Tutorial R Módulo 1. Importando planilhas do Excel

Disciplina de Ecologia Numérica*

Prof. Elvio S. F. Medeiros Laboratório de Ecologia
Universidade Estadual da Paraíba Campus V, João Pessoa, PB

17/01/2026

A importação de planilhas do Excel para o ambiente de programação R é uma tarefa fundamental para análise de dados e estatísticas. Através da importação de planilhas do Excel, é possível transformar dados armazenados em formatos familiares em estruturas que podem ser manipuladas e exploradas de maneira eficaz no R. Isso permite a aplicação de diversas técnicas estatísticas e criação de visualizações informativas, contribuindo para a tomada de decisões embasadas em dados. Neste contexto, entender como importar dados do Excel para o R é um passo crucial para realizar análises de alta qualidade e obter insights significativos a partir dos conjuntos de dados disponíveis.

Índice

*Curso de Ciências Biológicas do Campus V da UEPB

Lista de Figuras

Lista de Tabelas

1 Apresentação

A importação de planilhas do Excel para o ambiente de programação R é uma tarefa fundamental para análise de dados e estatísticas. O R é uma linguagem de programação amplamente utilizada por cientistas de dados, pesquisadores e analistas para manipular,

visualizar e modelar informações. Através da importação de planilhas do Excel, é possível transformar dados armazenados em formatos familiares em estruturas que podem ser manipuladas e exploradas de maneira eficaz no R. Isso permite a aplicação de diversas técnicas estatísticas e criação de visualizações informativas, contribuindo para a tomada de decisões embasadas em dados. Neste contexto, entender como importar dados do Excel para o R é um passo crucial para realizar análises de alta qualidade e obter insights significativos a partir dos conjuntos de dados disponíveis.

2 Instalação do R e RStudio

2.1 R base

1. O primeiro passo é entrar na página do projeto CRAN (Comprehensive R Archive Network) https://www.r-project.org/.

2. Do lado esquerdo da página clique sobre o link CRAN abaixo de Download. 3. Uma nova página com uma série de links irá se abrir. Esses links são chamados de "espelhos" e servem para que você possa escolher o local mais próximo de onde você está para fazer o download do programa. Escolha um espelho no Brasil.

3. Na seção Download and Install R, clique sobre o link `Download R for Windows` para baixar a versão para esse sistema... (MacOS??... o que é isso?)

4. Clique sobre o link `base`.
5. Clique sobre o link `Download R 4.x.x for Windows` para fazer o download do arquivo R.exe.
6. A instalação segue o formato padrão de instalação de programas no Windows, e portanto não são necessários maiores detalhes.

2.2 RStudio

1. Para baixar o RStudio entre no endereço https://posit.co/download/rstudio-desktop/

2. Clique no link `Products > RStudio`

3. Selecione a versão Desktop.

4. Clique em `DOWNLOAD RSTUDIO DESKTOP`

5. Será exibida uma página com a recomendação para você baixar o RStudio FREE versão mais recente - Windows

6. Clicando nesse link, você irá baixar o arquivo RStudio atual (.exe)
7. Depois é só clicar e instalar da forma convencional do Windows.

Após a instalação, você pode abrir o `RStudio` pelo seu respectivo ícone, e o RStudio estará pronto para ser utilizado. O "R base" continuará instalado mas será acessado pelo RStudio. Não o desinstale.

3 RStudio na nuvem

Usar o RStudio Cloud https://login.rstudio.cloud/ é uma opção para quem não quer instalar a versão para PC. O RStudio Cloud é uma plataforma online que fornece um ambiente de desenvolvimento integrado para o R, permitindo que os usuários executem análises, desenvolvam código e colaborem com outras pessoas, sem a necessidade de instalar o R e o RStudio em seus próprios computadores. É uma solução conveniente e acessível, especialmente para iniciantes ou usuários que desejam compartilhar projetos e colaborar de forma eficiente.

3.1 Sobre os dados do PPBio

Usaremos para esse tutorial dados coletados no Programa de Pesquisa em Biodiversidade - PPBio (veja Programa de Pesquisa em Biodiversidade – PPBio). Nesta base de dados estão armazenadas informações sobre diversos grupos taxonômicos dstribuidos em diversas unidades amostrais (UA's ou sítios), como peixes, macroinverbrebrados bentônicos, quironomídeos e zooplâncotn, além de dados do habitat, como variáveis físicas e químicas, morfologia do habitat, composição do substrato, estrutura de habitat marginal, entre outros (Figura 1)). Essa é a **matriz bruta de dados**, porque os valores ainda não foram ajustados para os valores de Captura Por Unidade de Esforço (CPUE), nem foram relativizados ou transformados (Tabela 1).

A planilha `ppbio` contém o delineamento amostral de um dos estudos do Projeto PPBio (Figura Figura 2). Nas linhas são apresentadas as abreviações dos nomes das unidades amostrais (UA's) e nas colunas são apresentados os nomes abreviados das espécies - temos portando uma matriz comunitária (Tabela 1). No corpo da planilha temos os valores para o tipo de dados amostrado. Quantitativo, semi-quatitativo ou qualitativo.
Qual desses tipos de dados você acha que é apresentado na planilha?

Várias das espécies nessa matriz tem grande importância ecológica, como é o caso de *Astyanax bimaculatus* [1] (Figura 3), que é muito comum em rios intermitentes e serve de alimento para

[1] A etimologia do gênero *Astyanax* vem da mitologia Grega. Heitor personagem da "Ilíada", tinha um filho chamado Astíanax.

Tabela 1: Matrizes disponíveis para análises, com suas descrições e tipos de dados recomendados.

(a)

(b)

Arquivo (.xlsx)	Tipo de matriz	Descrição	Tipo de dados
ppbio06c-peixes	Matriz comunitária	O arquivo ppbio06 traz os dados brutos que serão usados nas análises. A matriz de dados brutos contendo 26 localidades em estações do ano diferentes (objetos) x 35 espécies (atributos), antes de qualquer modificação.	Contagens de indivíduos com alta amplitude de variação, sugerido uso de matriz relativizada.
ppbio06p-amb	Matriz ambiental	O arquivo ppbio06h traz os dados brutos que serão usados nas análises. A matriz de dados brutos contendo 26 localidades em estações diferentes (objetos) x 35 variáveis ambientais (atributos) medidas em diferentes escalas espaciais, antes de qualquer modificação.	Unidades de medição diferentes (cm, m, °C, mg/L, etc.), com alta amplitude de variação, sugerido uso de matriz transformada e/ou reescalada.
ppbio06-grupos	Matriz de grupos	O arquivo ppbio06 traz os dados brutos que serão usados nessa análise. A matriz de dados brutos contendo 26 locais/ocasiões (objetos) x 35 espécies (atributos), antes de qualquer modificação.	Contagens de indivíduos com alta amplitude de variação, sugerido uso de matriz relativizada.
ppbio06-cpue	Matriz comunitária	O arquivo ppbio06cpue traz os valores após ajuste pela Captura Por Unidade de Esforço (CPUE).	Densidades de indivíduos com alta amplitude de variação, sugerido uso de matriz relativizada.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
1	sitio	ap-davis	as-bimac	as-fasci	ch-bimac	ci-ocela	ci-orien	co-macro	co-heter	cr-menez	cu-lepid	cy-gilbe	ge-brasi	he-margi	ho-malab	hy-pusar	le-melan	le-piau
2	S-A-ZA1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
3	S-R-CC1	0	99	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
4	S-R-CT1	0	194	55	0	0	5	0	1	14	0	0	3	0	1	9	0	3
5	S-R-CP1	0	19	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	2	0	0
6	S-A-TA1	0	23	1	13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
7	S-R-CT2	0	142	3	3	0	69	0	0	4	0	0	0	1	17	43	0	1
8	S-R-CP2	0	5	1	0	40	9	0	0	0	0	0	0	0	10	2	0	3
9	S-A-TA2	0	46	0	178	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0
10	S-R-CT3	0	206	64	0	0	25	0	0	8	0	0	1	0	31	11	0	2
11	S-R-CP3	0	16	0	0	13	24	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	1
12	S-A-TA3	0	234	7	238	0	0	2	0	0	0	0	0	0	20	0	0	0
13	S-R-CT4	0	0	1	0	0	5	0	0	1	0	50	3	1	4	3	0	0
14	S-R-CP4	0	0	0	0	11	6	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	2
15	S-A-TA4	0	394	0	273	0	0	0	0	1	0	0	1	0	9	0	0	2
16	B-A-MU1	0	12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	190	0	0	0	0	0
17	B-R-ET1	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
18	B-A-GU1	0	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0	0
19	B-R-PC2	5	44	0	0	2	0	0	0	0	0	0	8	0	0	0	2	0
20	B-A-MU2	0	99	0	0	0	0	0	0	0	0	0	67	0	1	0	0	0
21	B-A-GU2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	23	0	0	0	0	0
22	B-R-PC3	22	75	7	0	4	0	0	0	0	21	0	16	0	2	1	0	0
23	B-A-MU3	0	511	0	0	0	0	0	0	0	0	0	145	0	0	0	0	0
24	B-A-GU3	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	32	0	0	0	0	0
25	B-R-PC4	0	7	17	0	0	0	0	0	0	0	81	5	0	1	0	0	1
26	B-A-MU4	0	235	0	0	0	0	0	0	0	0	0	509	0	0	0	0	0
27	B-A-GU4	0	13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0

Figura 1: Parte da planilha de dados brutos do PPBio.

predadores maiores como a espécie *Hoplias malabaricus* [2] (Figura 4).

4 Importando a planilha de trabalho

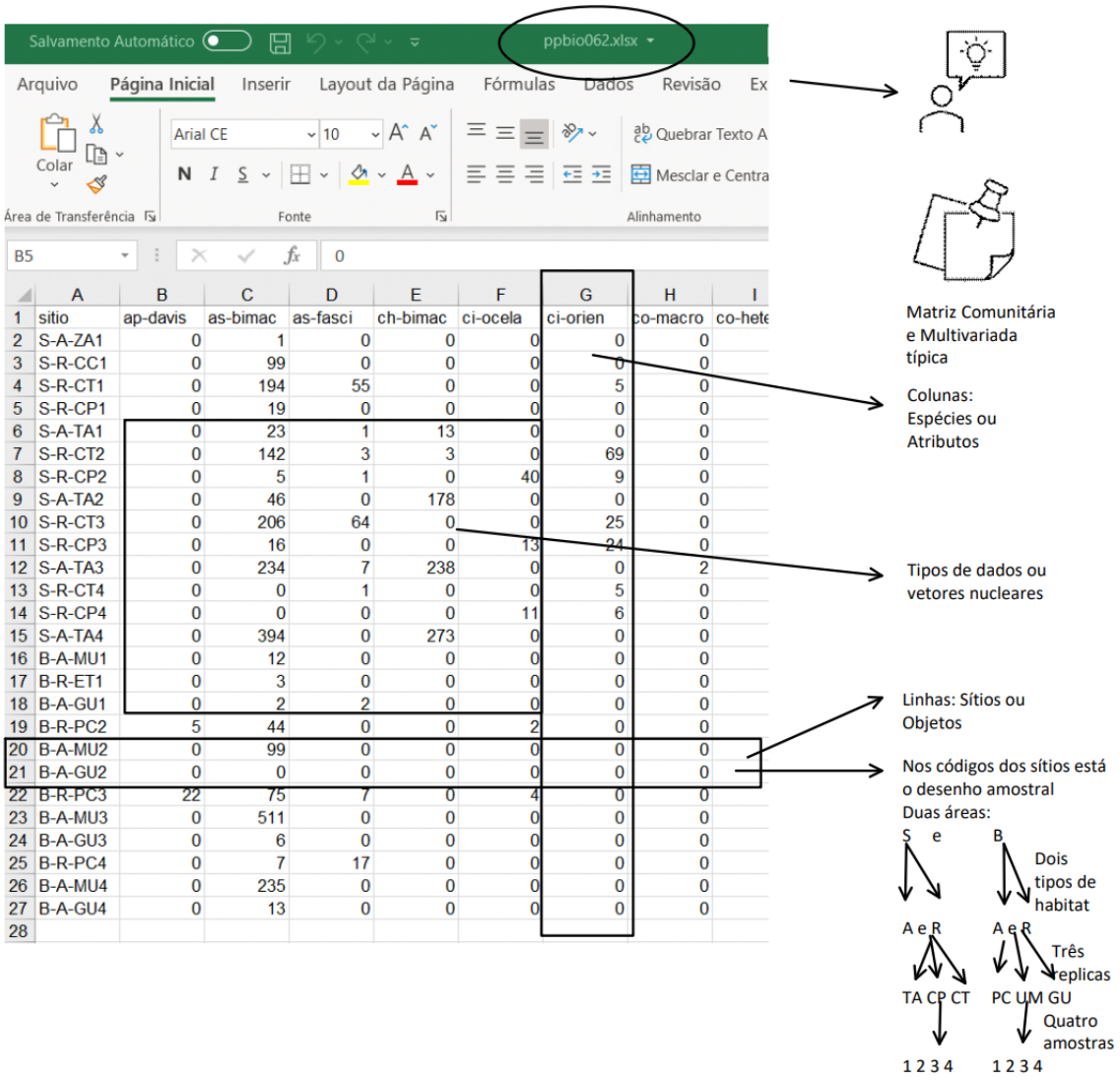
Para começar a usar o R e analisar os dados do Projeto PPBio, abra o RStudio, verifique sua interface (Figura 5)) e siga as instruções a seguir.

Mensagens de erro e avisos no R

No contexto da linguagem de programação R, mensagens de erro (errors) e mensagens de aviso (warnings) que aparecem em vermelho no painel de console. Elas são formas de feedback do sistema que indicam problemas ou situações potencialmente problemáticas durante a execução do código. Aqui está uma breve explicação de cada um:

1. **Erro (Error):**
    - Um erro ocorre quando algo no código não está correto ou não pode ser executado como esperado.
    - Isso pode ser causado por sintaxe incorreta, uso incorreto de funções, operações inválidas, referências a objetos que não existem, entre outros problemas.
    - Quando ocorre um erro, a execução do código é interrompida e uma mensagem de erro é exibida no console em vermelho, indicando o tipo de erro e, muitas vezes, a linha onde ocorreu.

[2] Do Grego, *hoplon*, arma ou armadura, em referência aos dentes caniniformes muito desenvolvidos, e forte estrutura óssea na cabeça.



	A	B	C	D	E	F	G	H	I
1	sitio	ap-davis	as-bimac	as-fasci	ch-bimac	ci-ocela	ci-orien	co-macro	co-hete
2	S-A-ZA1	0	1	0	0	0	0	0	
3	S-R-CC1	0	99	0	0	0	0	0	
4	S-R-CT1	0	194	55	0	0	5	0	
5	S-R-CP1	0	19	0	0	0	0	0	
6	S-A-TA1	0	23	1	13	0	0	0	
7	S-R-CT2	0	142	3	3	0	69	0	
8	S-R-CP2	0	5	1	0	40	9	0	
9	S-A-TA2	0	46	0	178	0	0	0	
10	S-R-CT3	0	206	64	0	0	25	0	
11	S-R-CP3	0	16	0	0	13	24	0	
12	S-A-TA3	0	234	7	238	0	0	2	
13	S-R-CT4	0	0	1	0	0	5	0	
14	S-R-CP4	0	0	0	0	11	6	0	
15	S-A-TA4	0	394	0	273	0	0	0	
16	B-A-MU1	0	12	0	0	0	0	0	
17	B-R-ET1	0	3	0	0	0	0	0	
18	B-A-GU1	0	2	2	0	0	0	0	
19	B-R-PC2	5	44	0	0	2	0	0	
20	B-A-MU2	0	99	0	0	0	0	0	
21	B-A-GU2	0	0	0	0	0	0	0	
22	B-R-PC3	22	75	7	0	4	0	0	
23	B-A-MU3	0	511	0	0	0	0	0	
24	B-A-GU3	0	6	0	0	0	0	0	
25	B-R-PC4	0	7	17	0	0	0	0	
26	B-A-MU4	0	235	0	0	0	0	0	
27	B-A-GU4	0	13	0	0	0	0	0	
28									

Figura 2: Associação entre a planilha de dados brutos do PPBio e o delineamento amostral do estudo.

Figura 3: *Astyanax bimaculatus*, a espécie mais comum da matriz de dados ppbio. Peru, by Eakins, R. Fonte: https://www.fishbase.se/summary/Astianax-bimaculatus.html

2. **Aviso (Warning):**
    - Não indica erro. Um aviso é emitido quando algo no código pode resultar em um comportamento indesejado ou em resultados inesperados, mas não interrompe necessariamente a execução do código.
    - Os avisos geralmente indicam situações que merecem atenção, como conversões de tipos de dados que podem perder informações ou funções que estão sendo usadas de maneira que pode levar a resultados questionáveis.
    - Os avisos são exibidos em vermelho no console e fornecem informações sobre a natureza do aviso e, possivelmente, como abordá-lo.

É importante prestar atenção a mensagens de erro e avisos, pois eles fornecem insights sobre problemas em seu código ou potenciais fontes de comportamento inesperado. Resolver erros é fundamental para que o código funcione conforme o esperado. Embora os avisos não interrompam a execução, investigá-los pode ajudar a evitar problemas futuros ou melhorar a qualidade do código.

Figura 4: *Hoplias malabaricus*, espécie que cresce para se tornar um importante predador. Brazil, by Roselet, F.F.G. Fonte: https://www.fishbase.se/summary/Hoplias-malabaricus.html

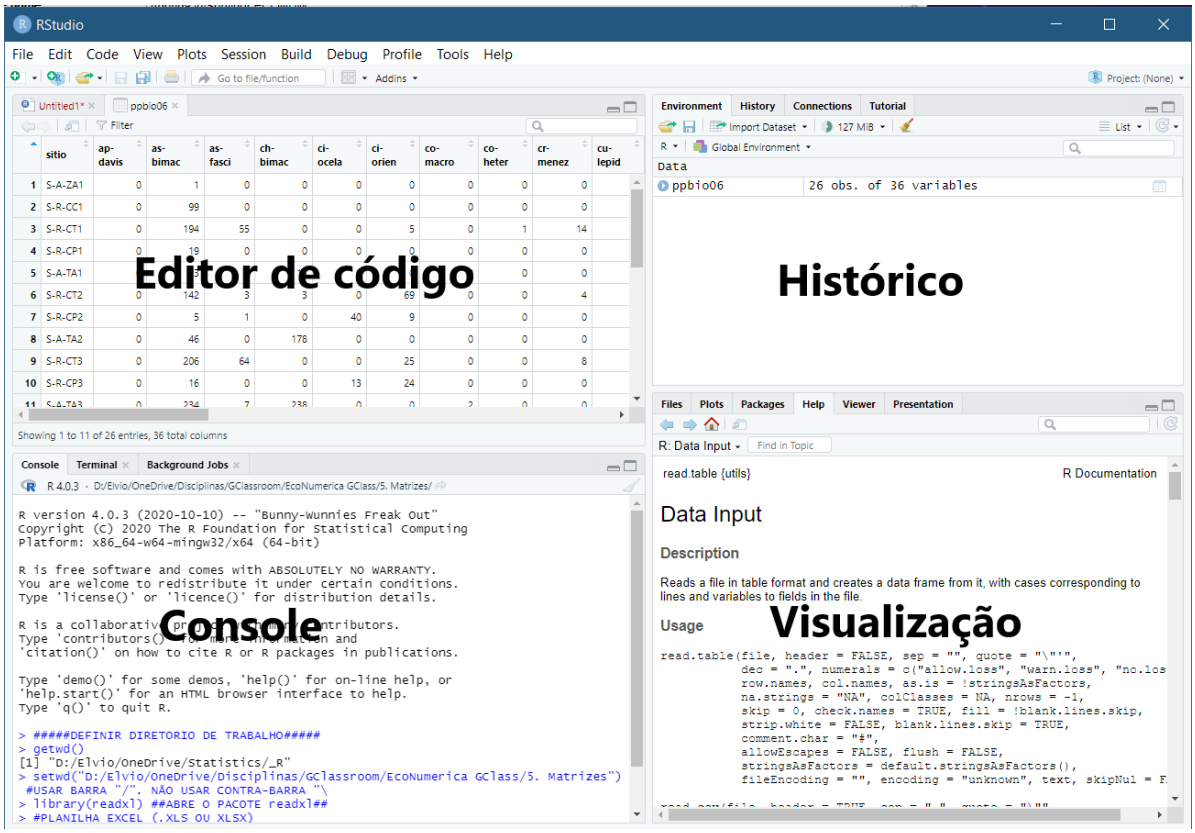


Figura 5: Interface típica do RStudio e nome dos paineis ou janelas.

4.1 Organização básica

> Attention
>
> Os links para baixar as planilhas necessárias para repetir esse tutorial podem ser encontrados na seção @ref(download401)

No ambiente do RStudio no painel de edição de código execute (`Ctrl+Enter` com o teclado ou `Run` no editor de código) os comandos a seguir, para instalar os pacotes necessários para este módulo.

```
install.packages("readxl") #importa arquivos do excel
```

E em seguida,

```
library(readxl)
```

Os códigos acima, são usados para instalar e carregar os pacotes necessários para este módulo. Esses códigos são comandos para instalar pacotes no R. Um pacote é uma coleção de funções, dados e documentação que ampliam as capacidades do R (R CRAN) (R Core Team 2017), e RStudio (Team 2022). No exemplo acima, o pacote `readxl` permite ler e escrever arquivos Excel no R.

Para instalar um pacote no R, você precisa usar a função `install.packages()`. Depois de instalar um pacote, você precisa carregá-lo na sua sessão R com a função `library()`.

Por exemplo, para carregar o pacote `readxl`, você precisa executar a função `library(readxl)`. Isso irá permitir que você use as funções do pacote na sua sessão R. Você precisa carregar um pacote toda vez que iniciar uma nova sessão R e quiser usar um pacote instalado.

Agora vamos **definir o diretório de trabalho**. Esse código é usado para obter e definir o diretório de trabalho atual no R. O comando `getwd()` retorna o caminho do diretório onde o R está lendo e salvando arquivos. O comando `setwd()` muda esse diretório de trabalho para o caminho especificado entre aspas. No seu caso, você deve ajustar o caminho para o seu próprio diretório de trabalho. **Lembre de usar a barra "/" entre os diretórios. E não a contra-barra "\".**

Usaremos uma matriz multivariada (sítios x espécies, matriz comunitária) do Projeto PPBio chamada ppbio**.xlsx que está no diretório "C:/Meu/Diretório/De/Trabalho/Planilha.xlsx"

Note que o símbolo `#` em programação R significa que o texto que vem depois dele é um comentário e não será executado pelo programa. Isso é útil para explicar o código ou deixar anotações.

Ajuste a segunda linha do código abaixo para refletir "C:/Seu/Diretório/De/Trabalho/Planilha.xlsx".

Definindo o diretório de trabalho e installando os pacotes necessários:

```r
getwd()
setwd("C:/Seu/Diretório/De/Trabalho")
```

Alternativamente você pode ir na barra de tarefas e escolhes as opções:\SESSION -> SET WORKING DIRECTORY -> CHOOSE DIRECTORY

4.1.1 Prefira sempre códigos e scripts do que mouse e menus de janelas no R

Porque preferir códigos e scripts do que mouse e menus de janelas no R

Optar pelo uso de scripts e comandos de teclado no R, em vez das opções baseadas em mouse e menus das janelas, oferece várias vantagens significativas para quem está envolvido em análises de dados e programação. Aqui estão algumas justificativas para essa abordagem:

1. **Reprodutibilidade:** O uso de scripts permite que todas as etapas de análise e manipulação de dados sejam documentadas em um único lugar. Isso facilita a reexecução de todo o processo, tornando a análise reprodutível e permitindo que outras pessoas compreendam e validem o trabalho realizado.

2. **Automação:** Comandos de script podem ser facilmente repetidos ou adaptados para diferentes conjuntos de dados. Isso possibilita a automação de tarefas complexas, economizando tempo e reduzindo a possibilidade de erros manuais.

3. **Flexibilidade:** Enquanto as opções de mouse e menus podem ser limitadas em termos das ações específicas que permitem, os scripts oferecem uma flexibilidade muito maior. Você pode personalizar cada etapa do processo de análise de acordo com suas necessidades específicas.

4. **Eficiência:** A digitação de comandos é geralmente mais rápida do que navegar por menus e clicar em botões, especialmente quando se trata de tarefas repetitivas e/ou complexas.

5. **Controle total:** Ao utilizar scripts, você tem controle total sobre cada etapa do processo. Isso é particularmente importante em análises estatísticas, onde pequenas variações nos parâmetros podem ter um grande impacto nos resultados.

6. **Aprendizado contínuo:** Escrever e modificar scripts permite um maior aprendizado e domínio da linguagem R. Conforme você ganha experiência, poderá realizar análises mais sofisticadas e explorar recursos avançados.

7. **Portabilidade:** Scripts podem ser facilmente compartilhados com outros pesquisadores ou colegas, independentemente do sistema operacional utilizado. Isso torna a colaboração mais fluida e ajuda a evitar problemas de compatibilidade.

8. **Melhor entendimento:** Ao escrever e ler scripts, você desenvolve uma compreensão mais profunda dos processos que está realizando. Isso é importante para identificar possíveis erros e interpretar corretamente os resultados.

9. **Documentação clara:** Ao escrever um script, você pode adicionar comentários explicativos que descrevem cada passo e sua lógica. Isso resulta em uma documentação clara e autoexplicativa do trabalho realizado.

10. **Consistência:** O uso de scripts promove a adoção de práticas consistentes em toda a análise, reduzindo a chance de erros causados por abordagens diferentes em momentos distintos.

Em resumo, a abordagem baseada em scripts e comandos de teclado oferece mais controle, flexibilidade, eficiência e reprodutibilidade, tornando-a a escolha preferida para profissionais que buscam análises de dados precisas, consistentes e de alta qualidade no ambiente R.

5 Importando a planilha

```
library(readxl)
ppbio06 <- read_excel("D:/Elvio/OneDrive/Disciplinas/_EcoNumerica/5.Matrizes/ppbio06.xlsx", s
str(ppbio06)
class(ppbio06)
```

Com essas linhas de código a primeira coluna da matriz importada apresenta texto. Não queremos assim porque vamos fazer cálculos matemáticos na matriz.

Resolvemos o problema com mais algumas linhas de código.

```
ppbio06 <- as.data.frame(ppbio06)
class(ppbio06)
rownames(ppbio06) <- ppbio06[,1] #tem  que ser um df
ppbio06[,1] <- NULL
```

Ou podemos instalar esse pacote de importação de arquivos .xlsx para o R.

```
install.packages("openxlsx")
```

Carregamos o pacote `openxlsx`

```
library(openxlsx)
```

```
Warning: package 'openxlsx' was built under R version 4.3.2
```

Importamos novamente a planilha, usando esse novo pacote.

```
ppbio <- read.xlsx("D:/Elvio/OneDrive/Disciplinas/_EcoNumerica/5.Matrizes/ppbio06.xlsx",
                   rowNames = T,
                   colNames = T,
                   sheet = "Sheet1")
str(ppbio)
class(ppbio)
ppbio_ma <- as.matrix(ppbio) #lê ppbio como uma matriz
str(ppbio_ma)
class(ppbio_ma)
#ppbio
#ppbio_ma
```

Compare as diferenças. Agora podemos exportar os dados como uma matriz de dados em formato de `valores separados por vírgula (.csv)`.

```
write.table(ppbio, "ppbiocsv.txt", append = F, quote = T, ";", row.names = T)
dir <- getwd()
shell.exec(dir) #abre o diretorio de trabalho no Windows Explorer
```

Podemos carregar o arquivo .csv criado `ppbiocsv.txt` usando os códigos abaixo.

```
ppbiocsv <- read.csv("ppbiocsv.txt",
                     sep = ";", dec = ",", #definimos o dígito separador
                     header = T,
                     row.names = 1,
                     na.strings = NA)

str(ppbiocsv)
ppbiocsv
```

Lembre de prestar atenção no dígito separador de decimais " , " ou " . " . Além disso, só estaamos usando `ppbio**.***` porque o diretório de trabalho ja fo definido no início. Se não deveríamos estar usando `C:/Seu/Diretório/De/Trabalho/ppbio**.***`

Alguns comandos para exibir a planilha são "case-sensitive" `(ignore.case(object))`

```
#View(ppbio)
print(ppbio)
ppbio
str(ppbio)
#?View
#?view
#?remove
```

5.1 Outra forma de achar e importar uma planilha

Essa forma é desaconselhavel porque é demorada e sujeita a erros. Além de precisar ser refeita sempre que se quiser abrir uma nova planilha ou reabrir a última planilha importada. Veja o tópico Prefira sempre códigos e scripts do que mouse e menus de janelas no R

```
getwd()
ppbio <- read.xlsx(file.choose(),  #abre o windows explorer
                   rowNames = T, colNames = T,
                   sheet = "Sheet1")
```

6 Importando `.ods` do LibreOffice Calc

A planilha a seguir pode ser baixada da seção @ref(download401)

```
install.packages("readODS")
```

```
library(readODS)
```

```
Warning: package 'readODS' was built under R version 4.3.3
```

```
ppbio06.ods <- read_ods("D:/Elvio/OneDrive/Disciplinas/_EcoNumerica/5.Matrizes/ppbio06-peixes
                   row_names = TRUE,
                   col_names = TRUE,
                   sheet = "Sheet1",
                   as_tibble = FALSE,
                   na = "n/a", # quando existem celulas vazias (n/a)
                   )
ppbio06.ods <- na.omit(ppbio06.ods)
str(ppbio06.ods)
class(ppbio06.ods)
ppbio06.ods_ma <- as.matrix(ppbio06.ods) #lê como uma matriz
str(ppbio06.ods_ma)
class(ppbio06.ods_ma)
#ppbio06.ods
#ppbio06.ods_ma
```

7 Manipulando tabelas de dados

7.1 Colunas com o mesmo nome

Em algumas situações é necessário encontrar colunas com o mesmo nome em um conjunto de dados e soma-las ou fazer sua média. Isso pode ocorrer quando se está trabalhando com dados de várias fontes e é necessário combinar esses diferentes conjuntos de dados.

Considere por exemplo um cenário onde se está trabalhando em um projeto de análise de dados ecológicos e você recebeu conjuntos de dados de diferentes locais de amostragens enviados por diferentes pesquisadores, e cada pesquiador enviou seu conjunto de dados que contém informações sobre as mesmas espécies (ou variáveis ambientais). Devido a diferentes sistemas de registro ou a falta de comunicação entre os pesquisadores, pode haver repetição nos nomes das colunas.

```r
#Dados de mamíferos roedores
df <- data.frame(
  Rato = c(1, 2, 3),
  Musaranho = c(4, 5, 6),
  Rato = c(7, 8, 9), #nome duplicado
  Esquilo = c(0, 0, 1),
  Ratão = c(1, 1, 0),
  Castor = c(1, 0, 0),
  Tâmia = c(11, 12, 13),
  Marmota = c(1, 2, 0),
  Castor = c(2, 1, 1), #nome duplicado
  check.names = FALSE
)
df
```

```
  Rato Musaranho Rato Esquilo Ratão Castor Tâmia Marmota Castor
1    1         4    7       0     1      1    11       1      2
2    2         5    8       0     1      0    12       2      1
3    3         6    9       1     0      0    13       0      1
```

Por exemplo, no estudo sobre mamíferos roedores acima, quando se combina o conjunto geral de dados para realizar uma análise abrangente, depara-se com colunas duplicadas, onde a matriz com o conjunto total de dados contém espécies repetidas.

Nesse caso, encontrar e resolver colunas com o mesmo nome é crucial para garantir a integridade dos dados e realizar uma análise precisa. Você deve consolidar essas colunas duplicadas, somando-as ou fazendo sua média.

```r
# Achando colunas com nomes duplicados
dup_cols <- names(df)[duplicated(names(df))]
# Somando colunas com o mesmo nome
for (col_name in unique(dup_cols)) {
  # Get indices of columns with the same name
  col_indices <- which(names(df) == col_name)
  # Sum columns with the same name
  df[[col_name]] <- rowSums(df[, col_indices, drop = FALSE])
}
# Remove as colunas duplicadas originais e mantem as novas colunas que são a soma ("except f
df <- df[, !duplicated(names(df))]
# Mostra a nova tabela com colunas repetidas somadas
print(df)
```

```
  Rato Musaranho Esquilo Ratão Castor Tâmia Marmota
1    8         4       0     1      3    11       1
2   10         5       0     1      1    12       2
3   12         6       1     0      1    13       0
```

7.2 Removendo linhas ou colunas por nome

```r
#Colunas
df <- subset(ppbio06.ods, select = -la.chalumnae) #escolhendo uma coluna pelo nome
#Linhas
del_rows <- c("S-A-ZA1", "S-R-CC1", "B-R-ET1")
del_rows
m_part <- df[!(row.names(df) %in% c(del_rows)),]
m_part
```

7.3 Criando uma matriz de médias

Por razões diferentes o precedimento anterior pode vir a ser necessário de ser aplicado às linhas. Por exemplo, quando se quer somar ou fazer a média de amostras diferentes do mesmo ambiente de coleta. Veja a matriz abaixo.

```r
data <- read.table(text = "
Sp1 Sp2 Sp3 Sp4 Sp5 Sp6 Sp7 Sp8
A1 0 0 0 0 0 0 6 1
A2 0 0 0 2 0 0 10 2
B1 93 2 0 177 0 260 2 5
B2 0 4 0 8 0 0 83 7
```

```
C1 0 0 0 0 1 0 0 1
C2 0 0 1 0 0 1 0 1
C3 0 2 0 2 0 0 0 1
", header = TRUE, row.names = 1)
data
```

```
   Sp1 Sp2 Sp3 Sp4 Sp5 Sp6 Sp7 Sp8
A1   0   0   0   0   0   0   6   1
A2   0   0   0   2   0   0  10   2
B1  93   2   0 177   0 260   2   5
B2   0   4   0   8   0   0  83   7
C1   0   0   0   0   1   0   0   1
C2   0   0   1   0   0   1   0   1
C3   0   2   0   2   0   0   0   1
```

```
library("tidyverse")
#Inserindo coluna para agrupamentos
nrow(data); ncol(data) #no. de N colunas x M linhas
data_g <- cbind(Grupos = rownames(data), data)
data_g

grps <- substr(data_g[, 1], 1,3)
grps

data_g <- data_g %>% mutate(Grupos=c(grps))

#data_avg <- aggregate(data_g[, 9:9], list(data_g$Grupos), mean)
#data_avg

data_avg <- data_g %>%
  group_by(Grupos) %>%
  summarise(across(.cols = everything(), ~ mean(.x, na.rm = TRUE)))
data_avg

data_dp <- data_g %>%
  group_by(Grupos) %>%
  summarise(across(.cols = everything(), list(mean = mean, sd = sd)))
#?across
data_dp

#Primeira coluna para nomes das linhas
data_dp <- as.data.frame(data_dp)
class(data_dp)
```

```r
rownames(data_dp) <- data_dp[,1]
data_dp[,1] <- NULL
data_dp <- round(data_dp, 1)
data_dp
#Salvando a matriz
write.table(data_dp,
            "data_dp.csv",
            append = F,
            quote = TRUE,
            sep = ";", dec = ",",
            row.names = T)
data_dp_csv <- read.csv("data_dp.csv",
                        sep = ";", dec = ",",
                        header = T,
                        row.names = 1,
                        na.strings = NA)
```

Referências

R Core Team. 2017. R: A language and environment for statistical computing. Book, R Foundation for Statistical Computing, Austria.

Team, Rs. 2022. RStudio: Integrated Development Environment for R. Book, RStudio, PBC, Boston, MA.

Apêndices

Sites para consulta

Como importar dados do Excel para o R: https://youtu.be/U6ksXvvY6Q0
Como exportar dados do R para o Excel: https://youtu.be/a7EJE_2mtGk

Script limpo

Aqui apresento o scrip na íntegra sem os textos ou outros comentários. Você pode copiar e colar no R para executa-lo. Lembre de remover os # ou ## caso necessite executar essas linhas.