Questão B010 – A proposta é transformar a solução dos exercícios apresentados em aula do paradigma imperativo (com uso de loop) para o funcional ou matricial/vetorizado.

```
#-----#
# Obter o quadrado de elementos de um vetor
vetor <- c(1, 2, 34, 12, 2)
# Apenas imprimir na tela
for (i in 1:length(vetor)) {
  print(vetor[i]^2)
# Armazenar o resultado em um vetor
# Estratégia Modificar vetor
vetor <- c(1, 2, 34, 12, 2)
vet_quad <- vector("numeric", length(vetor))</pre>
for (i in 1:length(vetor)) {
  quad <- vetor[i]^2
  vet_quad[i] <- quad
}
# Divisíveis 4
vetor <- c(20, 2, 34, 12, 2)
div4_log <- vector("logical", length(vetor))</pre>
for (i in 1:length(vetor)) {
  if (vetor[i] \% 4 = 0) {
    div4_log[i] <- TRUE # verdadeiro
  }
div4_log
div4 <- vetor[div4_log]
```

```
#-----#
# Ajuste de modelos
# importar dados
library(readxl)
dados <- read_excel("G:/Meu Drive/Drive/Aulas/Algoritmos/Aulas2020_1remoto/dados/dados.xlsx")
# identificar quantidade de ajustes (repetições)
uni_gen <- unique(dados$genotipo)</pre>
N <- length(uni_gen)
# estrutura tibble para receber parametros do modelo
require(tibble)
coefs <- tibble(genotipo = vector("character", N),</pre>
            b0 = vector("numeric", N),
            b1 = vector("numeric", N))
# como acessar os elementos de interesse
# Processo de repetição (loop for)
for (i in 1:N) {
  dados_i <- subset(dados, genotipo == uni_gen[i])</pre>
  lm_i <- lm(volume ~ idade, dados_i)</pre>
  coefs[i, "genotipo"] <- uni_gen[i]
coefs[i, "b0"] <- lm_i$coefficients[[1]]</pre>
  coefs[i, "b1"] <- lm_i$coefficients[[2]]</pre>
```

```
-----#
# Ajuste de modelo não linear e plotar ajuste
library(minpack.lm)
library(readxl)
dados <- read excel("G:/Meu Drive/Drive/Aulas/Algoritmos/Aulas2020 1remoto/dados/dados.xlsx")
prod <- c("G20", "G22", "G4", "G3", "G2", "G24", "G7", "G18")
inter <- c("G5", "G12", "G9", "G21", "G14", "G11", "G8", "G6")
resis <- c("G1", "G16", "G23", "G15", "G13", "G10", "G19", "G17")
dados$info_gen <- ""
dados[dados$genotipo %in% prod, "info_gen"] <- "produtivos"
dados[dados$genotipo %in% inter, "info_gen"] <- "intermediários"
dados[dados$genotipo %in% resis, "info_gen"] <- "resistentes"
# 1. Identificar e quantificar as classes de interesse
uni_gen <- unique(dados$info_gen)
N <- length(uni gen)
# 2. Como executar o procedimento e como acessar os resultados
# 3. Criar uma data.frame (ou tibble) para receber os resultados
coefs <- tibble(info gen = character(N),</pre>
               b0 = numeric(N),
               b1 = numeric(N)
plot(dados$idade, dados$volume, xlab = "Idade (anos)",
    ylab = "Volume (m^3/ha)")
cores <- c("orange", "green", "red")
# 4. Executar o processo de repetição (loop)
for (i in 1:N) {
        4.1. Filtrar a classe de interesse
   d_i <- subset(dados, info_gen == uni_gen[i])</pre>
  # 4.2. Executar os comandos necessários
   nls i <- nlsLM(volume \sim \exp(b0 - b1/idade), d i,
                 start = list(b0 = 1, b1 = 1))
  points(d_i$idade, fitted(nls_i), col = cores[i])
        4.3. Acessar os resultados
   resumo i <- summary(nls i)
  b0coef = resumo_i$coefficients[, "Estimate"][[1]]
b1coef = resumo_i$coefficients[, "Estimate"][[2]]
        4.4. Modificar a data.frame criada em (3) para receber os resultados
  coefs[i, "info_gen"] <- uni_gen[i]
coefs[i, "b0"] <- b0coef
coefs[i, "b1"] <- b1coef</pre>
legend("topleft", legend = uni_gen, col = cores, pch = 1)
```