrow = 100)
```

```
#Escreve os dados em um arq csv
```

```
write.csv(pt_data, file = "nomearq.csv", row.names = FALSE)
```

```
#Eliminar coluna
```

```
dados <- dados[-3]
```

```
#Definir nomes para colunas e linhas de uma matriz
```

```
rownames(baskets.team) <- c("Granny", "Geraldine")
```

```
colnames(baskets.team) <- c("1st", "2nd", "3th", "4th", "5th", "6th")
```

```
#Adicionar colunas ao dataframe
```

```
cbind(..., deparse.level = 1)
```

...: algum objeto do R (dataframe, matrix, etc)

```
#Adicionar linhas ao dataframe
```

```
rbind(..., deparse.level = 1)
```

```
rbind(..., deparse.level = 1, make.row.names = TRUE, stringsAsFactors = default.stringsAsFactors(),  
factor.exclude = NA)
```

```
#Argumentos de cbind e rbind
```

...

(generalized) vectors or matrices. These can be given as named arguments. Other R objects may be coerced as appropriate, or S4 methods may be used: see sections 'Details' and 'Value'. (For the "data.frame" method of cbind these can be further arguments to data.frame such as stringsAsFactors.)

deparse.level

integer controlling the construction of labels in the case of non-matrix-like arguments (for the default method): deparse.level = 0 constructs no labels; the default, deparse.level = 1 or 2 constructs labels from the argument names, see the 'Value' section below.

make.row.names

(only for data frame method:) logical indicating if unique and valid row.names should be constructed from the arguments.

stringsAsFactors

logical, passed to as.data.frame; only has an effect when the ... arguments contain a (non-data.frame) character.

factor.exclude

if the data frames contain factors, TRUE ensures that NA levels of factors are kept, see 17562 and the 'Data frame methods'. In R versions up to 3.6.x, factor.exclude = NA has been implicitly hardcoded (R <= 3.6.0) or the default (R = 3.6.x, x >= 1).

```
#Distribuição de um atributo nominal. $: acessa uma coluna específica
```

```
t <- table(dados$diagnostico)
prop.table(t)
```

```
#Estatísticas de um atributo numérico
summary(dados$km)
```

```
#Exibe a estrutura de um objeto: tipos das colunas, valores, número de registros
str(dados)
```

```
#Boxplot
boxplot(dados, main = "título", ylab = "label em y")
```

```
#Histograma
hist(dados, main = "título", xlab = "label no eixo x")
```

```
#Scatter plot (visualização da relação entre dois atributos)
plot( x = atributo1, y = atributo2, main = "título", xlab = "label no eixo x", ylab = "label no eixo y")
```

```
#Criando uma variável indicadora
usedcars$conservative <- usedcars$colors %in% c("Preta", "Branca", "Cinza", "Prata")
```

Obs: c("Preta", "Branca", "Cinza", "Prata") cria um vetor coluna com os valores passados entre parênteses .

```
#CrossTable
CrossTable é usada para verificar a relação entre duas variáveis nominais e também para avaliar a performance de um modelo (exibindo falsos positivos, falsos negativos, etc).
```

```
Ex: verificar a relação entre o modelo e as cores conservativas
CrossTable(usedcars$model, usedcars$conservative)
```

```
#lapply
lapply: aplica uma função a cada elemento de uma lista.
lapply é usada para aplicar uma função a cada atributo (coluna) de um dataframe.
```

```
Ex: exemplo de normalização
w_n <- as.data.frame(lapply(w[2:31],normalize))
```

```
#Criação das bases de treinamento e teste:
train <- base[inicio:fim, ]
test <- base[fim + 1: fim2, ]
```

Sintaxe: [row, column]

#A variável alvo de todo algoritmo de classificação deve ser codificada como um fator (factor):

```
w$diagnostico <- factor(w$diagnostico, levels = c("B", "M"), labels = c("Benigno", "Maligno"))
```

```
#Acessar um conjunto de colunas:
w[c("coluna1", "coluna2")]
```