ANÁLISE DOS DADOS COM R

DIY Funções

James R. Hunter, PhD

Retrovirologia, EPM, UNIFESP

FUNÇÕES - ALÉM DO QUE R PODE FAZER

FUNÇÕES EM R

- Já conhecemos funções que R fornece
- Funções simples matemáticas
  - sqrt(), max(), mean()
- Funções que ajuda manipular dados e conjuntos de dados
  - Manipulação
    - arrange(), select(), left_join()
  - Conjuntos de dados
    - read_excel(), saveRDS(), read_csv()

COMO FUNCIONA AS FUNÇÕES INTERNAS DE R

- São scripts de R que executam os comandos necessárias para o resultado
- Funções podem chamar outras funções escritas em outras linguagens (e.g., C, FORTRAN)
- Exemplo: `chisq_test()` – executa o teste estatístico χ^2 em 2 vetores
- Definição

```
chisq_test(x, y = NULL, correct = TRUE, p = rep(1/length(x), length(x)),
  rescale.p = FALSE, simulate.p.value = FALSE, B = 2000)
```

```
set.seed(42)
x <- sample(1:500, 200, replace = TRUE)
y <- sample(500:1000, 200, replace = TRUE)

chisq.test(x, y)
```

```
    Pearson's Chi-squared test

data:  x and y
X-squared = 26533, df = 26400, p-value = 0.2802
```

ABAIXO DO PANO

```
> chisq_test
function (x, y = NULL, correct = TRUE, p = rep(1/length(x), length(x)),
    rescale.p = FALSE, simulate.p.value = FALSE, B = 2000)
{
    args ← as.list(environment()) %>% add_item(method = "chisq_test")
    if (is.data.frame(x))
        x ← as.matrix(x)
    if (inherits(x, c("matrix", "table")))
        n ← sum(x)
    else n ← length(x)
    res.chisq ← stats::chisq.test(x, y, correct = correct, p = p,
        rescale.p = rescale.p, simulate.p.value = simulate.p.value,
        B = B)
    as_tidy_stat(res.chisq, stat.method = "Chi-square test") %>%
        add_significance("p") %>% add_columns(n = n, .before = 1) %>%
        set_attrs(args = args, test = res.chisq) %>% add_class(c("rstatix_test",
        "chisq_test"))
}
<bytecode: 0x11cdc1588>
<environment: namespace:rstatix>
```

QUANDO DEVE ESCREVER SUA PRÓPRIA FUNÇÃO

- Temos tendência de copiar/colar blocos de código que queremos utilizar
  - Trocando um elemento, nome de variável, paramêtro, etc.
- Esta prática induz erros
  - Se for na programação (R levanta um erro), precisa fazer debugging
  - Pode ser no resultado – você consegue perceber que o resultado do cálculo é errado
    - Perda de controle

Important

Se vai cópiar um bloco de código mais de **duas vezes**, trocar ele para uma função

UM EXEMPLO[1]

- Quero que as variáveis de um tibble ficam no intervalo entre 0 e 1
  - Mas recebo os valores numa outra escala

```r
set.seed(42)
data <- tibble(
  a = rnorm(5),
  b = rnorm(5),
  c = rnorm(5),
  d = rnorm(5),
)
data
```

```
# A tibble: 5 × 4
       a       b      c      d
   <dbl>   <dbl>  <dbl>  <dbl>
1  1.37  -0.106   1.30   0.636
2 -0.565  1.51    2.29  -0.284
3  0.363 -0.0947 -1.39  -2.66
4  0.633  2.02   -0.279 -2.44
5  0.404 -0.0627 -0.133  1.32
```

PARA CALCULAR A NOVA ESCALA PARA VARIÁVEL a

- Para caso i de variável a

$$\frac{a_i - \min(a)}{\max(a) - \min(a)}$$

```
1 nova_a <- data |>
2   mutate(a = (a - min(a, na.rm = TRUE)) /
3     (max(a, na.rm = TRUE) - min(a, na.rm = TRUE))) |>
4   pull(a)
5 nova_a
```

```
[1] 1.0000000 0.0000000 0.4793343 0.6186845 0.5005880
```

CÓDIGO - UM POUCO MAIS EFICIENTE

```r
range_a <- range(data$a, na.rm = TRUE)
range_a
```

```
[1] -0.5646982  1.3709584
```

```r
nova_a <- data |>
  mutate(a = (a - range_a[1]) /
    (range_a[2] - range_a[1])) |>
  pull(a)
nova_a
```

```
[1] 1.0000000 0.0000000 0.4793343 0.6186845 0.5005880
```

UMA SOLUÇÃO

```r
nova_data <- data |>
  mutate(
  a = (a - min(a, na.rm = TRUE)) /
    (max(a, na.rm = TRUE) - min(a, na.rm = TRUE)),
  b = (b - min(b, na.rm = TRUE)) /
    (max(b, na.rm = TRUE) - min(b, na.rm = TRUE)),
  c = (c - min(c, na.rm = TRUE)) /
    (max(c, na.rm = TRUE) - min(c, na.rm = TRUE)),
  d = (d - min(d, na.rm = TRUE)) /
    (max(d, na.rm = TRUE) - min(d, na.rm = TRUE)),
)
nova_data
```

```
# A tibble: 5 × 4
      a       b     c      d
  <dbl>   <dbl> <dbl>  <dbl>
1 1     0       0.733 0.828
2 0     0.761   1     0.597
3 0.479 0.00540 0     0
4 0.619 1       0.302 0.0543
5 0.501 0.0204  0.342 1
```

LIVE CODING

Vamos ao Posit Cloud

O QUE ESTAMOS TENTANDO FAZER COM A FUNÇÃO

- O cálculo que colocamos dentro da função

```
(a - min(a, na.rm = TRUE)) / (max(a, na.rm = TRUE) - min(a, na.rm = TRUE))
```

- Cada vez que tem um a, sabemos que esse vai ser aplicado a todas as variáveis a - d
- Cada vez que chamamos a função, vai ter outra variável no lugar de a

ESTRUTURA DE UMA FUNÇÃO

- 3 Elementos
  - Nome - algo que podemos usar para referir à função (rescale1)
    - “1” porque vai ter mais versões
  - Argumentos - as coisas que variam entre as vezes que chamamos a função
    - Aqui as variáveis
  - Corpo - código que está sendo repetido em todas as chamadas da função

```
nome <- function(argumentos){
  corpo
  }
```

FUNÇÃO NOSSA

- Chamar o **argumento** v (para variável)

```
rescale1 <- function(v) {
  (v - min(v, na.rm = TRUE)) / (max(v, na.rm = TRUE) - min(v, na.rm = TRUE)
}
```

ANTES DE APLICAR - TESTAR

- Sempre queremos testar nossas funções para ver que estão produzindo resultados corretos
- Vamos dar para funções vários vetores para ver se faz certo

```
rescale1(c(-10, 0 , 10))
```

```
[1] 0.0 0.5 1.0
```

```
rescale1(c(1, 2, 3, 4, 5))
```

```
[1] 0.00 0.25 0.50 0.75 1.00
```

```
rescale1(c(1, 2, 3, 4, 101))
```

```
[1] 0.00 0.01 0.02 0.03 1.00
```

SUBSTITUIR A FUNÇÃO NO CÓDIGO ORIGINAL - VELHO

```r
nova_data <- data |>
  mutate(
  a = (a - min(a, na.rm = TRUE)) /
    (max(a, na.rm = TRUE) - min(a, na.rm = TRUE)),
  b = (b - min(b, na.rm = TRUE)) /
    (max(b, na.rm = TRUE) - min(b, na.rm = TRUE)),
  c = (c - min(c, na.rm = TRUE)) /
    (max(c, na.rm = TRUE) - min(c, na.rm = TRUE)),
  d = (d - min(d, na.rm = TRUE)) /
    (max(d, na.rm = TRUE) - min(d, na.rm = TRUE)),
)
nova_data
```

```
# A tibble: 5 × 4
      a       b     c      d
  <dbl>   <dbl> <dbl>  <dbl>
1 1     0       0.733 0.828
2 0     0.761   1     0.597
3 0.479 0.00540 0     0
4 0.619 1       0.302 0.0543
5 0.501 0.0204  0.342 1
```

COM FUNÇÃO

```
nova_data2 <- data |>
  mutate(
  a = rescale1(a),
  b = rescale1(b),
  c = rescale1(c),
  d = rescale1(d),
  )
nova_data2
```

```
# A tibble: 5 × 4
      a       b     c       d
  <dbl>   <dbl> <dbl>  <dbl>
1 1     0       0.733 0.828
2 0     0.761   1     0.597
3 0.479 0.00540 0     0
4 0.619 1       0.302 0.0543
5 0.501 0.0204  0.342 1
```

CRIAR UMA FUNÇÃO QUE FALTA EM R

- e.g., Coeficiente de Variação - mede a variabilidade de uma distribuição em relação à média

$$CV = \frac{\sigma}{\mu}$$

- A relação de desvio padrão à média – maior a relação, maior a variabilidade
- CV maior que 1 normalmente indica um problema com a alta variabilidade da distribuição
- Existe em vários pacotes, mas não em Base R
- Se queremos usar ele dentro de `dplyr::summarize()`, precisamos criar uma função

CRIAR A FUNÇÃO `cv`

O que a função vai fazer?

- Recebe um vetor dos dados (argumento)
  - Pode ser no formato de uma variável de um data frame
- Calcular a média (`mean()`) e desvio padrão (`sd()`) do vetor
- Retornar o valor da divisão do desvio padrão pela média

PROGRAMAÇÃO - "PSEUDO-CODE"

```r
set.seed(42)
v <- sample(1:100, 10, replace = TRUE) # criar um vetor

s <-  sd(v, na.rm = TRUE)
print(paste0("s = ", round(s, 3)))
```

```
[1] "s = 25.883"
```

```r
m <-  mean(v, na.rm = TRUE)
print(paste0("m = ", round(m, 3)))
```

```
[1] "m = 52.2"
```

```r
cv <- s/m
print(paste0("cv = ", round(cv, 4)))
```

```
[1] "cv = 0.4959"
```

PROGRAMAÇÃO - A FUNÇÃO

- Nome: `cv` (qualquer coisa que queremos)
- Argumento: um vetor
  - Para testes, vamos continuar com o vetor `v` que já definimos

```
cv <- function(v){
  ...
}
```

```
cv <- function(v){
  m <- mean(v, na.rm = TRUE)
  s <- sd(v, na.rm = TRUE)
  cv <- s/m
  return(cv)
}
```

Testar a função com nosso vetor `v`, que vamos renomear para `vec`

```
1 vec <- v
2
3 cv(v)
```

```
[1] 0.4958525
```

PODEMOS FAZER A FUNÇÃO MAIS EFICIENTE

- Pode combinar os cálculos em 1 linha
- R automaticamente retorna ao ambiente superior o resultado da última linha - não precisa uma linha de `return()`

```r
cv_old <- function(v){
  m <- mean(v, na.rm = TRUE)
  s <- sd(v, na.rm = TRUE)
  cv <- s/m
  return(cv)
}

cv <- function(v){
  sd(v, na.rm = TRUE) / mean(v, na.rm = TRUE)
}

(cv(v))
```

TESTAR A FUNÇÃO

```
1 cv(c(-100, 0, 200))
```

```
[1] 4.582576
```

```
1 cv(runif(rnorm(100, mean = 10, sd = 3.14)))
```

```
[1] 0.6728386
```

```
1 cv(c(-100, 0, 200, NA))
```

```
[1] 4.582576
```

PODEMOS USAR DENTRO DE

`dplyr::summarize()`

```r
data |>
  summarise(cv_a = cv(a),
            cv_b = cv(b),
            cv_c = cv(c),
            cv_d = cv(d))
```

```
# A tibble: 1 × 4
   cv_a  cv_b  cv_c  cv_d
  <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
1  1.57  1.58  4.03 -2.62
```

> ⚠ **Warning**
>
> Pode cv ser negativo como cv_d? Explique porque

FUNÇÕES QUE USAM VERBOS DE *TIDYVERSE*

- Vamos tentar usar verbos de *tidyverse* dentro de uma função
- Dados vêm de um estudo de 2022 de Prof. Reinaldo Salamão sobre casos clínicos de COVID-19
- Só alguns dos dados

```
covid <- readRDS(here("mad_covid_data.rds"))
head(covid, 10)
```

```
# A tibble: 10 × 7
   id    idoso     death    gender   age lymphocytes   crp
   <fct> <chr>     <chr>    <fct>  <dbl>       <dbl> <dbl>
 1 3     nao_idoso survival m       60           480  NA
 2 4     idoso     survival m       62.7          NA  NA
 3 5     nao_idoso death    m       59.8         527  NA
 4 6     nao_idoso survival f       44          1675  20.8
 5 7     nao_idoso survival m       21.6        1465  NA
 6 8     idoso     survival m       65.8        1391  66.6
 7 9     idoso     survival m       64.5          NA  NA
 8 10    nao_idoso survival f       54.7        1212  81.8
 9 11    nao_idoso survival f       58.7          NA  NA
10 12    idoso     death    m       63.4         373  87.4
```

SE SÓ VAMOS FAZER ÚNICO CÁLCULO COM `covid`

```
covid |>
    group_by(death) |>
    summarise(mean(crp, na.rm = TRUE))
```

```
# A tibble: 2 × 2
  death    `mean(crp, na.rm = TRUE)`
  <chr>                        <dbl>
1 death                        162.
2 survival                      72.5
```

FUNÇÃO

- Desenvolver função que mede a média de qualquer uma das variáveis quantitativas agrupada por uma das variáveis categóricas
- Agrupamento: verbo `group_by()` : `group_by(death)`
- Determinar a média: mean() - lembre a usar o argumento `na.rm=TRUE` porque existem, sim

```
gr_media <- function(grp_var, calc_var){
  covid |>
    group_by(grp_var) |>
    summarise(mean(calc_var, na.rm = TRUE))
}
```

TESTAR A FUNÇÃO

```
1 gr_media(death, crp)
```

```
1  {r sars_3}
2
3  gr_media(death, crp)
```

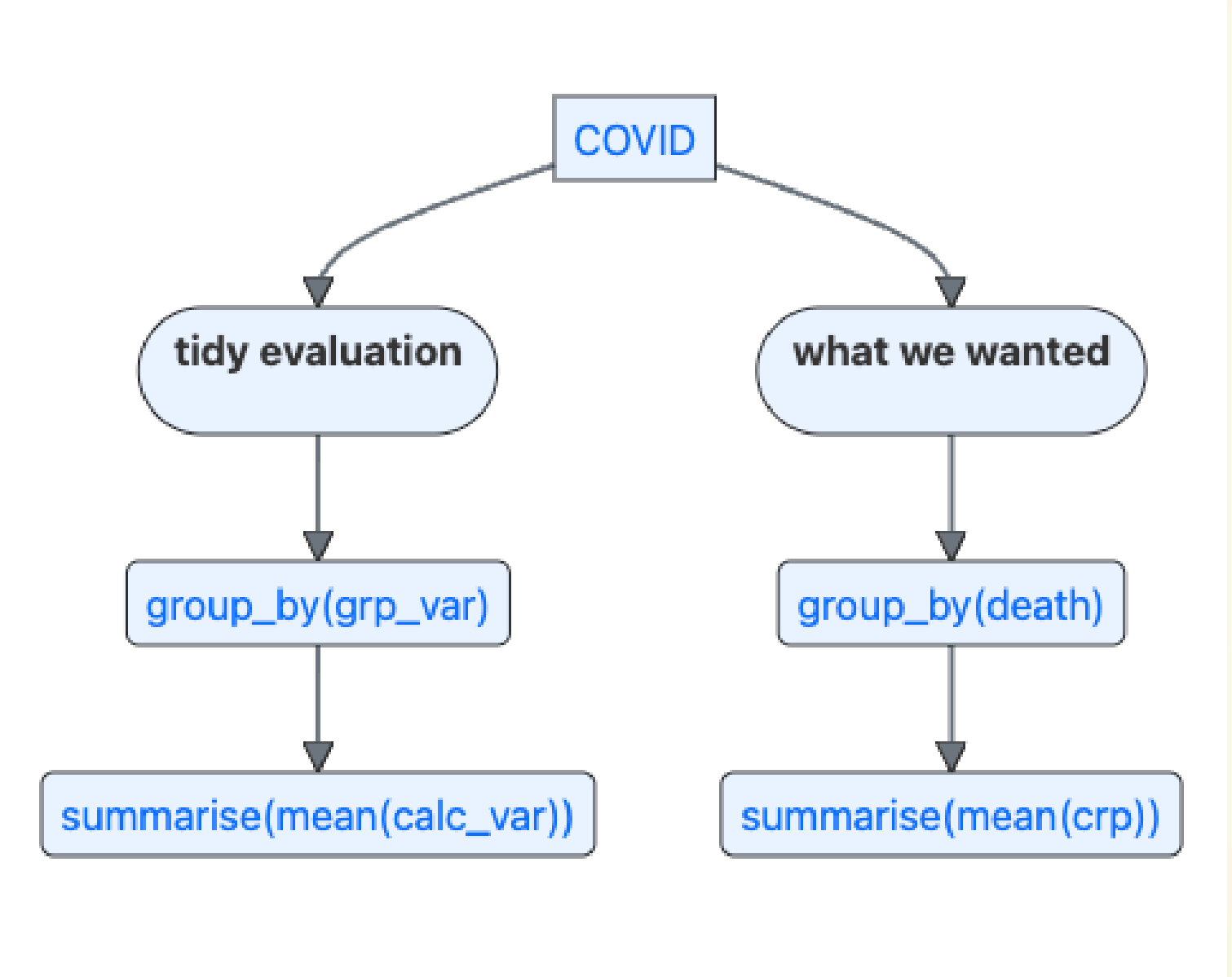
```
Error in `group_by()`:
! Must group by variables found in `.data`.
✖ Column `grp_var` is not found.
Backtrace:
 1. global gr_media(death, crp)
 4. dplyr:::group_by.data.frame(covid, grp_var)
```

```
Error in group_by(covid, grp_var) :
  ✖ Column `grp_var` is not found.
```

???? - TIDY EVALUATION

- Problema vem porque os comandos de *tidyverse* sempre usam "*tidy evaluation*"
- *tidy evaluation* permite referência aos nomes das varíaveis de um tibble sem tratamento special
- Funções que passam nomes de colunas (variáveis) de tibbles para um verbo de `dplyr` usam *tidy evaluation*
- `cv` está passando `death` e `crp` para verbos de `dplyr`
- `cv` vai tentar explicitamente avaliar `grp_var` como se fosse uma variável de um tibble
  - Mas, é um placeholder que seria substituído por `death` na função
  - Semelhente com `calc_var` e `crp`

DIAGRAMA FACILITA ENTENDIMENTO



ABRAÇANDO A VARIÁVEL

- Deve ter maneira para avisar `group_by()` e `summarise()` para não tratar `group_var` e `mean_var` como os nomes das variáveis
  - Invés disso, R deve olhar dentro destas variáveis para achar a variável que queremos usar
- Fazemos isso com **o abraço**, abraçando a variável com dupla chaves – {{ var }}
  - `{ grp_var }`
- Assim, R olhe dentro da `grp_var` para achar a variável que realmente está em jogo.
  - Diz: "Oi, grp_var é um placeholder. Olhe nos argumentos da chamada para a variável verdadeiro"
    - Que é `death`

cv COM ABRAÇO

```r
gr_media <- function(grp_var, calc_var){
  covid |>
    group_by({{ grp_var }}) |>
    summarise(mean({{ calc_var }}, na.rm = TRUE))
}

gr_media(death, crp)
```

```
# A tibble: 2 × 2
  death    `mean(crp, na.rm = TRUE)`
  <chr>                        <dbl>
1 death                        162.
2 survival                      72.5
```

`across()` & FUNÇÕES ANÔNIMAS

APLICAR `cv` PARA `data a-d`

- Anote as duas maneiras para escrever uma função anônima

```
1 data |>
2   mutate(across(a:d, function(x) cv(x)))
```

```
# A tibble: 5 × 4
      a     b     c     d
  <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
1  1.57  1.58  4.03 -2.62
2  1.57  1.58  4.03 -2.62
3  1.57  1.58  4.03 -2.62
4  1.57  1.58  4.03 -2.62
5  1.57  1.58  4.03 -2.62
```

```
1 data |>
2   mutate(across(a:d, \(x) cv(x)))
```

```
# A tibble: 5 × 4
      a     b     c     d
  <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
1  1.57  1.58  4.03 -2.62
2  1.57  1.58  4.03 -2.62
3  1.57  1.58  4.03 -2.62
4  1.57  1.58  4.03 -2.62
5  1.57  1.58  4.03 -2.62
```

MUITO MAIS SOBRE FUNÇÕES

- Só o início sobre funções
- Precisa estudar a documentação, esp. R4DS