

Estatística Computacional com R

Fernando P. Mayer

Wagner H. Bonat

Laboratório de Estatística e Geoinformação (LEG)
Departamento de Estatística (DEST)
Universidade Federal do Paraná (UFPR)

2018-07-24

Última atualização: 2018-07-25

Sumário

I	R básico	7
1	Computação científica e interação com o R	9
1.1	Interagindo com o computador	9
1.2	Editores de texto	9
1.2.1	Editores para R	10
1.3	R	10
1.3.1	Configuração inicial	11
1.3.2	O R como uma calculadora	11
1.3.3	Para onde vão os resultados?	11
1.3.4	O editor de scripts	12
1.3.5	Operadores aritméticos	12
1.3.6	Ordens de execução	12
1.3.7	“Salvando” resultados	13
1.3.8	Finalizando o programa	14
2	Objetos e classes	15
2.1	Funções e argumentos	15
2.1.1	Outros tipos de argumentos	15
2.2	Mecanismos de ajuda	16
2.3	Criando uma função	17
2.4	Objetos	18
2.4.1	Nomes de objetos	19
2.4.2	Gerenciando a área de trabalho	19
2.5	Tipos e classes de objetos	20
2.5.1	Vetores numéricos	21
2.5.2	Outros tipos de vetores	24
2.5.3	Misturando classes de objetos	25
2.5.4	Valores perdidos e especiais	26
2.6	Outras classes	27
2.6.1	Fator	27
2.6.2	Matriz	28
2.6.3	Array	30
2.6.4	Lista	31
2.6.5	Data frame	32
2.7	Atributos de objetos	34
3	Indexação e seleção condicional	39
3.1	Indexação	39
3.1.1	Indexação de vetores	39
3.1.2	Indexação de matrizes	41
3.1.3	Indexação de listas	43
3.1.4	Indexação de data frames	45
3.2	Seleção condicional	48
3.2.1	Seleção condicional em vetores	48

3.2.2	A função <code>which()</code>	49
3.2.3	Seleção condicional em data frames	50
4	Entrada e saída de dados no R	53
4.1	Entrada de dados	53
4.1.1	Entrada de dados diretamente no R	53
4.1.2	Entrada via teclado	53
4.1.3	Entrada de dados em arquivos texto	55
4.1.4	Entrada de dados através da área de transferência	57
4.1.5	Importando dados diretamente de planilhas	58
4.1.6	Carregando dados já disponíveis no R	59
4.1.7	Importando dados de outros programas	60
4.2	Saída de dados do R	60
4.2.1	Usando a função <code>write.table()</code>	60
4.2.2	Usando os formatos textual e binário para ler/escrever dados	62
4.3	Informações sobre diretórios e arquivos	64
5	Programando com dados	65
5.1	Estrutura de repetição <code>for()</code>	65
5.2	Estrutura de seleção <code>if()</code>	71
5.3	O modo R: vetorização	73
5.4	Outras estruturas: <code>while</code> e <code>repeat</code>	77
A	Programação Orientada a Objetos	79

Prefácio

Essa apostila é destinada inicialmente aos alunos da disciplina CE083 - Estatística Computacional I, do curso de Estatística da UFPR.

Informação de sessão

Abaixo seguem as informações do ambiente em que o documento foi gerado pela última vez.

Wednesday, 25 July, 2018, 01:22

R version 3.5.0 (2017-01-27)

Platform: x86_64-pc-linux-gnu (64-bit)

Running under: Ubuntu 14.04.5 LTS

Matrix products: default

BLAS: /home/travis/R-bin/lib/R/lib/libRblas.so

LAPACK: /home/travis/R-bin/lib/R/lib/libRlapack.so

locale:

```
[1] LC_CTYPE=en_US.UTF-8      LC_NUMERIC=C
[3] LC_TIME=en_US.UTF-8      LC_COLLATE=en_US.UTF-8
[5] LC_MONETARY=en_US.UTF-8  LC_MESSAGES=en_US.UTF-8
[7] LC_PAPER=en_US.UTF-8     LC_NAME=C
[9] LC_ADDRESS=C             LC_TELEPHONE=C
[11] LC_MEASUREMENT=en_US.UTF-8 LC_IDENTIFICATION=C
```

attached base packages:

```
[1] stats      graphics  grDevices  utils      datasets  methods    base
```

other attached packages:

```
[1] MASS_7.3-50  gdata_2.18.0 knitr_1.20
```

loaded via a namespace (and not attached):

```
[1] Rcpp_0.12.18  bookdown_0.7.15 gtools_3.8.1    digest_0.6.15
[5] rprojroot_1.3-2 backports_1.1.2 magrittr_1.5    evaluate_0.11
[9] highr_0.7     stringi_1.2.4   rstudioapi_0.7  rmarkdown_1.10
[13] tools_3.5.0   stringr_1.3.1   xfun_0.3        yaml_2.1.19
[17] compiler_3.5.0 htmltools_0.3.6
```


Parte I

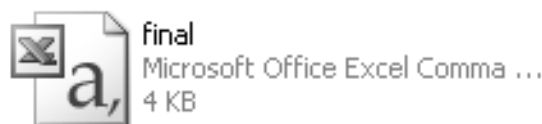
R básico

Capítulo 1

Computação científica e interação com o R

1.1 Interagindo com o computador

O que significa este ícone?



- É um documento do Microsoft Excel?
- É um arquivo de **texto pleno**, separado por vírgulas (CSV *comma separated values*)
- De fato, o nome do arquivo é `final.csv` e não `final`
- O Excel pode sim abrir este arquivo... assim como milhares de outros programas!

O que está acontecendo?

- O computador (leia-se, nesse caso, o sistema operacional Windows) “protege” o usuário dos detalhes sujos
- Isso é ruim? **Sim!**
- O usuário se acostuma com o computador ditando as regras
- É importante lembrar que é você quem deve dizer o que o computador deve fazer (nesse caso, com qual programa abrir certo arquivo)

O que deve acontecer?

- Para a maioria dos usuários, a interação com o computador se limita a clicar em links, selecionar menus e caixas de diálogo
- O problema com essa abordagem é que parece que o usuário é controlado pelo computador
- A verdade deve ser o oposto!
- É o usuário que possui o controle e deve dizer para o computador exatamente o que fazer
- Escrever código ainda tem a vantagem de deixar registrado tudo o que foi feito

1.2 Editores de texto

Uma característica importante de códigos de programação é que eles são em **texto puro**, por isso precisamos de um bom **editor de textos**

Características de um bom editor:

- **Identação automática**
- **Complementação de parênteses**
- **Destaque de sintaxe** (*syntax highlighting*)
- **Numeração de linhas**
- **Auto completar comandos**

1.2.1 Editores para R

Windows:

- Interface padrão: pouco recomendado
- Tinn-R

Linux:

- Vim-R-plugin
- Gedit-R-plugin

Todas as plataformas:

- Rstudio: recomendado para iniciantes
- Emacs + ESS: altamente recomendado

1.3 R

“The statistical software should help, by supporting each step from user to programmer, with as few intrusive barriers as possible.”

“... to turn ideas into software, quickly and faithfully.”

— John M. Chambers

O R é um dialeto do S e:

- *Ambiente* estatístico para análise de dados e produção de gráficos
- Uma completa linguagem de programação:
 - Interpretada (contrário de compilada)
 - Orientada a objetos:

Tudo no R é um objeto...

- Livre distribuição (código-aberto)
- Mais de 10000 pacotes adicionais

Pequeno histórico:

- 1980: Linguagem S: desenvolvida por R. Becker, J. Chambers e A. Wilks (AT&T Bell Laboratories)
- 1980: Versão comercial: S-Plus (Insightful Corporation)
- 1996: Versão livre: R desenvolvido por R. Ihaka e R. Gentleman (Universidade de Auckland)
- 1997: R Development Core Team
- Hoje: 20 desenvolvedores principais e muitos outros colaboradores em todo o mundo
- Estatísticos, matemáticos e programadores

1.3.1 Configuração inicial

- O **diretório de trabalho** é uma pasta onde o R será direcionado. Todos os arquivos que serão importados (base de dados, ...) ou exportados (base de dados, gráficos, ...) por ele ficarão nesta pasta.
- Existem duas maneiras de configurar o diretório de trabalho (suponha que vamos usar a pasta ~/estatcomp1):
- 1) Utilizando a função `setwd()` dentro do R:

```
setwd("~/estatcomp1")
```

- 2) Pelo menu do RStudio em Session > Set Working Directory > Choose Directory... Confira o diretório que está trabalhando com a função

```
getwd()
```

1.3.2 O R como uma calculadora

O símbolo > indica que o R está pronto para receber um comando:

```
> 2 + 2  
[1] 4
```

O símbolo > muda para + se o comando estiver incompleto:

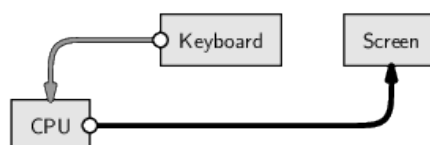
```
> 2 *  
+ 2  
[1] 4
```

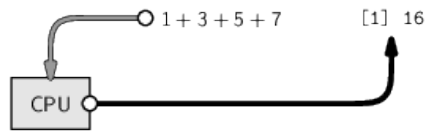
Espaços entre os números não fazem diferença:

```
> 2+      2  
[1] 4
```

1.3.3 Para onde vão os resultados?

```
> 1 + 3 + 5 + 7  
[1] 16
```





- Note que o resultado é apenas mostrado na tela, nada é salvo na memória (por enquanto)

1.3.4 O editor de scripts

- Para criar rotinas computacionais é necessário utilizar um editor de scripts.
- Clique em File > New file > R script. Salve com a extensão .R.
- Para enviar comandos diretamente para o console, selecione-os e aperte Ctrl + <Enter>.
- Para adicionar comentários ao script, utiliza-se o símbolo # antes do texto e/ou comandos. O que estiver depois do símbolo não será interpretado pelo R. Portanto:

```
2 + 2      # esta linha será executada
# 2 + 2    esta linha não será executada
```

1.3.5 Operadores aritméticos

Operador	Significado
+	adição
-	subtração
*	multiplicação
/	divisão
^	potência
exp()	exponencial
sqrt()	raiz quadrada
factorial()	fatorial
log(); log2(); log10()	logaritmos

1.3.6 Ordens de execução

As operações são realizadas sempre seguindo as prioridades:

1. De dentro para fora de parênteses ()
2. Multiplicação e divisão
3. Adição e subtração

```
> 5 * 2 - 10 + 7
[1] 7
> 5 * 2 - (10 + 7)
[1] -7
> 5 * (2 - 10 + 7)
[1] -5
> 5 * (2 - (10 + 7))
[1] -75
```

Exercícios

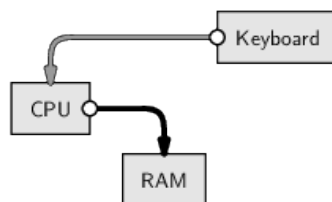
1. Calcule a seguinte equação: $32 + 16^2 - 25^3$
2. Divida o resultado por 345
3. Qual o resultado da expressão $\frac{e^{-2}2^4 - 1}{4!}$?
4. E do logaritmo desta expressão?

1.3.7 “Salvando” resultados

Do exercício anterior

```
> x <- 32 + 16^2 - 25^3
> x
[1] -15337
> x/345
[1] -44.45507
> (y <- (exp(-2) * 2^4 - 1)/factorial(4))
[1] 0.04855686
> log(y)
[1] -3.02502
```

Quando criamos uma variável (x, y), ela fica armazenada **temporariamente** na memória RAM.



Para saber quais objetos estão criados, usamos a **função** `ls()`

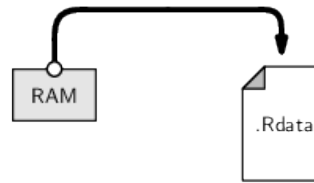
```
> ls()
[1] "x" "y"
```

Estas variáveis ficam armazenadas no chamado *workspace* do R

- O *workspace* consiste de tudo que for criado durante uma sessão do R, armazenado na memória RAM

Para efetivamente salvar essas variáveis, podemos armazenar esse *workspace* do R em disco, em um arquivo chamado `.Rdata`





- Quando o R é iniciado em um diretório com um arquivo `.Rdata`, as variáveis salvas são automaticamente carregadas
- No entanto, é sempre melhor salvar os dados e o **script**, assim é possível gerar os resultados novamente, sem salvar nada sem necessidade
- Veremos mais pra frente como salvar variáveis específicas, por exemplo, resultados de uma análise que leva muito tempo para ser executada
- O mais importante é salvar o **código**, assim sabemos **como** chegamos a determinado resultado, e podemos recriá-lo depois

1.3.8 Finalizando o programa

A qualquer momento durante uma sessão você pode usar o comando

```
> save.image()
```

No RStudio:

- File > Save As...
- Na janela que abrir, digite o nome do arquivo (por exemplo `script_aula1`) e salve
- Automaticamente o script será salvo com a extensão `.R` (nesse caso `script_aula1.R`) no diretório de trabalho que você configurou no início

Alternativamente, você pode também salvar toda sua área de trabalho, clicando em Workspace > Save As Default Workspace. Este processo irá gerar dois arquivos:

- `.Rdata`: contém todos os objetos criados durante uma sessão. Não é necessário (e nem recomendado) dar um nome antes do ponto. Dessa forma, a próxima vez que o programa for iniciado neste diretório, a área de trabalho será carregada automaticamente.
- `.Rhistory`: um arquivo texto que contém todos os comandos que foram digitados no console.

Referências

- Leek, J. [The Elements of Data Analytic Style](#). Leanpub, 2015.
- Murrell, P. [Introduction to data technologies](#). Boca Raton: Chapman & Hall/CRC, 2009.
- Peng, RD. [R programming for data science](#). Leanpub, 2015.

Capítulo 2

Objetos e classes

2.1 Funções e argumentos

As funções no R são definidas como:

```
nome(argumento1, argumento2, ...)
```

Exemplo: função `runif()` (para gerar valores aleatórios de uma distribuição uniforme):

```
runif(n, min = 0, max = 1)
```

```
runif(10, 1, 100)
```

```
[1] 31.468845 26.509578 55.679921 6.581932 47.386379 48.893303 81.427859  
[8] 37.661733 55.109301 17.855943
```

Argumentos que já possuem um valor especificado (como `max` e `min`) podem ser omitidos:

```
runif(10)
```

Se os argumentos forem nomeados, a ordem deles dentro da função não tem mais importância:

```
runif(min = 1, max = 100, n = 10)
```

Argumentos nomeados e não nomeados podem ser utilizados, desde que os não nomeados estejam na posição correta:

```
runif(10, max = 100, min = 1)
```

2.1.1 Outros tipos de argumentos

Exemplo: função `sample()`:

```
sample(x, size, replace = FALSE, prob = NULL)
```

- `x` e `size` devem ser obrigatoriamente especificados
- `replace` é lógico: TRUE (T) ou FALSE (F)
- `prob` é um argumento vazio ou ausente (“opcional”)

Exemplo: função `plot()`:

```
plot(x, y, ...)
```

- “...” permite especificar argumentos de outras funções (por exemplo `par()`)

Para ver todos os argumentos disponíveis de uma função, podemos usar a função `args()`

```
args(sample)
function (x, size, replace = FALSE, prob = NULL)
NULL
```

2.2 Mecanismos de ajuda

Argumentos e detalhes do funcionamento das funções:

```
?runif
```

ou

```
help(runif)
```

A documentação contém os campos:

- **Description:** breve descrição
- **Usage:** função e todos seus argumentos
- **Arguments:** lista descrevendo cada argumento
- **Details:** descrição detalhada
- **Value:** o que a função retorna
- **References:** bibliografia relacionada
- **See Also:** funções relacionadas
- **Examples:** exemplos práticos

Procura por nomes de funções que contenham algum termo:

```
apropos("mod")
apropos("model")
```

Procura por funções que contenham palavra em qualquer parte de sua documentação:

```
help.search("palavra")
```

Ajuda através do navegador (também contém manuais, ...):

```
help.start()
```

Sites para busca na documentação dos diversos pacotes:

- RDocumentation <https://www.rdocumentation.org/>
- R Package Documentation <https://rdrr.io/>
- R Contributed Documentation (várias línguas) <https://cran.r-project.org/other-docs.html>

Os pacotes do R contém funções específicas para determinadas tarefas, e estendem a instalação básica do R. Atualmente existem mais de 10000 pacotes disponíveis no [CRAN](#), além de diversos outros hospedados em sites como [Github](#), por exemplo.

Ao instalar o R, os seguintes pacotes já vêm instalados (fazem parte do chamado “R core”):

```
NULL
```

No entanto, nem todos são carregados na inicialização do R. Por padrão, apenas os seguintes pacotes são carregados automaticamente:

```
[1] "knitr"      "stats"      "graphics"   "grDevices"  "utils"      "datasets"
[7] "methods"   "base"
```

Para listar os pacotes carregados, use a função

```
search()
```


Note que o primeiro elemento, `.GlobalEnv`, será sempre carregado pois ele é o *ambiente* que irá armazenar (e deixar disponível) os objetos criados pelo usuário. Para carregar um pacote instalado, usamos a função `library()`, por exemplo

```
library(lattice)
search()
```

Isso tornará todas as funções do pacote `lattice` disponíveis para uso.

Para instalar um pacote usamos a função `install.packages()`. Sabendo o nome do pacote, por exemplo, `mvtnorm`, fazemos

```
install.packages("mvtnorm")
```

Se o diretório padrão de instalação de um pacote for de acesso restrito (root por exemplo), o R irá perguntar se você gostaria de instalar o pacote em uma biblioteca pessoal, e sugerirá um diretório que possui as permissões necessárias. Você pode se antecipar e já definir e criar um diretório na sua pasta pessoal, e instalar os pacotes sempre nesse local. Por exemplo, defina `~/R/library` como sua biblioteca pessoal. Para instalar os pacotes sempre nesse diretório faça:

```
install.packages("mvtnorm", lib = "~/R/library")
```

Para verificar as bibliotecas disponíveis e se existem pacotes para ser atualizados, use

```
packageStatus()
```

Para atualizar automaticamente todos os pacotes faça

```
update.packages(ask = FALSE)
```

2.3 Criando uma função

A ideia original do R é transformar usuários em programadores

"... to turn ideas into software, quickly and faithfully."

– John M. Chambers

Criar funções para realizar trabalhos específicos é um dos grandes poderes do R

Por exemplo, podemos criar a famosa função

```
ola.mundo <- function(){
  writeLines("Olá mundo")
}
```

E chama-la através de

```
ola.mundo()
Olá mundo
```

A função acima não permite alterar o resultado de saída. Podemos fazer isso incluindo um **argumento**

```
ola.mundo <- function(texto){
  writeLines(texto)
}
```

E fazer por exemplo

```
ola.mundo("Funções são legais")
Funções são legais
```

(Veremos detalhes de funções mais adiante)

Exercícios

1. Usando a função `runif()` gere 30 números aleatórios entre:
 - 0 e 1
 - -5 e 5
 - 10 e 500

alternando a posição dos argumentos da função.

2. Veja o help da função (?) "+"
3. Crie uma função para fazer a soma de dois números: x e y
4. Crie uma função para simular a jogada de um dado.
5. Crie uma função para simular a jogada de dois dados.

2.4 Objetos

O que é um objeto?

- Um **símbolo** ou uma **variável** capaz de armazenar qualquer valor ou estrutura de dados

Por quê objetos?

- Uma maneira simples de acessar os dados armazenados na memória (o R não permite acesso direto à memória)

Programação:

- Objetos \Rightarrow Classes \Rightarrow Métodos

"Tudo no R é um objeto."

"Todo objeto no R tem uma classe"

- **Classe:** é a definição de um objeto. Descreve a forma do objeto e como ele será manipulado pelas diferentes funções
- **Método:** são **funções genéricas** que executam suas tarefas de acordo com cada classe. Duas das funções genéricas mais importantes são:
 - `summary()`
 - `plot()`

Veja o resultado de

```
methods(summary)
methods(plot)
```

(Veremos mais detalhes adiante).

A variável x recebe o valor 2 (tornando-se um objeto dentro do R):

```
x <- 2
```

O símbolo `<-` é chamado de **operador de atribuição**. Ele serve para atribuir valores a objetos, e é formado pelos símbolos `<` e `=`, obrigatoriamente **sem espaços**.

Para ver o conteúdo do objeto:

```
x
[1] 2
```

Observação: O símbolo = pode ser usado no lugar de <- mas não é recomendado.

Quando você faz

```
x <- 2
```

está fazendo uma **declaração**, ou seja, declarando que a variável x irá agora se tornar um objeto que armazena o número 2. As declarações podem ser feitas uma em cada linha

```
x <- 2
y <- 4
```

ou separadas por ;

```
x <- 2; y <- 4
```

Operações matemáticas em objetos:

```
x + x
[1] 4
```

Objetos podem armazenar diferentes estruturas de dados:

```
y <- runif(10)
y
[1] 0.6249965 0.8821655 0.2803538 0.3984879 0.7625511 0.6690217 0.2046122
[8] 0.3575249 0.3594751 0.6902905
```

Note que cada objeto só pode armazenar uma estrutura (um número ou uma sequência de valores) de cada vez! (Aqui, o valor 4 que estava armazenado em y foi sobrescrito pelos valores acima.)

2.4.1 Nomes de objetos

- Podem ser formados por letras, números, “_”, e “.”
- Não podem começar com número e/ou ponto
- Não podem conter espaços
- Evite usar acentos
- Evite usar nomes de funções como:

c q t C D F I T diff df data var pt

- O R é *case-sensitive*, portanto:

dados ≠ Dados ≠ DADOS

2.4.2 Gerenciando a área de trabalho

Liste os objetos criados com a função ls():

```
ls()
```

Para remover apenas um objeto:

```
rm(x)
```

Para remover outros objetos:

```
rm(x, y)
```

Para remover todos os objetos:

```
rm(list = ls())
```

Cuidado! O comando acima apaga todos os objetos na sua área de trabalho sem perguntar. Depois só é possível recuperar os objetos ao rodar os script novamente.

Exercícios

1. Armazene o resultado da equação $32 + 16^2 - 25^3$ no objeto `x`
2. Divida `x` por 345 e armazene em `y`
3. Crie um objeto (com o nome que você quiser) para armazenar 30 valores aleatórios de uma distribuição uniforme entre 10 e 50
4. Remova o objeto `y`
5. Remova os demais objetos de uma única vez
6. Procure a função utilizada para gerar números aleatórios de uma distribuição de Poisson, e gere 100 valores para a VA $X \sim \text{Poisson}(5)$.

2.5 Tipos e classes de objetos

Para saber como trabalhar com dados no R, é fundamental entender as possíveis estruturas (ou tipos) de dados possíveis. O formato mais básico de dados são os vetores, e a partir deles, outras estruturas mais complexas podem ser construídas. O R possui dois tipos básicos de vetores:

- **Vetores atômicos:** existem seis tipos básicos:
 - `double`
 - `integer`
 - `character`
 - `logical`
 - `complex`
 - `raw`

Os tipos `integer` e `double` são chamados conjuntamente de `numeric`. - **Listas:** também chamadas de *vetores recursivos* pois listas podem conter outras listas.

A principal diferença entre vetores atômicos e listas é que o primeiro é **homogêneo** (cada vetor só pode conter um tipo), enquanto que o segundo pode ser **heterogêneo** (cada vetor pode conter mais de um tipo).

Um vetor atômico só pode conter elementos de um mesmo tipo

Um vetor, como o próprio nome diz, é uma estrutura unidimensional, mas na maioria das vezes iremos trabalhar com estruturas de dados bidimensionais (linhas e colunas). Portanto diferentes estruturas (com diferentes dimensões) podem ser criadas a partir dos vetores atômicos. Quando isso acontece, temos o que é chamado de **classe** de um objeto. Embora os vetores atômicos só possuam seis tipos básicos, existe um número muito grande de classes, e novas são inventadas todos os dias. É mesmo que um objeto seja de qualquer classe, ele sempre será de um dos seis tipos básicos (ou uma lista).

Para verificar o tipo de um objeto, usamos a função `typeof()`, enquanto que a classe é verificada com a função `class()`. Vejamos alguns exemplos:

```
## double
x <- c(2, 4, 6)
typeof(x)
[1] "double"
class(x)
[1] "numeric"
## integer
x <- c(2L, 4L, 6L)
```

```
typeof(x)
[1] "integer"
class(x)
[1] "integer"
## character
x <- c("a", "b", "c")
typeof(x)
[1] "character"
class(x)
[1] "character"
## logical
x <- c(TRUE, FALSE, TRUE)
typeof(x)
[1] "logical"
class(x)
[1] "logical"
## complex
x <- c(2 + 1i, 4 + 1i, 6 + 1i)
typeof(x)
[1] "complex"
class(x)
[1] "complex"
## raw
x <- raw(3)
typeof(x)
[1] "raw"
class(x)
[1] "raw"
```

2.5.1 Vetores numéricos

Características:

- Coleção ordenada de valores
- Estrutura unidimensional

Usando a função `c()` para criar vetores:

```
num <- c(10, 5, 2, 4, 8, 9)
num
[1] 10 5 2 4 8 9
typeof(num)
[1] "double"
class(num)
[1] "numeric"
```

Por que `numeric` e não `integer`?

```
x <- c(10L, 5L, 2L, 4L, 8L, 9L)
x
[1] 10 5 2 4 8 9
typeof(x)
[1] "integer"
class(x)
[1] "integer"
```

Para forçar a representação de um número para inteiro é necessário usar o sufixo `L`.

Note que a diferença entre `numeric` e `integer` também possui impacto computacional, pois o armazenamento de números inteiros ocupa menos espaço na memória. Dessa forma, esperamos que o vetor `x` acima ocupe menos espaço na memória do que o vetor `num`, embora sejam aparentemente idênticos. Veja:

```
object.size(num)
[1] 96 bytes
object.size(x)
[1] 80 bytes
```

A diferença pode parecer pequena, mas pode ter um grande impacto computacional quando os vetores são formados por milhares ou milhões de números.

2.5.1.1 Representação numérica dentro do R

Os números que aparecem na tela do console do R são apenas representações simplificadas do número real armazenado na memória. Por exemplo,

```
x <- runif(10)
x
[1] 0.2875775 0.7883051 0.4089769 0.8830174 0.9404673 0.0455565 0.5281055
[8] 0.8924190 0.5514350 0.4566147
```

O objeto `x` contém números como 0.2875775, 0.7883051, etc, que possuem 7 casas decimais, que é o padrão do R. O número de casas decimais é controlado pelo argumento `digits` da função `options()`. Para visualizar essa opção, use

```
getOption("digits")
[1] 7
```

Note que esse valor de 7 é o número de **dígitos significativos**, e pode variar conforme a sequência de números. Por exemplo,

```
y <- runif(10)
y
[1] 0.069360916 0.817775199 0.942621732 0.269381876 0.169348123
[6] 0.033895622 0.178785004 0.641665366 0.022877743 0.008324827
```

possui valores com 9 casas decimais. Isto é apenas a representação do número que aparece na tela. Internamente, cada número é armazenado com uma precisão de 64 bits. Como consequência, cada número possui uma acurácia de até 16 dígitos significativos. Isso pode introduzir algum tipo de erro, por exemplo:

```
sqrt(2)^2 - 2
[1] 4.440892e-16
print(sqrt(2)^2, digits = 22)
[1] 2.000000000000000444089
```

não é exatamente zero, pois a raiz quadrada de 2 não pode ser armazenada com toda precisão com “apenas” 16 dígitos significativos. Esse tipo de erro é chamado de **erro de ponto flutuante**, e as operações nessas condições são chamadas de **aritmética de ponto flutuante**. Para mais informações sobre esse assunto veja [What Every Computer Scientist Should Know About Floating-Point Arithmetic](#) e [Why doesn't R think these numbers are equal?](#).

No R os números podem ser representados com até 22 casas decimais. Você pode ver o número com toda sua precisão usando a função `print()` e especificando o número de casas decimais com o argumento `digits` (de 1 a 22)

```
print(x, digits = 1)
[1] 0.29 0.79 0.41 0.88 0.94 0.05 0.53 0.89 0.55 0.46
```

```
print(x, digits = 7) # padrão
[1] 0.2875775 0.7883051 0.4089769 0.8830174 0.9404673 0.0455565 0.5281055
[8] 0.8924190 0.5514350 0.4566147
print(x, digits = 22)
[1] 0.28757752012461423873901 0.78830513544380664825439
[3] 0.40897692181169986724854 0.88301740400493144989014
[5] 0.94046728429384529590607 0.04555649938993155956268
[7] 0.52810548804700374603271 0.89241904439404606819153
[9] 0.55143501446582376956940 0.45661473530344665050507
```

Também é possível alterar a representação na tela para o formato científico, usando a função `format()`

```
format(x, scientific = TRUE)
[1] "2.875775e-01" "7.883051e-01" "4.089769e-01" "8.830174e-01"
[5] "9.404673e-01" "4.555650e-02" "5.281055e-01" "8.924190e-01"
[9] "5.514350e-01" "4.566147e-01"
```

Nessa representação, o valor $2.875775e-01 = 2.875775 \times 10^{-01} = 0.2875775$.

2.5.1.2 Sequências de números

Usando a função `seq()`

```
seq(1, 10)
[1] 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10
```

Ou `1:10` gera o mesmo resultado. Para a sequência variar em 2

```
seq(from = 1, to = 10, by = 2)
[1] 1 3 5 7 9
```

Para obter 15 valores entre 1 e 10

```
seq(from = 1, to = 10, length.out = 15)
[1] 1.000000 1.642857 2.285714 2.928571 3.571429 4.214286 4.857143
[8] 5.500000 6.142857 6.785714 7.428571 8.071429 8.714286 9.357143
[15] 10.000000
```

Usando a função `rep()`

```
rep(1, 10)
[1] 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1
```

Para gerar um sequência várias vezes

```
rep(c(1, 2, 3), times = 5)
[1] 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 3
```

Para repetir um número da sequência várias vezes

```
rep(c(1, 2, 3), each = 5)
[1] 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2 3 3 3 3 3
```

2.5.1.3 Operações matemáticas em vetores numéricos

Operações podem ser feitas entre um vetor e um número:

```
num * 2
[1] 20 10 4 8 16 18
```

E também entre vetores de mesmo comprimento ou com comprimentos múltiplos:

```
num * num
[1] 100 25 4 16 64 81
num + c(2, 4, 1)
[1] 12 9 3 6 12 10
```

2.5.1.4 A Regra da Reciclagem

Original		Expandido		Resposta
num	c(2,4,1)	num	c(2,4,1)	num + c(2,4,1)
10	2	10	2	12
5	4	5	4	9
2	1	2	1	3
4		4	2	6
8		8	4	12
9		9	1	10

Agora tente:

```
num + c(2, 4, 1, 3)
```

2.5.2 Outros tipos de vetores

Vetores também podem ter outros tipos:

- Vetor de caracteres:

```
caracter <- c("brava", "joaquina", "armação")
caracter
[1] "brava" "joaquina" "armação"
typeof(caracter)
[1] "character"
class(caracter)
[1] "character"
```

- Vetor lógico:

```
logico <- caracter == "armação"
logico
[1] FALSE FALSE TRUE
typeof(logico)
[1] "logical"
class(logico)
[1] "logical"
```

ou

```
logico <- num > 4
logico
[1] TRUE TRUE FALSE FALSE TRUE TRUE
```

No exemplo anterior, a condição `num > 4` é uma **expressão condicional**, e o símbolo `>` um **operador lógico**. Os operadores lógicos utilizados no R são:

Operador	Sintaxe	Teste
<	a < b	a é menor que b?
<=	a <= b	a é menor ou igual a b?
>	a > b	a é maior que b
>=	a >= b	a é maior ou igual a b?
==	a == b	a é igual a b?
!=	a != b	a é diferente de b?
%in%	a %in% c(a, b)	a está contido no vetor c(a, b)?

2.5.3 Misturando classes de objetos

Algumas vezes isso acontece por acidente, mas também pode acontecer de propósito.

O que acontece aqui?

```
w <- c(5L, "a")
x <- c(1.7, "a")
y <- c(TRUE, 2)
z <- c("a", T)
```

Lembre-se da regra:

Um vetor só pode conter elementos do mesmo tipo

Quando objetos de diferentes tipos são misturados, ocorre a **coerção**, para que cada elemento possua a mesma classe.

Nos exemplos acima, nós vemos o efeito da **coerção implícita**, quando o R tenta representar todos os objetos de uma única forma.

Nós podemos forçar um objeto a mudar de classe, através da **coerção explícita**, realizada pelas funções as.*:

```
x <- 0:6
typeof(x)
[1] "integer"
class(x)
[1] "integer"
as.numeric(x)
[1] 0 1 2 3 4 5 6
as.logical(x)
[1] FALSE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
as.character(x)
[1] "0" "1" "2" "3" "4" "5" "6"
as.factor(x)
[1] 0 1 2 3 4 5 6
Levels: 0 1 2 3 4 5 6
```

De ?logical:

Logical vectors are coerced to integer vectors in contexts where a numerical value is required, with 'TRUE' being mapped to '1L', 'FALSE' to '0L' and 'NA' to 'NA_integer_'.

```
(x <- c(FALSE, TRUE))
[1] FALSE TRUE
class(x)
[1] "logical"
```

```
as.numeric(x)
[1] 0 1
```

Algumas vezes não é possível fazer a coerção, então:

```
x <- c("a", "b", "c")
as.numeric(x)
Warning: NAs introduced by coercion
[1] NA NA NA
as.logical(x)
[1] NA NA NA
```

2.5.4 Valores perdidos e especiais

Valores perdidos devem ser definidos como NA (*not available*):

```
perd <- c(3, 5, NA, 2)
perd
[1] 3 5 NA 2
class(perd)
[1] "numeric"
```

Podemos testar a presença de NAs com a função `is.na()`:

```
is.na(perd)
[1] FALSE FALSE TRUE FALSE
```

Ou:

```
any(is.na(perd))
[1] TRUE
```

Outros valores especiais são:

- NaN (*not a number*) - exemplo: $0/0$
- -Inf e Inf - exemplo: $1/0$

A função `is.na()` também testa a presença de NaNs:

```
perd <- c(-1, 0, 1)/0
perd
[1] -Inf NaN Inf
is.na(perd)
[1] FALSE TRUE FALSE
```

A função `is.infinite()` testa se há valores infinitos

```
is.infinite(perd)
[1] TRUE FALSE TRUE
```

Exercícios

1. Crie um objeto com os valores 54, 0, 17, 94, 12.5, 2, 0.9, 15.
 - a. Some o objeto acima com os valores 5, 6, e depois com os valores 5, 6, 7.
2. Construa um único objeto com as letras: A, B, e C, repetidas cada uma 15, 12, e 8 vezes, respectivamente.
 - a. Mostre na tela, em forma de verdadeiro ou falso, onde estão as letras B nesse objeto.

- b. Veja a página de ajuda da função `sum()` e descubra como fazer para contar o número de letras B neste vetor (usando `sum()`).
3. Crie um objeto com 100 valores aleatórios de uma distribuição uniforme $U(0,1)$. Conte quantas vezes aparecem valores maiores ou iguais a 0,5.
4. Calcule as 50 primeiras potências de 2, ou seja, $2, 2^2, 2^3, \dots, 2^{50}$.
 - a. Calcule o quadrado dos números inteiros de 1 a 50, ou seja, $1^2, 2^2, 3^2, \dots, 50^2$.
 - b. Quais pares são iguais, ou seja, quais números inteiros dos dois exercícios anteriores satisfazem a condição $2^n = n^2$?
 - c. Quantos pares existem?
5. Calcule o seno, cosseno e a tangente para os números variando de 0 a 2π , com distância de 0.1 entre eles. (Use as funções `sin()`, `cos()`, `tan()`).
 - a. Calcule a tangente usando a relação $\tan(x) = \sin(x) / \cos(x)$.
 - b. Calcule as diferenças das tangentes calculadas pela função do R e pela razão acima.
 - c. Quais valores são exatamente iguais?
 - d. Qual a diferença máxima (em módulo) entre eles? Qual é a causa dessa diferença?

2.6 Outras classes

Como mencionado na seção anterior, o R possui 6 tipos básicos de estrutura de dados, mas diversas classes podem ser construídas a partir destes tipos básicos. Abaixo, veremos algumas das mais importantes.

2.6.1 Fator

Os fatores são parecidos com caracteres no R, mas são armazenados e tratados de maneira diferente.

Características:

- Coleção de categorias ou **níveis** (*levels*)
- Estrutura unidimensional

Utilizando as funções `factor()` e `c()`:

```
fator <- factor(c("alta", "baixa", "baixa", "media",
                 "alta", "media", "baixa", "media", "media"))
fator
[1] alta  baixa baixa media alta  media baixa media media
Levels: alta baixa media
class(fator)
[1] "factor"
typeof(fator)
[1] "integer"
```

Note que o objeto é da classe `factor`, mas seu tipo básico é `integer`! Isso significa que cada categoria única é identificada internamente por um número, e isso faz com que os fatores possuam uma ordenação, de acordo com as categorias únicas. Por isso existe a identificação dos Levels (níveis) de um fator.

Veja o que acontece quando “remover a classe” desse objeto

```
unclass(fator)
[1] 1 2 2 3 1 1 3 2 3 3
attr(,"levels")
[1] "alta" "baixa" "media"
```

Fatores podem ser convertidos para caracteres, e **também** para números inteiros

```
as.character(fator)
[1] "alta" "baixa" "baixa" "media" "alta" "media" "baixa" "media" "media"
as.integer(fator)
[1] 1 2 2 3 1 3 2 3 3
```

Caso haja uma hierarquia, os níveis dos fatores podem ser ordenados explicitamente através do argumento `levels`:

```
fator <- factor(c("alta", "baixa", "baixa", "media",
                  "alta", "media", "baixa", "media", "media"),
               levels = c("alta", "media", "baixa"))
fator
[1] alta baixa baixa media alta media baixa media media
Levels: alta media baixa
typeof(fator)
[1] "integer"
class(fator)
[1] "factor"
```

Além disso, os níveis dos fatores podem também ser explicitamente ordenados

```
fator <- factor(c("alta", "baixa", "baixa", "media",
                  "alta", "media", "baixa", "media", "media"),
               levels = c("baixa", "media", "alta"),
               ordered = TRUE)
fator
[1] alta baixa baixa media alta media baixa media media
Levels: baixa < media < alta
typeof(fator)
[1] "integer"
class(fator)
[1] "ordered" "factor"
```

(Veja que um objeto pode ter mais de uma classe). Isso geralmente só será útil em casos específicos.

As seguintes funções são úteis para verificar os níveis e o número de níveis de um fator:

```
levels(fator)
[1] "baixa" "media" "alta"
nlevels(fator)
[1] 3
```

2.6.2 Matriz

Matrizes são vetores que podem ser dispostos em duas dimensões.

Características:

- Podem conter apenas um tipo de informação (números, caracteres)
- Estrutura bidimensional

Utilizando a função `matrix()`:

```
matriz <- matrix(1:12, nrow = 3, ncol = 4)
matriz
      [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    1    4    7   10
[2,]    2    5    8   11
[3,]    3    6    9   12
```

```
class(matriz)
[1] "matrix"
typeof(matriz)
[1] "integer"
```

Alterando a ordem de preenchimento da matriz (por linhas):

```
matriz <- matrix(1:12, nrow = 3, ncol = 4, byrow = TRUE)
matriz
      [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    1    2    3    4
[2,]    5    6    7    8
[3,]    9   10   11   12
```

Para verificar a dimensão da matriz:

```
dim(matriz)
[1] 3 4
```

Adicionando colunas com cbind()

```
cbind(matriz, rep(99, 3))
      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]    1    2    3    4   99
[2,]    5    6    7    8   99
[3,]    9   10   11   12   99
```

Adicionando linhas com rbind()

```
rbind(matriz, rep(99, 4))
      [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    1    2    3    4
[2,]    5    6    7    8
[3,]    9   10   11   12
[4,]   99   99   99   99
```

Matrizes também podem ser criadas a partir de vetores adicionando um **atributo** de dimensão

```
m <- 1:10
m
[1] 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10
class(m)
[1] "integer"
dim(m)
NULL
dim(m) <- c(2, 5)
m
      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]    1    3    5    7    9
[2,]    2    4    6    8   10
class(m)
[1] "matrix"
typeof(m)
[1] "integer"
```

2.6.2.1 Operações matemáticas em matrizes

Matriz multiplicada por um escalar

```
matriz * 2
      [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    2    4    6    8
[2,]   10   12   14   16
[3,]   18   20   22   24
```

Multiplicação de matrizes (observe as dimensões!)

```
matriz2 <- matrix(1, nrow = 4, ncol = 3)
matriz %*% matriz2
      [,1] [,2] [,3]
[1,]   10   10   10
[2,]   26   26   26
[3,]   42   42   42
```

2.6.3 Array

Um array é a forma mais geral de uma matriz, pois pode ter n dimensões.

Características:

- Estrutura n -dimensional
- Assim como as matrizes, podem conter apenas um tipo de informação (números, caracteres)

Para criar um array, usamos a função `array()`, passando como primeiro argumento um vetor atômico, e especificamos a dimensão com o argumento `dim`. Por exemplo, para criar um objeto com 3 dimensões $2 \times 2 \times 3$, fazemos

```
ar <- array(1:12, dim = c(2, 2, 3))
ar
, , 1
      [,1] [,2]
[1,]    1    3
[2,]    2    4

, , 2
      [,1] [,2]
[1,]    5    7
[2,]    6    8

, , 3
      [,1] [,2]
[1,]    9   11
[2,]   10   12
```

Similarmente, um array de 2 dimensões $3 \times 2 \times 2$ é obtido com

```
ar <- array(1:12, dim = c(3, 2, 2))
ar
, , 1
      [,1] [,2]
[1,]    1    4
[2,]    2    5
[3,]    3    6
```

```
, , 2
      [,1] [,2]
[1,]    7  10
[2,]    8  11
[3,]    9  12
```

2.6.4 Lista

Como já vimos, uma lista não é uma “classe” propriamente dita, mas sim um tipo de estrutura de dados básico, ao lado dos vetores atômicos. E, assim como os vetores atômicos, listas são estruturas unidimensionais. A grande diferença é que listas agrupam objetos de diferentes tipos, inclusive outras listas.

Características:

- Pode combinar uma coleção de objetos de diferentes tipos ou classes (é um tipo básico de vetor, assim como os vetores atômicos)
- Estrutura “unidimensional”: apenas o número de elementos na lista é contado

Ppor exemplo, podemos criar uma lista com uma sequência de números, um caracter e outra lista

```
lista <- list(1:30, "R", list(TRUE, FALSE))
lista
[[1]]
 [1]  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23
[24] 24 25 26 27 28 29 30

[[2]]
[1] "R"

[[3]]
[[3]][[1]]
[1] TRUE

[[3]][[2]]
[1] FALSE
class(lista)
[1] "list"
typeof(lista)
[1] "list"
```

Para melhor visualizar a estrutura dessa lista (ou de qualquer outro objeto) podemos usar a função `str()`

```
str(lista)
List of 3
 $ : int [1:30] 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...
 $ : chr "R"
 $ :List of 2
  ..$ : logi TRUE
  ..$ : logi FALSE
```

Note que de fato é uma estrutura unidimensional

```
dim(lista)
NULL
```

```
length(lista)
[1] 3
```

Listas podem armazenar objetos de diferentes classes e dimensões, por exemplo, usando objetos criados anteriormente

```
lista <- list(fator, matriz)
lista
[[1]]
[1] alta baixa baixa media alta media baixa media media
Levels: baixa < media < alta

[[2]]
      [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    1    2    3    4
[2,]    5    6    7    8
[3,]    9   10   11   12
length(lista)
[1] 2
```

2.6.5 Data frame

Data frame é a versão bidimensional de uma lista. Data frames **são** listas, mas onde cada componente dever ter obrigatoriamente o mesmo comprimento. Cada vetor da lista vira uma coluna em um data frame, permitindo então que as “colunas” sejam de diferentes tipos.

Os data frames são as estruturas mais comuns para se trabalhar com dados no R.

Características:

- Uma lista de vetores e/ou fatores, de **mesmo comprimento**
- Pode conter diferentes tipos de dados (numérico, fator, ...)
- Estrutura bidimensional

Utilizando a função `data.frame()`:

```
da <- data.frame(nome = c("João", "José", "Maria"),
                 sexo = c("M", "M", "F"),
                 idade = c(32, 34, 30))

da
  nome sexo idade
1 João   M    32
2 José   M    34
3 Maria  F    30
class(da)
[1] "data.frame"
typeof(da)
[1] "list"
dim(da)
[1] 3 3
```

Veja os detalhes com `str()`

```
str(da)
'data.frame': 3 obs. of 3 variables:
 $ nome : Factor w/ 3 levels "João","José",...: 1 2 3
 $ sexo : Factor w/ 2 levels "F","M": 2 2 1
 $ idade: num 32 34 30
```


Note que a função `data.frame()` converte caracteres para fator automaticamente. Para que isso não aconteça, use o argumento `stringsAsFactors = FALSE`

```
da <- data.frame(nome = c("João", "José", "Maria"),
                 sexo = c("M", "M", "F"),
                 idade = c(32, 34, 30),
                 stringsAsFactors = FALSE)

da
  nome sexo idade
1 João   M    32
2 José   M    34
3 Maria  F    30
str(da)
'data.frame':  3 obs. of  3 variables:
 $ nome : chr  "João" "José" "Maria"
 $ sexo : chr  "M" "M" "F"
 $ idade: num   32  34  30
```

Data frames podem ser formados com objetos criados anteriormente, desde que tenham o mesmo comprimento:

```
length(num)
[1] 6
length(fator)
[1] 9
db <- data.frame(numerico = c(num, NA, NA, NA),
                 fator = fator)

db
  numerico fator
1      10  alta
2       5 baixa
3       2 baixa
4       4 media
5       8 alta
6       9 media
7      NA baixa
8      NA media
9      NA media
str(db)
'data.frame':  9 obs. of  2 variables:
 $ numerico: num   10  5  2  4  8  9 NA NA NA
 $ fator   : Ord.factor w/ 3 levels "baixa"<"media"<...: 3 1 1 2 3 2 1 2 2
```

Algumas vezes pode ser necessário converter um data frame para uma matriz. Existem duas opções:

```
as.matrix(db)
  numerico fator
[1,] "10"     "alta"
[2,] " 5"     "baixa"
[3,] " 2"     "baixa"
[4,] " 4"     "media"
[5,] " 8"     "alta"
[6,] " 9"     "media"
[7,] NA      "baixa"
[8,] NA      "media"
[9,] NA      "media"
data.matrix(db)
```

```

      numerico fator
[1,]      10     3
[2,]       5     1
[3,]       2     1
[4,]       4     2
[5,]       8     3
[6,]       9     2
[7,]      NA     1
[8,]      NA     2
[9,]      NA     2

```

Geralmente é o resultado de `data.matrix()` o que você está procurando.

Lembre que os níveis de um fator são armazenados internamente como números: 1º nível = 1, 2º nível = 2, ...

```

fator
[1] alta baixa baixa media alta media baixa media media
Levels: baixa < media < alta
str(fator)
Ord.factor w/ 3 levels "baixa"<"media"<...: 3 1 1 2 3 2 1 2 2
as.numeric(fator)
[1] 3 1 1 2 3 2 1 2 2

```

2.7 Atributos de objetos

Um atributo é um pedaço de informação que pode ser “anexado” à qualquer objeto, e não irá interferir nos valores daquele objeto. Os atributos podem ser vistos como “metadados”, alguma descrição associada à um objeto. Os principais atributos são:

- names
- dimnames
- dim
- class

Alguns atributos também podem ser visualizados de uma só vez através da função `attributes()`.

Por exemplo, considere o seguinte vetor

```

x <- 1:6
attributes(x)
NULL

```

Mostra que o objeto `x` não possui nenhum atributo. Mas podemos definir nomes, por exemplo, para cada componente desse vetor

```

names(x)
NULL
names(x) <- c("um", "dois", "tres", "quatro", "cinco", "seis")
names(x)
[1] "um"      "dois"    "tres"    "quatro"  "cinco"   "seis"
attributes(x)
$names
[1] "um"      "dois"    "tres"    "quatro"  "cinco"   "seis"

```

Nesse caso específico, o R irá mostrar os nomes acima dos componentes, mas isso não altera como as operações serão realizadas

```
x
  um  dois  tres quatro cinco  seis
  1    2    3     4     5     6
x + 2
  um  dois  tres quatro cinco  seis
  3    4    5     6     7     8
```

Os nomes então podem ser definidos através da função *auxiliar* `names()`, sendo assim, também podemos remover esse atributo declarando ele como nulo

```
names(x) <- NULL
attributes(x)
NULL
x
[1] 1 2 3 4 5 6
```

Outros atributos também podem ser definidos de maneira similar. Veja os exemplos abaixo:

```
length(x)
[1] 6
## Altera o comprimento (preenche com NA)
length(x) <- 10
x
[1] 1 2 3 4 5 6 NA NA NA NA
## Altera a dimensão
length(x) <- 6
dim(x)
NULL
dim(x) <- c(3, 2)
x
      [,1] [,2]
[1,]    1    4
[2,]    2    5
[3,]    3    6
attributes(x)
$dim
[1] 3 2
## Remove dimensão
dim(x) <- NULL
x
[1] 1 2 3 4 5 6
```

Assim como vimos em data frames, listas também podem ter nomes

```
x <- list(Curitiba = 1, Paraná = 2, Brasil = 3)
x
$Curitiba
[1] 1

$Paraná
[1] 2

$Brasil
[1] 3
names(x)
[1] "Curitiba" "Paraná"    "Brasil"
```

Podemos também associar nomes às *linhas* e *colunas* de uma matriz:

```
matriz
      [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    1    2    3    4
[2,]    5    6    7    8
[3,]    9   10   11   12
attributes(
$dim
[1] 3 4
rownames(matriz) <- c("A","B","C")
colnames(matriz) <- c("T1","T2","T3","T4")
matriz
   T1 T2 T3 T4
A   1  2  3  4
B   5  6  7  8
C   9 10 11 12
attributes(
$dim
[1] 3 4

$dimnames
$dimnames[[1]]
[1] "A" "B" "C"

$dimnames[[2]]
[1] "T1" "T2" "T3" "T4"
```

Para data frames existe uma função especial para os nomes de linhas, `row.names()`. Data frames também não possuem nomes de colunas, apenas nomes, já que é um caso particular de lista. Então para verificar/alterar nomes de colunas de um data frame também use `names()`.

```
da
  nome sexo idade
1 João   M    32
2 José   M    34
3 Maria  F    30
attributes(
$names
[1] "nome" "sexo" "idade"

$class
[1] "data.frame"

$row.names
[1] 1 2 3
names(da)
[1] "nome" "sexo" "idade"
row.names(da)
[1] "1" "2" "3"
```

Um resumo das funções para alterar/acessar nomes de linhas e colunas em matrizes e data frames.

Classe	Nomes de colunas	Nomes de linhas
data.frame	<code>names()</code>	<code>row.names()</code>
matrix	<code>colnames()</code>	<code>rownames()</code>

Exercícios

1. Crie um objeto para armazenar a seguinte matriz

$$\begin{bmatrix} 2 & 8 & 4 \\ 0 & 4 & 1 \\ 9 & 7 & 5 \end{bmatrix}$$

2. Atribua nomes para as linhas e colunas dessa matriz.
3. Crie uma lista (**não nomeada**) com dois componentes: (1) um vetor com as letras A, B, e C, repetidas 2, 5, e 4 vezes respectivamente; e (2) a matriz do exemplo anterior.
4. Atribua nomes para estes dois componentes da lista.
5. Inclua mais um componente nesta lista, com o nome de fator, e que seja um vetor da classe factor, idêntico ao objeto character criado acima (que possui apenas os nomes brava, joaquina, armação).
6. Crie um data frame para armazenar duas variáveis: local (A, B, C, D), e contagem (42, 34, 59 e 18).
7. Crie um data frame com as seguintes colunas:
 - Nome
 - Sobrenome
 - Se possui animal de estimação
 - Caso possua, dizer o número de animais (caso contrário, colocar 0)

Para criar o data frame, a primeira linha deve ser preenchida com as suas próprias informação (use a função `data.frame()`). Depois, pergunte essas mesmas informações para dois colegas ao seu lado, e adicione as informações deles à esse data frame (use `rbind()`). Acrescente mais uma coluna com o nome do time de futebol de cada um.

Referências

Para mais detalhes e exemplos dos assuntos abordados aqui, veja Golemund (2014). Uma abordagem mais avançada e detalhada sobre programação orientada a objetos no R pode ser consultada em Wickham (2015).

Golemund, Garrett. 2014. *Hands-On Programming with R - Write Your Own Functions and Simulations*. O'Reilly Media. <http://shop.oreilly.com/product/0636920028574.do>.

Wickham, Hadley. 2015. *Advanced R*. CRC Press.

Capítulo 3

Indexação e seleção condicional

3.1 Indexação

Existem 6 maneiras diferentes de indexar valores no R. Podemos indexar usando:

- Inteiros positivos
- Inteiros negativos
- Zero
- Espaço em branco
- Nomes
- Valores lógicos

Existem três tipos de operadores que podem ser usados para indexar (e selecionar) **sub-conjuntos** (*subsets*) de objetos no R:

- O operador `[]` sempre retorna um objeto da mesma classe que o original. Pode ser usado para selecionar múltiplos elementos de um objeto
- O operador `[[]]` é usado para extrair elementos de uma **lista** ou **data frame**. Pode ser usado para extrair um único elemento, e a classe do objeto retornado não precisa necessariamente ser uma lista ou data frame.
- O operador `$` é usado para extrair elementos **nomeados** de uma lista ou data frame. É similar ao operador `[[]]`.

3.1.1 Indexação de vetores

Observe o seguinte vetor de contagens

```
cont <- c(8, 4, NA, 9, 6, 1, 7, 9)
cont
[1] 8 4 NA 9 6 1 7 9
```

Para acessar o valor que está na posição 4, faça:

```
cont[4]
[1] 9
```

Os colchetes `[]` são utilizados para **extração** (seleção de um intervalo de dados) ou **substituição** de elementos. O valor dentro dos colchetes é chamado de **índice**.

Para acessar os valores nas posições 1, 4 e 8 é necessário o uso da função `c()`:

```
cont[c(1, 4, 8)]
[1] 8 9 9
```

Ou:

```
ind <- c(1, 4, 8)
cont[ind]
[1] 8 9 9
```

Note que os índices no R começam em 1, e não em 0, como algumas outras linguagens.

Para selecionar todos os valores, **excluindo** aquele da posição 4, usamos um índice negativo

```
cont[-4]
[1] 8 4 NA 6 1 7 9
```

Da mesma forma se quiséssemos todos os valores, menos aqueles das posições 1, 4 e 8:

```
cont[-c(1, 4, 8)]
[1] 4 NA 6 1 7
```

Também é possível selecionar uma sequência de elementos (com qualquer uma das funções de gerar sequências que já vimos antes):

```
## Seleciona os elementos de 1 a 5
cont[1:5]
[1] 8 4 NA 9 6
## Seleciona os elementos nas posições ímpar
cont[seq(1, 8, by = 2)]
[1] 8 NA 6 7
```

Mas note que para selecionar todos menos aqueles de uma sequência, precisamos colocá-la entre parênteses

```
cont[-1:5]
Error in cont[-1:5]: only 0's may be mixed with negative subscripts
cont[-(1:5)]
[1] 1 7 9
```

Para selecionar todos os elementos que sejam NA, ou todos menos os NAs, precisamos usar a função `is.na()`

```
## Para selecionar os NAs
cont[is.na(cont)]
[1] NA
## Para selecionar todos menos os NAs
cont[!is.na(cont)]
[1] 8 4 9 6 1 7 9
```

Para substituir os NAs por algum valor (e.g. 0):

```
cont[is.na(cont)] <- 0
cont
[1] 8 4 0 9 6 1 7 9
```

E para especificar NA para algum valor

```
is.na(cont) <- 3
cont
[1] 8 4 NA 9 6 1 7 9
## Mais seguro do que
# cont[3] <- NA
```

Note que se utilizarmos o operador de atribuição `<-` em conjunto com uma indexação, estaremos **substituindo** os valores selecionados pelos valores do lado direito do operador de atribuição.

Podemos também utilizar mais duas formas de indexação no R: espaços em branco e zero:


```
cont[0]
numeric(0)
cont[]
[1] 8 4 NA 9 6 1 7 9
```

Note que o índice zero não existe no R, mas ao utilizá-lo é retornado um vetor “vazio”, ou um vetor de comprimento zero. Essa forma de indexação é raramente utilizada no R.

Ao deixar um espaço em branco, estamos simplesmente informando que queremos todos os valores daquele vetor. Essa forma de indexação será particularmente útil para objetos que possuem duas ou mais dimensões, como matrizes e data frames.

Exercícios

1. Crie um vetor com os valores: 88, 5, 12, 13
2. Selecione o elemento na posição 3
3. Selecione o valor 88
4. Selecione os valores 13 e 5
5. Selecione todos os valores, menos o 88 e o 13
6. Insira o valor 168 **entre** os valores 12 e 13, criando um novo objeto

3.1.1.1 Vetores nomeados

Quando vetores possuem seus componentes **nomeados**, a indexação pode ser realizada pelos nomes destes componentes.

```
## Atribui as letras "a", "b", ..., "h" para os componentes de cont
names(cont) <- letters[1:length(cont)]
## Acessando o quarto elemento
cont["d"]
d
9
## Acessando o sexto e o primeiro elemento
cont[c("f", "a")]
f a
1 8
```

Dica: veja ?letters

3.1.2 Indexação de matrizes

Considere a seguinte matriz

```
mat <- matrix(1:9, nrow = 3)
mat
      [,1] [,2] [,3]
[1,]    1    4    7
[2,]    2    5    8
[3,]    3    6    9
```

Acesse o valor que está na linha 2 da coluna 3:

```
mat[2, 3]
[1] 8
```

A indexação de matrizes sempre segue a ordem [linha, coluna]

Para acessar todas as linhas da coluna 1, deixamos o espaço em branco (que também é uma forma de seleção, como vimos) na posição das linhas e especificamos a coluna desejada

```
mat[, 1]
[1] 1 2 3
```

Para acessar todas as colunas da linha 1, usamos a mesma lógica

```
mat[1, ]
[1] 1 4 7
```

Note que o resultado destas extrações trazem os valores internos das matrizes, mas com a dimensão reduzida (nestes casos para uma dimensão). Se o objetivo for, por exemplo, extrair uma parte da matriz, mas mantendo as duas dimensões, então precisamos usar o argumento `drop` da “função” [(sim, também é uma função; veja “?”). Veja as diferenças:

```
mat[3, 2]
[1] 6
mat[3, 2, drop = FALSE]
[,1]
[1,] 6
mat[1, ]
[1] 1 4 7
mat[1, , drop = FALSE]
[,1] [,2] [,3]
[1,] 1 4 7
```

Para acessar as linhas 1 e 3 das colunas 2 e 3:

```
mat[c(1, 3), c(2, 3)]
[,1] [,2]
[1,] 4 7
[2,] 6 9
```

E note que aqui a dimensão já é 2 pois naturalmente o resultado precisa ser representado em duas dimensões.

3.1.2.1 Matrizes nomeadas

Se as matrizes tiverem linhas e/ou colunas nomeados, a indexação também pode ser feita com os nomes.

```
##-----
## Nomes das colunas
colnames(mat) <- LETTERS[1:3]
## Todas as linhas da coluna B
mat[, "B"]
[1] 4 5 6
## Elemento da linha 1 e coluna C
mat[1, "C"]
C
7
##-----
## Nomes das linhas
rownames(mat) <- LETTERS[24:26]
## Todas as colunas da linha X
mat["X", ]
```

```
A B C
1 4 7
## Elemento da linha Y e coluna A
mat["Y", "A"]
[1] 2
```

3.1.3 Indexação de listas

Considere a seguinte lista:

```
lis <- list(c(3, 8, 7, 4), mat, 5:0)
lis
[[1]]
[1] 3 8 7 4

[[2]]
  A B C
X 1 4 7
Y 2 5 8
Z 3 6 9

[[3]]
[1] 5 4 3 2 1 0
```

Podemos acessar um componente da lista da maneira usual

```
lis[1]
[[1]]
[1] 3 8 7 4
```

Mas note que esse objeto continua sendo uma lista

```
class(lis[1])
[1] "list"
```

Geralmente o que queremos é acessar os elementos que estão **contidos** nos componentes da lista, e para isso precisamos usar `[[` no lugar de `[`:

```
lis[[1]]
[1] 3 8 7 4
class(lis[[1]])
[1] "numeric"
```

Isso é importante, por exemplo, se quiséssemos aplicar uma função qualquer a um componente da lista. No primeiro caso isso não é possível pois o conteúdo continua dentro de uma lista, enquanto que no segundo caso os valores retornados são os próprios números:

```
mean(lis[1])
Warning in mean.default(lis[1]): argument is not numeric or logical:
returning NA
[1] NA
mean(lis[[1]])
[1] 5.5
```

Para acessar o segundo **componente** da lista:

```
lis[[2]]
  A B C
X 1 4 7
```

```
Y 2 5 8
Z 3 6 9
```

Para acessar o terceiro valor do primeiro componente:

```
lis[[1]][3]
[1] 7
```

Note que o segundo elemento da lista é uma matriz, portanto a indexação da matriz *dentro da lista* também segue o mesmo padrão

```
lis[[2]][2, 3]
[1] 8
```

Se a lista tiver componentes **nomeados**, eles podem ser acessados com o operador \$:

```
lis <- list(vetor1 = c(3, 8, 7, 4), mat = mat, vetor2 = 5:0)
## Ou
## names(lis) <- c("vetor1", "mat", "vetor2")
lis
$vetor1
[1] 3 8 7 4

$mat
  A B C
X 1 4 7
Y 2 5 8
Z 3 6 9

$vetor2
[1] 5 4 3 2 1 0
```

```
## Acesando o segundo componente
lis$mat
  A B C
X 1 4 7
Y 2 5 8
Z 3 6 9
## Linha 2 e coluna 3
lis$mat[2, 3]
[1] 8
## Terceiro elemento do primeiro componente
lis$vetor1[3]
[1] 7
```

Ou então

```
lis[["mat"]]
  A B C
X 1 4 7
Y 2 5 8
Z 3 6 9
lis[["vetor1"]][3]
[1] 7
```

O símbolo \$ é utilizado para acessar componentes **nomeados** de listas ou data frames.

3.1.4 Indexação de data frames

Considere o seguinte data frame

```
da <- data.frame(A = 4:1, B = c(2, NA, 5, 8))
da
  A B
1 4 2
2 3 NA
3 2 5
4 1 8
```

Para acessar o segundo elemento da primeira coluna (segue a mesma lógica da indexação de matrizes pois também possui duas dimensões):

```
da[2, 1]
[1] 3
```

Acesse todas as linhas da coluna B:

```
da[, 2]
[1] 2 NA 5 8
```

Ou usando o nome da coluna:

```
da[, "B"]
[1] 2 NA 5 8
```

Todas as colunas da linha 1:

```
da[1, ]
  A B
1 4 2
```

Ou usando o “nome” da linha:

```
da["1", ]
  A B
1 4 2
```

Note que o argumento `drop=` também é válido se quiser manter a dimensão do objeto

```
da[, "B"]
[1] 2 NA 5 8
da[, "B", drop = FALSE]
  B
1 2
2 NA
3 5
4 8
```

Como o data frame é um caso particular de uma lista (onde todos os componentes tem o mesmo comprimento), as colunas de um data frame também podem ser acessadas com `$`:

```
da$A
[1] 4 3 2 1
```

Para acessar o terceiro elemento da coluna B:

```
da$B[3]
[1] 5
```

Para acessar os elementos nas posições 2 e 4 da coluna B:

```
da$B[c(2, 4)]
[1] NA 8
```

Assim como nas listas, podemos indexar um data frame usando apenas um índice, que nesse caso retorna a coluna (componente) do data frame:

```
da[1]
  A
1 4
2 3
3 2
4 1
class(da[1])
[1] "data.frame"
```

Note que dessa forma a classe é mantida. Também podemos indexar os data frames usando `[[` da mesma forma como em listas

```
da[[1]]
[1] 4 3 2 1
da[["A"]]
[1] 4 3 2 1
da[["A"]][2:3]
[1] 3 2
```

Para lidar com NAs em data frames, podemos também usar a função `is.na()`

```
da[is.na(da), ] # nao retorna o resultado esperado
  A B
NA NA NA
## Deve ser feito por coluna
da[is.na(da$A), ]
[1] A B
<0 rows> (or 0-length row.names)
da[is.na(da$B), ]
  A B
2 3 NA
## De maneira geral
is.na(da)
      A      B
[1,] FALSE FALSE
[2,] FALSE  TRUE
[3,] FALSE FALSE
[4,] FALSE FALSE
is.na(da$A)
[1] FALSE FALSE FALSE FALSE
is.na(da$B)
[1] FALSE  TRUE FALSE FALSE
```

Para remover as linhas que possuem NA, note que será necessário remover todas as colunas daquela linha, pois data frames não podem ter colunas de comprimentos diferentes

```
da[!is.na(da$B), ]
  A B
1 4 2
3 2 5
4 1 8
```

A função `complete.cases()` facilita esse processo. Veja o resultado

```
complete.cases(da)
[1] TRUE FALSE TRUE TRUE
da[complete.cases(da), ]
  A B
1 4 2
3 2 5
4 1 8
```

3.1.4.1 A função with()

Para evitar fazer muitas indexações de um mesmo data frame, por exemplo, podemos utilizar a função with()

```
with(da, A)
[1] 4 3 2 1
```

é o mesmo que

```
da$A
[1] 4 3 2 1
```

Também é útil para acessar elementos específicos dentro de data frames. Por exemplo, o terceiro elemento da coluna B

```
with(da, B[3])
[1] 5
```

E também para aplicar funções nas colunas do data frame

```
with(da, mean(A))
[1] 2.5
```

Exercícios

1. Crie a seguinte matriz

$$\begin{bmatrix} 4 & 16 & 2 \\ 10 & 5 & 11 \\ 9 & 9 & 5 \\ 2 & 0 & NA \end{bmatrix}$$

2. Acesse o elemento na quarta linha e na segunda coluna
3. Acesse todos os elementos, com exceção da segunda coluna e da terceira linha
4. Crie uma lista (nomeada) com 3 componentes: um vetor numérico de comprimento 10, um vetor de caracteres de comprimento 7, e a matriz do exercício anterior
5. Acesse os elementos nas posições de 5 a 3 do primeiro componente da lista
6. Acesse os caracteres de todas as posições, menos na 2 e 6
7. Acesse todas as linhas da coluna 3 da matriz dentro desta lista
8. “Crie” um novo componente nessa lista (usando \$), contendo 30 valores aleatórios de uma distribuição normal $N(12, 4)$ (veja ?rnorm)
9. Crie um data frame que contenha duas colunas: a primeira com as letras de “A” até “J”, e outra com o resultado de uma chamada da função runif(7, 1, 5)
10. Extraia as duas primeiras linhas desse data frame
11. Extraia as duas últimas linhas desse data frame
12. Qual é o valor que está na linha 6 e coluna 1?
13. Qual é o valor que está na linha 4 da coluna 2?
14. Como você faria para contar quantos valores perdidos (NAs) existem nesse data frame?

15. Elimine os NAs deste data frame.
16. Crie uma nova coluna neste data frame, com valores numéricos (quaisquer)
17. Crie mais um componente na lista anterior, que será também uma lista com dois componentes:
A com os valores 1:5, e B com as letras de "a" a "f"
18. Acesse o número 4 de A
19. Acesse a letra "c" de B

3.2 Seleção condicional

3.2.1 Seleção condicional em vetores

A **seleção condicional** serve para extrair dados que satisfaçam algum critério, usando **expressões condicionais** e **operadores lógicos**.

Considere o seguinte vetor

```
dados <- c(5, 15, 42, 28, 79, 4, 7, 14)
```

Selecione apenas os valores maiores do que 15:

```
dados[dados > 15]
[1] 42 28 79
```

Selecione os valores maiores que 15 E menores ou iguais a 35:

```
dados[dados > 15 & dados <= 35]
[1] 28
```

Para entender como funciona a seleção condicional, observe apenas o resultado da condição dentro do colchete:

```
## Usando & (e)
dados > 15 & dados <= 35
[1] FALSE FALSE TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE
## Usando | (ou)
dados > 15 | dados <= 35
[1] TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
```

Os valores selecionados serão aqueles em que a condição for TRUE, no primeiro caso apenas o quarto elemento do vetor dados.

A seleção condicional também é muito útil para selecionar elementos de um vetor, baseado em uma condição de outro vetor.

Considere o seguinte vetor de caracteres

```
cara <- letters[1:length(dados)]
```

Considere que de alguma forma, os objetos dados e cara possuem alguma relação. Sendo assim, podemos selecionar elementos de dados, baseados em alguma condição de cara

```
## Elemento de dados onde cara é igual a "c"
dados[cara == "c"]
[1] 42
```

Se quisermos selecionar mais de um elemento de dados, baseado em uma condição de cara?

```
## Elementos de dados onde cara é igual a "a" e "c"
cara == "a" & cara == "c" # porque não funciona?
[1] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
cara == "a" | cara == "c"
```



```
[1] TRUE FALSE TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE
dados[cara == "a" | cara == "c"]
[1] 5 42
```

Uma solução melhor seria se pudessemos usar

```
dados[cara == c("a", "c")]
[1] 5
```

mas nesse caso só temos o primeiro elemento. Um operador muito útil nestes casos é o %in%

```
dados[cara %in% c("a", "c")]
[1] 5 42
cara %in% c("a", "c")
[1] TRUE FALSE TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE
```

Veja a diferença

```
cara == c("a", "c")
[1] TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
cara %in% c("a", "c")
[1] TRUE FALSE TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE
```

Também é possível fazer a seleção de cara, baseado em uma condição em dados

```
## Elemento de cara onde dados é igual a 15
cara[dados == 15]
[1] "b"
## Elemento de cara onde dados for maior do que 30
cara[dados > 30]
[1] "c" "e"
## Elemento de cara onde dados for igual a 4 ou 14
cara[dados %in% c(4, 14)]
[1] "f" "h"
```

3.2.2 A função which()

Até agora vimos seleções condicionais que nos retornavam o resultado de uma expressão condicional em vetores. No entanto, muitas vezes estamos interessados em saber a **posição** do resultado de uma expressão condicional, ao invés do resultado em si.

A função which() retorna as posições dos elementos que retornarem TRUE em uma expressão condicional.

```
## Elementos maiores de 15
dados[dados > 15]
[1] 42 28 79
which(dados > 15)
[1] 3 4 5
## Elementos maiores de 15 e menores ou iguais a 35
dados[dados > 15 & dados <= 35]
[1] 28
which(dados > 15 & dados <= 35)
[1] 4
## Elementos de dados onde cara igual a "c"
dados[cara == "c"]
[1] 42
which(cara == "c")
[1] 3
```

```
## Elementos de dados onde cara igual a "a" ou "c"
dados[cara %in% c("a", "c")]
[1] 5 42
which(cara %in% c("a", "c"))
[1] 1 3
```

Exercícios

1. Crie um vetor (x) com os valores 3, 8, 10, 4, 9, 7, 1, 9, 2, 4.
2. Selecione os elementos maiores ou iguais a 5
3. Selecione todos os elementos menos o 4
4. Selecione os elementos maiores que 4 e menores que 8
5. Crie um vetor (a) com as letras de A até J
6. Selecione os elementos de x onde a for igual a "F"
7. Selecione os elementos de x onde a for igual a "B", "D", e "H"
8. Qual a posição do número 10 em x?
9. Quais as posições dos valores maiores ou iguais a 8 e menores ou iguais a 10 em x?
10. Quais as posições das letras "A", "B", "D" em a?

3.2.3 Seleção condicional em data frames

Considere o seguinte data frame

```
dados <- data.frame(ano = c(2001, 2002, 2003, 2004, 2005),
                    captura = c(26, 18, 25, 32, NA),
                    porto = c("SP", "RS", "SC", "SC", "RN"))
```

Extraia deste objeto apenas a linha correspondente ao ano 2004:

```
dados[dados$ano == 2004, ]
  ano captura porto
4 2004      32    SC
```

Mostre as linhas apenas do porto "SC":

```
dados[dados$porto == "SC", ]
  ano captura porto
3 2003      25    SC
4 2004      32    SC
```

Observe as linhas onde a captura seja maior que 20, selecionando apenas a coluna captura:

```
dados[dados$captura > 20, "captura"]
[1] 26 25 32 NA
```

Também exclua as linhas com NAs (agora com todas as colunas):

```
dados[dados$captura > 20 & !is.na(dados$captura), ]
  ano captura porto
1 2001      26    SP
3 2003      25    SC
4 2004      32    SC
dados[dados$captura > 20 & complete.cases(dados), ]
  ano captura porto
1 2001      26    SP
3 2003      25    SC
4 2004      32    SC
```

A condição pode ser feita com diferentes colunas:

```
dados[dados$captura > 25 & dados$porto == "SP", ]
  ano captura porto
1 2001      26    SP
```

A função `subset()` serve para os mesmos propósitos, e facilita todo o processo de seleção condicional:

```
dados[dados$porto == "SC", ]
  ano captura porto
3 2003      25    SC
4 2004      32    SC
subset(dados, porto == "SC")
  ano captura porto
3 2003      25    SC
4 2004      32    SC
dados[dados$captura > 20, ]
  ano captura porto
1 2001      26    SP
3 2003      25    SC
4 2004      32    SC
NA  NA      NA  <NA>
subset(dados, captura > 20)
  ano captura porto
1 2001      26    SP
3 2003      25    SC
4 2004      32    SC
dados[dados$captura > 20 & !is.na(dados$captura), ]
  ano captura porto
1 2001      26    SP
3 2003      25    SC
4 2004      32    SC
dados[dados$captura > 20, "captura"]
[1] 26 25 32 NA
subset(dados, captura > 20, select = captura)
  captura
1      26
3      25
4      32
```

A grande vantagem é que a função `subset()` já lida com os NAs (se isso for o que você precisa).

Exercícios

1. Você contou 42 caranguejos na Joaquina, 34 no Campeche, 59 na Armação, e 18 na Praia Mole. Crie um data frame para armazenar estas informações (número de caranguejos observados e local).
2. Com o data frame criado no exercício anterior, mostre qual a praia onde foram coletadas menos de 30 caranguejos (usando seleção condicional!).
3. Crie uma nova coluna (região) neste data frame indicando que Joaquina e Praia Mole estão localizadas no leste da ilha (leste), e Campeche e Armação estão no sul (sul).
4. Selecione as praias de região leste que possuem menos de 20 caranguejos contados.
5. Você está interessado em saber em qual das duas praias do sul, o número de caranguejos contados foi maior do que 40. Usando a seleção condicional, mostre essa informação na tela.
6. Qual região possui praias com mais de 50 caranguejos contados?

Capítulo 4

Entrada e saída de dados no R

A entrada de dados no R pode ser realizada de diferentes formas. O formato mais adequado vai depender do tamanho do conjunto de dados, e se os dados já existem em outro formato para serem importados ou se serão digitados diretamente no R.

A seguir são descritas as formas de entrada de dados com indicação de quando cada uma das formas deve ser usada. Os três primeiros casos são adequados para entrada de dados diretamente no R, os seguintes descrevem como importar dados já disponíveis eletronicamente de um arquivo texto, em outro sistema ou no próprio R.

Posteriormente também será mostrado como fazer para exportar bases de dados geradas e/ou alteradas dentro do R.

4.1 Entrada de dados

4.1.1 Entrada de dados diretamente no R

4.1.1.1 Vetores

A forma mais básica de entrada de dados no R é através da função `c()` (como já vimos). A partir dela pode se criar os outros tipos de objetos como listas e data frames.

As funções básicas de entrada de dados são:

- `c()`
- `rep()`
- `seq()` ou :

A partir destas funções básicas podemos criar objetos de classes mais específicas com

- `matrix()`
- `list()`
- `data.frame()`

4.1.2 Entrada via teclado

4.1.2.1 Usando a função `scan()`

Esta função lê dados diretamente do console, isto é, coloca o R em modo *prompt* onde o usuário deve digitar cada dado seguido da tecla Enter. Para encerrar a entrada de dados basta digitar Enter duas vezes consecutivas.

Veja o seguinte resultado:

```
y <- scan()
```

```
1: 11
2: 24
3: 35
4: 29
5: 39
6: 47
7:
```

Read 6 items

```
y
```

```
[1] 11 24 35 29 39 47
```

Os dados também podem ser digitados em sequência, desde que separados por um espaço,

```
y <- scan()
```

```
1: 11 24
3: 35 29
5: 39 47
7:
```

Read 6 items

```
y
```

```
[1] 11 24 35 29 39 47
```

Este formato é mais ágil que o anterior (com `c()`, por exemplo) e é conveniente para digitar vetores longos. Esta função pode também ser usada para ler dados de um arquivo ou conexão, aceitando inclusive endereços de URLs (endereços da *web*) o que iremos mencionar em detalhes mais adiante.

Por padrão, a função `scan()` aceita apenas valores numéricos como entrada (lembre-se que vetores só podem ter elementos da mesma classe). Para alterar a classe de objeto de entrada, precisamos especificar o argumento `what` de `scan()`. Por exemplo, para entrar com um vetor de caracteres, fazemos

```
x <- scan(what = "character")
```

```
1: a
2: b
3: c
4:
```

Read 3 items

```
x
```

```
[1] "a" "b" "c"
```

Outras classe possíveis para o argumento `what` são: `logical`, `integer`, `numeric`, `complex`, `character`, `raw` e `list`.

Exercícios

- Usando a função `scan()` crie objetos para armazenar os seguintes valores:
 - 19, 13, 19, 23, 18, 20, 25, 14, 20, 18, 22, 18, 23, 14, 19
 - joaquina, armação, praia brava, praia mole, morro das pedras
 - TRUE, TRUE, FALSE, FALSE, TRUE

4.1.2.2 Usando a função `readLines()`

Esta função é particularmente útil para ler entradas na forma de texto (*strings*). Por exemplo, para ler uma linha a ser digitada na tela do R, siga o comando abaixo e digite o texto indicado. Ao terminar pressione a tecla Enter e o texto será armazenado no objeto texto.

```
texto <- readLines(n = 1)
```

Estou digitando no console

```
texto  
[1] "Estou digitando no console"
```

Um possível uso é dentro de funções que solicitem que o usuário responda e/ou entre com informações na medida que são solicitadas. Experimente definir e rodar o função a seguir.

```
fn.ex <- function() {  
  cat("Digite o nome do time de futebol de sua preferência (em letras minúsculas)\n")  
  time <- readLines(n = 1)  
  if (time == "atletico-pr")  
    cat("BOA ESCOLHA!!!\n")  
  else cat("Ihh, tá mal de escolha...\n")  
  return(invisible())  
}  
  
fn.ex()
```

Nesse exemplo, `readLines()` foi utilizada para efetuar a leitura via teclado, mas a função permite ainda entrada de dados por conexões com outros dispositivos de *input*. Por exemplo, pode ser utilizada para ler texto de um arquivo. Consulte a documentação da função para maiores detalhes e exemplos.

4.1.3 Entrada de dados em arquivos texto

Se os dados já estão disponíveis em formato eletrônico, isto é, já foram digitados em outro programa, você pode importar os dados para o R sem a necessidade de digitá-los novamente.

A forma mais fácil de fazer isto é usar dados em formato texto (arquivo do tipo ASCII). Por exemplo, se seus dados estão disponíveis em uma planilha eletrônica como LibreOffice Calc, MS Excel ou similar, você pode escolher a opção Salvar como... e gravar os dados em um arquivo em formato texto. Os dois principais formatos de texto são:

- txt: arquivo de texto puro, onde as colunas são separadas geralmente por uma tabulação (Tab) ou espaço (Spc)
- csv: arquivo de texto, onde as colunas são geralmente separadas por vírgula (*comma separated value*), ou ponto-e-vírgula.

No R usa-se `scan()` mencionada anteriormente, ou então a função mais flexível `read.table()` para ler os dados de um arquivo texto e armazenar no formato de um data frame.

Antes de importar para o R:

- Se houverem valores perdidos, preencha com NA
- A matriz de dados deve formar um bloco só. Se houverem colunas de diferentes comprimentos, preencha com NA
- Salve o arquivo como “valores separados por vírgula” (.csv), mas atenção:
 - Se o separador de decimal for ,, o separador de campos será ; automaticamente (o que é mais comum nos sistemas em português).

4.1.3.1 A função `read.table()`

O método mais comum de importação de dados para o R, é utilizando a função `read.table()`. Como exemplo, baixe o arquivo `crabs.csv` disponível [aqui](#), e salve em um diretório chamado dados no seu diretório de trabalho.

Para importar um arquivo `.csv` faça:

```
dados <- read.table("dados/crabs.csv", header = TRUE,
                    sep = ";", dec = ",")
```

Argumentos:

- `"crabs.csv"`: nome do arquivo. (Considerando que o arquivo `crabs.csv` está dentro do diretório dados).
- `header = TRUE`: significa que a primeira linha do arquivo deve ser interpretada como os nomes das colunas
- `sep = ";"`: o separador de colunas (também pode ser `" "`, `"\t"` para tabulação e para espaços)
- `dec = ","`: o separador de decimais (também pode ser `"."`)

As funções `read.csv()` e `read.csv2()` são chamadas de *wrappers* (envelopes) que tornam o uso da função `read.table()` um pouco mais direta, alterando alguns argumentos. Por exemplo, o comando acima poderia ser substituído por

```
dados <- read.csv2("dados/crabs.csv")
```

O objeto criado com as funções `read.*()` sempre serão da classe `data.frame`, e quando houverem colunas com caracteres, estas colunas sempre serão da classe `factor`. Você pode alterar esse padrão usando o argumento `stringsAsFactors = FALSE`

```
dados2 <- read.csv2("dados/crabs.csv", stringsAsFactors = FALSE)
```

Para conferir a estrutura dos dados importados, usamos a função `str()` que serve para demonstrar a estrutura de um objeto, como o nome das colunas e suas classes:

```
str(dados)
'data.frame': 156 obs. of 7 variables:
 $ especie: Factor w/ 2 levels "azul","laranja": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ sexo   : Factor w/ 2 levels "F","M": 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
 $ FL     : num  8.1 8.8 9.2 9.6 10.8 11.6 11.8 12.3 12.6 12.8 ...
 $ RW     : num  6.7 7.7 7.8 7.9 9 9.1 10.5 11 10 10.9 ...
 $ CL     : num  16.1 18.1 19 20.1 23 24.5 25.2 26.8 27.7 27.4 ...
 $ CW     : num  19 20.8 22.4 23.1 26.5 28.4 29.3 31.5 31.7 31.5 ...
 $ BD     : num  7 7.4 7.7 8.2 9.8 10.4 10.3 11.4 11.4 11 ...

str(dados2)
'data.frame': 156 obs. of 7 variables:
 $ especie: chr  "azul" "azul" "azul" "azul" ...
 $ sexo   : chr  "M" "M" "M" "M" ...
 $ FL     : num  8.1 8.8 9.2 9.6 10.8 11.6 11.8 12.3 12.6 12.8 ...
 $ RW     : num  6.7 7.7 7.8 7.9 9 9.1 10.5 11 10 10.9 ...
 $ CL     : num  16.1 18.1 19 20.1 23 24.5 25.2 26.8 27.7 27.4 ...
 $ CW     : num  19 20.8 22.4 23.1 26.5 28.4 29.3 31.5 31.7 31.5 ...
 $ BD     : num  7 7.4 7.7 8.2 9.8 10.4 10.3 11.4 11.4 11 ...
```

Podemos também visualizar algumas linhas iniciais e finais do objeto importado através de duas funções auxiliares:

```
head(dados)
  especie sexo  FL  RW  CL  CW  BD
1   azul   M  8.1 6.7 16.1 19.0 7.0
```



```

2 azul M 8.8 7.7 18.1 20.8 7.4
3 azul M 9.2 7.8 19.0 22.4 7.7
4 azul M 9.6 7.9 20.1 23.1 8.2
5 azul M 10.8 9.0 23.0 26.5 9.8
6 azul M 11.6 9.1 24.5 28.4 10.4
tail(dados)
  especie sexo FL RW CL CW BD
151 laranja F 21.3 18.4 43.8 48.4 20.0
152 laranja F 21.4 18.0 41.2 46.2 18.7
153 laranja F 21.7 17.1 41.7 47.2 19.6
154 laranja F 21.9 17.2 42.6 47.4 19.5
155 laranja F 22.5 17.2 43.0 48.7 19.8
156 laranja F 23.1 20.2 46.2 52.5 21.1

```

As funções permitem ainda ler dados diretamente disponíveis na *web*. Por exemplo, os dados do exemplo poderiam ser lidos diretamente com o comando a seguir, sem a necessidade de copiar primeiro os dados para algum local no computador do usuário:

```
dados <- read.csv2("http://www.leg.ufpr.br/~fernandomayer/data/crabs.csv")
```

Para maiores informações consulte a documentação desta função com `?read.table()`. Embora `read.table()` seja provavelmente a função mais utilizada existem outras que podem ser úteis e determinadas situações:

- `read.fwf()` é conveniente para ler *fixed width formats*
- `read.fortran()` é semelhante à anterior porém usando o estilo Fortran de especificação das colunas
- `read.csv()`, `read.csv2()`, `read.delim()` e `read.delim2()`: estas funções são praticamente iguais a `read.table()` porém com diferentes opções padrão. Em geral (mas não sempre) dados em formato csv usado no Brasil são lidos diretamente com `read.csv2()`.

Exercícios

1. Baixe os arquivos a seguir e coloque os arquivos em um local apropriado (de preferência no mesmo diretório de trabalho que voce definiu no início da sessão), faça a importação usando a função `read.table()`, e confira a estrutura dos dados com `str()`.
 - a. [prb0519.dat](#)
 - b. [tab0303.dat](#)
 - c. [tab1208.dat](#)
 - d. [ReadMe.txt](#)
 - e. [montgomery_6-26.csv](#)
 - f. [montgomery_14-12.txt](#)
 - g. [montgomery_ex6-2.csv](#)
 - h. [ipea_habitacao.csv](#)
 - i. [stratford.csv](#)
2. Faça a leitura dos dados do exercício anterior, mas agora utilize o endereço *web* dos arquivos.

4.1.4 Entrada de dados através da área de transferência

Um mecanismo comum para copiar dados de um programa para o outro é usando a **área de transferência** (ou *clipboard*). Tipicamente isto é feito com o mecanismo de copia-e-cola, ou seja-se, marca-se os dados desejados em algum aplicativo (editor, planilha, página web, etc), usa-se o mecanismo de COPIAR (opção no menu do programa que muitas vezes corresponde o teclar Ctrl + c), o que transfere os dados para a área de transferência. Funções como `scan()`, `read.table()` e

outras podem ser usadas para ler os dados diretamente da área de transferência passando-se a opção "clipboard" ao primeiro argumento. Por exemplo, os seguintes dados:

ID	Grupo	Gasto	Ano
23	A	25,4	11
12	B	12,3	09
23	A	19,8	07

podem ser marcados e copiados para área de transferência e lidos diretamente com

```
dados.clip <- read.table("clipboard", header = TRUE, dec = ",")
```

```
str(dados.clip)
'data.frame': 3 obs. of 4 variables:
 $ ID : int 23 12 23
 $ Grupo: Factor w/ 2 levels "A","B": 1 2 1
 $ Gasto: num 25.4 12.3 19.8
 $ Ano : int 11 9 7
```

4.1.5 Importando dados diretamente de planilhas

Existem alguns pacotes disponíveis que podem ler dados diretamente de planilhas do MS Excel. No entanto, estes pacotes geralmente possuem particularidades quanto ao sistema operacional e demais dependências para funcionar corretamente.

Um destes pacotes, é o **gdata**, que funciona em diversos sistemas operacionais mas depende da linguagem Perl estar instalada. Por exemplo, para ler o conjunto de dados crabs armazenado em uma planilha do Excel (disponível [aqui](#)), podemos usar

```
## Carrega o pacote
library(gdata)
## Leitura diretamente do Excel
dados.xls <- read.xls("dados/crabs.xls", sheet = "Plan1",
                     header = TRUE, dec = ",")
## Estrutura
str(dados.xls)
'data.frame': 156 obs. of 7 variables:
 $ especie: Factor w/ 2 levels "azul","laranja": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ sexo : Factor w/ 2 levels "F","M": 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
 $ FL : num 8.1 8.8 9.2 9.6 10.8 11.6 11.8 12.3 12.6 12.8 ...
 $ RW : num 6.7 7.7 7.8 7.9 9 9.1 10.5 11 10 10.9 ...
 $ CL : num 16.1 18.1 19 20.1 23 24.5 25.2 26.8 27.7 27.4 ...
 $ CW : num 19 20.8 22.4 23.1 26.5 28.4 29.3 31.5 31.7 31.5 ...
 $ BD : num 7 7.4 7.7 8.2 9.8 10.4 10.3 11.4 11.4 11 ...
```

Outros pacotes que possuem funções similares são: **openxlsx**, **xlsx**, e **XLConnect**.

Estruturas de dados mais complexas são tipicamente armazenadas nos chamados DBMS (*database management system*) ou RDBMS (*relational database management system*). Alguns exemplos são Oracle, Microsoft SQL server, MySQL, PostgreSQL, Microsoft Access, dentre outros. O R possui ferramentas implementadas em pacotes para acesso a estes sistemas gerenciadores.

Para mais detalhes consulte o manual [R Data Import/Export](#) e a documentação dos pacotes que implementam tal funcionalidade. Alguns destes pacotes disponíveis são: **RODBC**, **DBI**, **RMySQL**, **RPostgreSQL**, **ROracle**, **RNetCDF**, **RSQLite**, dentre outros.

4.1.6 Carregando dados já disponíveis no R

O R já possui alguns conjuntos de dados que estão disponíveis logo após a instalação. Estes dados são também objetos que precisam ser carregados para ficarem disponíveis para o usuário. Normalmente, estes conjuntos de dados são para uso de exemplo de funções.

Para carregar conjuntos de dados que são disponibilizados com o R, use o comando `data()`. Por exemplo, abaixo mostramos como carregar o conjunto `mtcars` que está no pacote **datasets**.

```
## Objetos criados até o momento nesta seção
ls()
[1] "dados"      "dados.clip" "dados.xls"  "dados2"     "fn.ex"
[6] "texto"      "x"          "y"
## Carrega a base de dados mtcars
data(mtcars)
## Note como agora o objeto mtcars fica disponível na sua área de
## trabalho
ls()
[1] "dados"      "dados.clip" "dados.xls"  "dados2"     "fn.ex"
[6] "mtcars"     "texto"      "x"          "y"
## Estrutura e visualização do objeto
str(mtcars)
'data.frame': 32 obs. of 11 variables:
 $ mpg : num  21 21 22.8 21.4 18.7 18.1 14.3 24.4 22.8 19.2 ...
 $ cyl : num  6 6 4 6 8 6 8 4 4 6 ...
 $ disp: num  160 160 108 258 360 ...
 $ hp : num  110 110 93 110 175 105 245 62 95 123 ...
 $ drat: num  3.9 3.9 3.85 3.08 3.15 2.76 3.21 3.69 3.92 3.92 ...
 $ wt : num  2.62 2.88 2.32 3.21 3.44 ...
 $ qsec: num  16.5 17 18.6 19.4 17 ...
 $ vs : num  0 0 1 1 0 1 0 1 1 1 ...
 $ am : num  1 1 1 0 0 0 0 0 0 0 ...
 $ gear: num  4 4 4 3 3 3 3 4 4 4 ...
 $ carb: num  4 4 1 1 2 1 4 2 2 4 ...
head(mtcars)
      mpg cyl disp  hp drat   wt  qsec vs am gear carb
Mazda RX4         21.0   6  160 110 3.90 2.620 16.46  0  1    4    4
Mazda RX4 Wag     21.0   6  160 110 3.90 2.875 17.02  0  1    4    4
Datsun 710        22.8   4  108  93 3.85 2.320 18.61  1  1    4    1
Hornet 4 Drive    21.4   6  258 110 3.08 3.215 19.44  1  0    3    1
Hornet Sportabout 18.7   8  360 175 3.15 3.440 17.02  0  0    3    2
Valiant           18.1   6  225 105 2.76 3.460 20.22  1  0    3    1
```

As bases de dados também possuem páginas de documentação para explicar o que são os dados e as colunas correspondentes. Para ver o que são os dados do `mtcars` por exemplo, veja `?mtcars`.

O conjunto `mtcars` é disponibilizado prontamente pois faz parte do pacote **datasets**, que por padrão é sempre carregado na inicialização do R. No entanto, existem outros conjuntos de dados, disponibilizados por outros pacotes, que precisam ser carregados para que os dados possam ser disponibilizados. Por exemplo, os dados do objeto `topo` são do pacote **MASS**. Se tentarmos fazer

```
data(topo)
Warning in data(topo): data set 'topo' not found
```

Portanto, precisamos primeiro carregar o pacote **MASS** com

```
library(MASS)
```

e agora podemos carregar o objeto `topo` com

```
data(topo)
## O objeto fica disponível na sua área de trabalho
ls()
[1] "dados"      "dados.clip" "dados.xls"  "dados2"    "fn.ex"
[6] "mtcars"     "texto"      "topo"       "x"         "y"
## Confere a estrutura
str(topo)
'data.frame':  52 obs. of  3 variables:
 $ x: num  0.3 1.4 2.4 3.6 5.7 1.6 2.9 3.4 3.4 4.8 ...
 $ y: num  6.1 6.2 6.1 6.2 6.2 5.2 5.1 5.3 5.7 5.6 ...
 $ z: int  870 793 755 690 800 800 730 728 710 780 ...
```

A função `data()` pode ainda ser usada para listar os conjuntos de dados disponíveis.

```
data()
```

e também pode ser útil para listar os conjuntos de dados disponíveis para um pacote específico, por exemplo

```
data(package = "nlme")
```

4.1.7 Importando dados de outros programas

É possível ler dados diretamente de outros formatos que não seja texto (ASCII). Isto em geral é mais eficiente e requer menos memória do que converter para formato texto. Há funções para importar dados diretamente de EpiInfo, Minitab, S-PLUS, SAS, SPSS, Stata, Systat e Octave. Além disto é comum surgir a necessidade de importar dados de planilhas eletrônicas. Muitas funções que permitem a importação de dados de outros programas são implementadas no pacote **foreign**.

A seguir listamos algumas (não todas!) destas funções:

- `read.dbf()` para arquivos DBASE
- `read.epiinfo()` para arquivos .REC do Epi-Info
- `read.mtp()` para arquivos "Minitab Portable Worksheet"
- `read.S()` para arquivos do S-PLUS, e `restore.data()` para "dumps" do S-PLUS
- `read.spss()` para dados do SPSS
- `read.systat()` para dados do SYSTAT
- `read.dta()` para dados do STATA
- `read.octave()` para dados do OCTAVE (um clone do MATLAB)
- Para dados do SAS há ao menos duas alternativas:
 - O pacote **foreign** disponibiliza `read.xport()` para ler do formato TRANSPORT do SAS e `read.ssd()` pode escrever dados permanentes do SAS (.ssd ou .sas7bdat) no formato TRANSPORT, se o SAS estiver disponível no seu sistema e depois usa internamente `read.xport()` para ler os dados no R.
 - O pacote **Hmisc** disponibiliza `sas.get()` que também requer o SAS no sistema.

Para mais detalhes consulte a documentação de cada função e/ou o manual [R Data Import/Export](#).

4.2 Saída de dados do R

4.2.1 Usando a função `write.table()`

Para exportar objetos do R, usamos a função `write.table()`, que possui argumentos parecidos com aqueles da função `read.table()`.

A função `write.table()` é capaz de criar um arquivo de texto no formato txt ou csv, com as especificações definidas pelos argumentos.

Para ilustrar o uso desta função, considerer o conjunto de dados iris

```
data(iris)
str(iris)
'data.frame': 150 obs. of 5 variables:
 $ Sepal.Length: num 5.1 4.9 4.7 4.6 5 5.4 4.6 5 4.4 4.9 ...
 $ Sepal.Width : num 3.5 3 3.2 3.1 3.6 3.9 3.4 3.4 2.9 3.1 ...
 $ Petal.Length: num 1.4 1.4 1.3 1.5 1.4 1.7 1.4 1.5 1.4 1.5 ...
 $ Petal.Width : num 0.2 0.2 0.2 0.2 0.2 0.4 0.3 0.2 0.2 0.1 ...
 $ Species : Factor w/ 3 levels "setosa","versicolor",...: 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
```

Podemos exportar esse data frame com

```
write.table(iris, file = "dados/iris.csv")
```

Por padrão, o arquivo resultante tem colunas separadas por espaço, o separador de decimal é ponto, e os nomes das linhas são também incluídos (o que geralmente é desnecessário). Para alterar essa configuração podemos fazer

```
write.table(iris, file = "dados/iris.csv", row.names = FALSE,
            sep = ";", dec = ",",")
```

Os argumentos são

- `iris`: o nome do objeto a ser exportado (matriz ou data frame)
- `"iris.csv"`: nome do arquivo a ser gerado. (Considerando que o arquivo `iris.csv` será criado dentro do diretório `dados`).
- `row.names = FALSE`: para eliminar o nome das linhas do objeto (geralmente desnecessário), como retornado por `row.names()`
- `sep = ";"`: o separador de colunas (também pode ser `" "`, `"\t"` para tabulação e para espaços)
- `dec = ","`: o separador de decimais (também pode ser `"."`)

Note que o objeto a ser exportado (nesse caso `iris`) deve ser em formato tabular, ou seja, uma matriz ou data frame. Outras classes de objetos podem ser exportadas, mas haverá uma coerção para data frame, o que pode fazer com que o resultado final não seja o esperado.

Assim como `read.table()` possui as funções `read.csv()` e `read.csv2()`, a função `write.table()` possui as funções `write.table()` e `write.table2()` como *wrappers*. O comando acima também poderia ser executado como

```
write.csv2(iris, file = "dados/iris.csv", row.names = FALSE)
```

Note que `row.names = FALSE` ainda é necessário para eliminar os nomes das linhas.

O pacote **foreign** também possui funções para exportar para uma variedade de formatos. Veja a documentação em `help(package = "foreign")`. Os pacotes para ler dados diretamente de arquivos do MS Excel mencionados acima também possuem funções para exportar diretamente para esse formato.

Exercícios

1. Considere a tabela abaixo com o resultado de uma pesquisa que avaliou o número de fumantes e não fumantes por sexo.
Sexo
Condição
Masculino
Feminino

```
Fumante
49
54
64
61
37
79
52
64
68
29
Não fumante
27
40
58
39
52
44
41
34
30
44
```

2. Digite estes dados em uma planilha eletrônica em um formato apropriado para um data frame do R, e salve em um arquivo csv.
3. Importe esse arquivo para o R com `read.table()`.
4. Crie uma nova coluna no objeto que contém estes dados, sendo a coluna com o número de pessoas multiplicada por 2.
5. Exporte esse novo objeto usando a função `write.table()`.
6. Tente criar esse mesmo conjunto de dados usando comandos do R (ex.: `c()`, `rep()`, `data.frame()`, etc.)

4.2.2 Usando os formatos textual e binário para ler/escrever dados

As formas mais comuns de entrada de dados no R são através da entrada direta pelo teclado (e.g. `c()` ou `scan()`), ou pela importação de arquivos de texto (e.g. `read.table()`). No entanto, ainda existem mais dois formatos para armazenar dados para leitura no R: o textual e o binário.

O **formato binário** é aquele armazenado em um arquivo binário, ou seja, um arquivo que contém apenas 0s e 1s, e possui um formato específico que só pode ser lido por determinado *software* ou função. É o oposto de um arquivo de texto, por exemplo, que podemos abrir e editar em qualquer programa que edite texto puro.

O **formato textual** é o intermediário entre o texto puro e o binário. Os dados em formato textual são apresentados como texto puro, mas contém informações adicionais, chamados de **metadados**, que preservam toda a estrutura dos dados, como as classes de cada coluna de um data frame.

4.2.2.1 Formato textual

O formato textual é muito útil para compartilhar conjuntos de dados que não são muito grandes, e onde a formatação (leia-se: classes de objetos) precisa ser mantida.

Para criar um conjunto de dados no formato textual, usamos a função `dput()`. Vamos criar um data frame de exemplo e ver o resultado da chamada dessa função:

```
da <- data.frame(A = c(1, 2), B = c("a", "b"))
dput(da)
```

```
structure(list(A = c(1, 2), B = structure(1:2, .Label = c("a",
"b"), class = "factor")), class = "data.frame", row.names = c(NA,
-2L))
```

Note que o resultado de `dput()` é no formato do R, e preserva metadados como as classes do objeto e de cada coluna, e os nomes das linhas e colunas.

Outas classes de objetos são facilmente preservadas quando armazenadas com o resultado de `dput()`. Por exemplo, uma matriz:

```
ma <- matrix(1:9, ncol = 3)
dput(ma)
structure(1:9, .Dim = c(3L, 3L))
```

E uma lista:

```
la <- list(da, ma)
dput(la)
list(structure(list(A = c(1, 2), B = structure(1:2, .Label = c("a",
"b"), class = "factor")), class = "data.frame", row.names = c(NA,
-2L)), structure(1:9, .Dim = c(3L, 3L)))
```

A saída da função `dput()` pode ser copiada para um script do R, para garantir que qualquer pessoa que venha usar o código (incluindo você no futuro), usará os dados no formato correto (esperado). Isso é muito importante para a **pesquisa reproduzível**!

A saída de `dput()` também pode ser salva diretamente em um arquivo de script do R, por exemplo,

```
dput(da, file = "da.R")
```

irá criar o arquivo `da.R` com o resultado da função. Para importar os dados salvos dessa forma, usamos a função `dget()`,

```
da2 <- dget(file = "da.R")
da2
  A B
1 1 a
2 2 b
```

Múltiplos objetos podem ser armazenados em formato textual usando a função `dump()`.

```
dump(c("da", "ma", "la"), file = "dados.R")
```

Note que os objetos são passados como um vetor de caracteres, e um arquivo chamado `dados.R` é criado com todos os objetos no formato textual. Para importar estes objetos para uma sessão do R, usamos a função `source()`,

```
source("dados.R")
```

que já cria os objetos na sua área de trabalho com os mesmos nomes e atributos como foram armazenados.

4.2.2.2 Formato binário

Armazenar dados em formato binário é vantajoso quando não há uma forma “fácil” de armazenar os dados em formato de texto puro ou textual. Além disso, algumas vezes o formato binário possui maior eficiência em termos de velocidade de leitura/escrita, dependendo dos dados. Outra vantagem é que valores numéricos geralmente perdem precisão quando armazenados em texto ou textual, enquanto que o formato binário preserva toda a precisão (embora essa perda de precisão seja desprezível na maioria dos casos).

Para salvar um objeto contendo dados no R, usamos a função `save()`. Por exemplo, para armazenar o objeto da criação acima, fazemos

```
save(da, file = "dados.rda")
```

Esse comando irá criar o arquivo (binário) `dados.rda`. Note que a extensão `.rda` é comumente utilizada para dados binários do R, mas não é única.

Para salvar mais de um objeto no mesmo arquivo, basta passar os nomes na mesma função

```
save(da, ma, file = "dados.rda")
```

A função `save.image()` pode ser utilizada se a intenção é salvar **todos** os objetos criados na sua área de trabalho (isso inclui qualquer objeto, não só os conjuntos de dados). Nesse caso, podemos fazer

```
save.image(file = "workspace.RData")
```

Note que quando foi utilizada a função `save()`, a extensão do arquivo foi `rda`, e com `save.image()` foi `RData`. Isso é uma convenção comum de arquivos binários do R, mas não é obrigatório. Qualquer uma das extensões funciona em ambas as funções.

Para carregar os conjuntos de dados (ou de forma mais geral, os objetos) armazenados em formato binário, usamos a função `load()`

```
load("dados.rda")  
load("workspace.RData")
```

Dessa forma, os objetos já estarão disponíveis na sua área de trabalho.

4.3 Informações sobre diretórios e arquivos

O R possui uma variedade de funções para mostrar informações sobre arquivos e diretórios. Alguns exemplos são:

- `file.info()` mostra o tamanho do arquivo, data de criação, ...
- `dir()` mostra todos os arquivos presentes em um diretório (tente com `recursive = TRUE`)
- `file.exists()` retorna `TRUE` ou `FALSE` para a presença de um arquivo
- `getwd()` e `setwd()` para verificar e alterar o diretório de trabalho

Veja `?files` para uma lista completa de funções úteis para manipular arquivos de dentro do R.

Capítulo 5

Programando com dados

Por quê programar?

- Evitar repetições desnecessárias de análises ou cálculos que são repetidos com frequência.
- Fica documentado as etapas que você realizou para chegar a um resultado.
- Fácil recuperação e modificação de programas.

Como programar?

- Criando programas! (Scripts, rotinas, **algoritmos**).
- Crie uma sequência lógica de comandos que devem ser executados em ordem.
- Utilize as ferramentas básicas da programação: **estruturas de repetição** (`for()`) e **estruturas de seleção** (`if()`).

5.1 Estrutura de repetição `for()`

Serve para repetir um ou mais comandos diversas vezes. Para ver como funciona, considere o seguinte exemplo:

```
for(i in 1:10){  
  print(i)  
}  
[1] 1  
[1] 2  
[1] 3  
[1] 4  
[1] 5  
[1] 6  
[1] 7  
[1] 8  
[1] 9  
[1] 10
```

O resultado é a chamada do comando `print()` para cada valor que o índice `i` recebe (nesse caso `i` recebe os valores de 1 a 10).

A sintaxe será sempre nesse formato:

```
for(<índice> in <valores>){  
  <comandos>  
}
```

Veja outro exemplo em como podemos aplicar o índice:

```
x <- 100:200
for(j in 1:10){
  print(x[j])
}
[1] 100
[1] 101
[1] 102
[1] 103
[1] 104
[1] 105
[1] 106
[1] 107
[1] 108
[1] 109
```

Veja que o índice não precisa ser i, na verdade pode ser qualquer letra ou palavra. Nesse caso, veja que utilizamos os valores como índice para selecionar elementos de x naquelas posições específicas.

Um outro exemplo seria se quiséssemos imprimir o quadrado de alguns números (não necessariamente em sequência):

```
for(i in c(2, 9, 4, 6)){
  print(i^2)
}
[1] 4
[1] 81
[1] 16
[1] 36
```

Ou mesmo imprimir caracteres a partir de um vetor de caracteres:

```
for(veiculos in c("carro", "ônibus", "trem", "bicicleta")){
  print(veiculos)
}
[1] "carro"
[1] "ônibus"
[1] "trem"
[1] "bicicleta"
```

Exemplo: cálculo de notas de uma disciplina.

```
## Importa os dados
url <- "http://leg.ufpr.br/~fernandomayer/data/notas.csv"
notas <- read.table(url, header = TRUE, sep = ";", dec = ",")
## Analisa a estrutura dos dados
str(notas)
'data.frame': 30 obs. of 4 variables:
 $ nome : Factor w/ 30 levels "Aluno_1","Aluno_10",...: 1 12 23 25 26 27 28 29 30 2 ...
 $ prova1: int 8 2 9 1 7 10 1 5 5 10 ...
 $ prova2: int 4 7 2 10 6 0 8 9 6 2 ...
 $ prova3: int 1 6 4 9 8 3 0 7 1 3 ...
head(notas)
  nome prova1 prova2 prova3
1 Aluno_1      8      4      1
2 Aluno_2      2      7      6
3 Aluno_3      9      2      4
4 Aluno_4      1     10      9
```

```

5 Aluno_5      7      6      8
6 Aluno_6     10      0      3
summary(notas)
      nome      prova1      prova2      prova3
Aluno_1 : 1  Min.   : 0.000  Min.   : 0.000  Min.   :0.0
Aluno_10: 1  1st Qu.: 2.000  1st Qu.: 3.000  1st Qu.:3.0
Aluno_11: 1  Median : 4.000  Median : 6.000  Median :6.5
Aluno_12: 1  Mean   : 4.433  Mean   : 5.433  Mean   :5.4
Aluno_13: 1  3rd Qu.: 6.750  3rd Qu.: 8.000  3rd Qu.:8.0
Aluno_14: 1  Max.   :10.000  Max.   :10.000  Max.   :9.0
(Other) :24

```

Antes de seguir adiante, veja o resultado de

```

for(i in 1:30){
  print(notas[i, c("prova1", "prova2", "prova3")])
}

```

Para calcular as médias das 3 provas, precisamos inicialmente de um vetor para armazenar os resultados. Esse vetor pode ser um novo objeto ou uma nova coluna no dataframe

```

## Aqui vamos criar uma nova coluna no dataframe, contendo apenas o
## valor 0
notas$media <- 0 # note que aqui será usada a regra da reciclagem, ou
                  # seja, o valor zero será repetido até completar todas
                  # as linhas do dataframe
## Estrutura de repetição para calcular a média
for(i in 1:30){
  ## Aqui, cada linha i da coluna media sera substituida pelo
  ## respectivo valor da media caculada
  notas$media[i] <- sum(notas[i, c("prova1", "prova2", "prova3")])/3
}

## Confere os resultados
head(notas)
      nome prova1 prova2 prova3  media
1 Aluno_1      8      4      1 4.333333
2 Aluno_2      2      7      6 5.000000
3 Aluno_3      9      2      4 5.000000
4 Aluno_4      1     10      9 6.666667
5 Aluno_5      7      6      8 7.000000
6 Aluno_6     10      0      3 4.333333

```

Agora podemos melhorar o código, tornando-o mais **genérico**. Dessa forma fica mais fácil fazer alterações e procurar erros. Uma forma de melhorar o código acima é generalizando alguns passos.

```

## Armazenamos o número de linhas no dataframe
nlinhas <- nrow(notas)
## Identificamos as colunas de interesse no cálculo da média, e
## armazenamos em um objeto separado
provas <- c("prova1", "prova2", "prova3")
## Sabendo o número de provas, fica mais fácil dividir pelo total no
## cálculo da média
nprovas <- length(provas)
## Cria uma nova coluna apenas para comparar o cálculo com o anterior
notas$media2 <- 0
## A estrutura de repetição fica
for(i in 1:nlinhas){

```

```

    notas$media2[i] <- sum(notas[i, provas])/nprovas
}

## Confere
head(notas)
  nome prova1 prova2 prova3   media  media2
1 Aluno_1      8      4      1 4.333333 4.333333
2 Aluno_2      2      7      6 5.000000 5.000000
3 Aluno_3      9      2      4 5.000000 5.000000
4 Aluno_4      1     10      9 6.666667 6.666667
5 Aluno_5      7      6      8 7.000000 7.000000
6 Aluno_6     10      0      3 4.333333 4.333333
identical(notas$media, notas$media2)
[1] TRUE

```

Ainda podemos melhorar (leia-se: **otimizar**) o código, se utilizarmos funções prontas do R. No caso da média isso é possível pois a função `mean()` já existe. Em seguida veremos como fazer quando o cálculo que estamos utilizando não está implementado em nenhuma função pronta do R.

```

## Cria uma nova coluna apenas para comparação
notas$media3 <- 0
## A estrutura de repetição fica
for(i in 1:nlinhas){
  notas$media3[i] <- mean(as.numeric(notas[i, provas]))
}

## Confere
head(notas)
  nome prova1 prova2 prova3   media  media2  media3
1 Aluno_1      8      4      1 4.333333 4.333333 4.333333
2 Aluno_2      2      7      6 5.000000 5.000000 5.000000
3 Aluno_3      9      2      4 5.000000 5.000000 5.000000
4 Aluno_4      1     10      9 6.666667 6.666667 6.666667
5 Aluno_5      7      6      8 7.000000 7.000000 7.000000
6 Aluno_6     10      0      3 4.333333 4.333333 4.333333

## A única diferença é que aqui precisamos transformar cada linha em um
## vetor de números com as.numeric(), pois
notas[1, provas]
  prova1 prova2 prova3
1      8      4      1
## é um data.frame:
class(notas[1, provas])
[1] "data.frame"

```

No caso acima vimos que não era necessário calcular a média através de soma/total porque existe uma função pronta no R para fazer esse cálculo. Mas, e se quiséssemos, por exemplo, calcular a Coeficiente de Variação (CV) entre as notas das três provas de cada aluno? Uma busca por

```
help.search("coefficient of variation")
```

não retorna nenhuma função (dos pacotes básicos) para fazer esse cálculo. O motivo é simples: como é uma conta simples de fazer não há necessidade de se criar uma função extra dentro dos pacotes. No entanto, nós podemos criar uma função que calcule o CV, e usá-la para o nosso propósito

```

cv <- function(x){
  desv.pad <- sd(x)

```

```

med <- mean(x)
cv <- desv.pad/med
return(cv)
}

```

NOTA: na função criada acima o único argumento que usamos foi x, que neste caso deve ser um vetor de números para o cálculo do CV. Os argumentos colocados dentro de function() devem ser apropriados para o propósito de cada função.

Antes de aplicar a função dentro de um for() devemos testá-la para ver se ela está funcionando de maneira correta. Por exemplo, o CV para as notas do primeiro aluno pode ser calculado “manualmente” por

```

sd(as.numeric(notas[1, provas]))/mean(as.numeric(notas[1, provas]))
[1] 0.8104349

```

E através da função, o resultado é

```

cv(as.numeric(notas[1, provas]))
[1] 0.8104349

```

o que mostra que a função está funcionando corretamente, e podemos aplicá-la em todas as linhas usando a repetição

```

## Cria uma nova coluna para o CV
notas$CV <- 0
## A estrutura de repetição fica
for(i in 1:nlinhas){
  notas$CV[i] <- cv(as.numeric(notas[i, provas]))
}

## Confere
head(notas)

```

	nome	prova1	prova2	prova3	media	media2	media3	CV
1	Aluno_1	8	4	1	4.333333	4.333333	4.333333	0.8104349
2	Aluno_2	2	7	6	5.000000	5.000000	5.000000	0.5291503
3	Aluno_3	9	2	4	5.000000	5.000000	5.000000	0.7211103
4	Aluno_4	1	10	9	6.666667	6.666667	6.666667	0.7399324
5	Aluno_5	7	6	8	7.000000	7.000000	7.000000	0.1428571
6	Aluno_6	10	0	3	4.333333	4.333333	4.333333	1.1842157

Podemos agora querer calcular as médias ponderadas para as provas. Por exemplo:

- Prova 1: peso 3
- Prova 2: peso 3
- Prova 3: peso 4

Usando a fórmula:

$$\bar{x} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^n x_i \cdot w_i$$

onde w_i são os pesos, e $N = \sum_{i=1}^n w_i$ é a soma dos pesos. Como já vimos que criar uma função é uma forma mais prática (e elegante) de executar determinada tarefa, vamos criar uma função que calcule as médias ponderadas.

```

med.pond <- function(notas, pesos){
  ## Multiplica o valor de cada prova pelo seu peso
  pond <- notas * pesos
  ## Calcula o valor total dos pesos

```

```

    peso.total <- sum(pesos)
    ## Calcula a soma da ponderação
    sum.pond <- sum(pond)
    ## Finalmente calcula a média ponderada
    saida <- sum.pond/peso.total
    return(saida)
}

```

Antes de aplicar a função para o caso geral, sempre é importante testar e conferir o resultado em um caso menor. Podemos verificar o resultado da média ponderada para o primeiro aluno

```

sum(notas[1, provas] * c(3, 3, 4))/10
[1] 4

```

e testar a função para o mesmo caso

```

med.pond(notas = notas[1, provas], pesos = c(3, 3, 4))
[1] 4

```

Como o resultado é o mesmo podemos aplicar a função para todas as linhas através do for()

```

## Cria uma nova coluna para a média ponderada
notas$MP <- 0
## A estrutura de repetição fica
for(i in 1:nlinhas){
  notas$MP[i] <- med.pond(notas = notas[i, provas], pesos = c(3, 3, 4))
}

## Confere
head(notas)

```

	nome	prova1	prova2	prova3	media	media2	media3	CV	MP
1	Aluno_1	8	4	1	4.333333	4.333333	4.333333	0.8104349	4.0
2	Aluno_2	2	7	6	5.000000	5.000000	5.000000	0.5291503	5.1
3	Aluno_3	9	2	4	5.000000	5.000000	5.000000	0.7211103	4.9
4	Aluno_4	1	10	9	6.666667	6.666667	6.666667	0.7399324	6.9
5	Aluno_5	7	6	8	7.000000	7.000000	7.000000	0.1428571	7.1
6	Aluno_6	10	0	3	4.333333	4.333333	4.333333	1.1842157	4.2

NOTA: uma função para calcular a média ponderada já existe implementada no R. Veja `?weighted.mean()` e confira os resultados obtidos aqui

Repare na construção da função acima: agora usamos dois argumentos, notas e pesos, pois precisamos dos dois vetores para calcular a média ponderada. Repare também que ambos argumentos não possuem um valor padrão. Poderíamos, por exemplo, assumir valores padrão para os pesos, e deixar para que o usuário mude apenas se achar necessário.

```

## Atribuindo pesos iguais para as provas como padrão
med.pond <- function(notas, pesos = rep(1, length(notas))){
  ## Multiplica o valor de cada prova pelo seu peso
  pond <- notas * pesos
  ## Calcula o valor total dos pesos
  peso.total <- sum(pesos)
  ## Calcula a soma da ponderação
  sum.pond <- sum(pond)
  ## Finalmente calcula a média ponderada
  saida <- sum.pond/peso.total
  return(saida)
}

```

Repare que neste caso, como os pesos são iguais, a chamada da função sem alterar o argumento

pesos gera o mesmo resultado do cálculo da média comum.

```
## Cria uma nova coluna para a média ponderada para comparação
notas$MP2 <- 0
## A estrutura de repetição fica
for(i in 1:nlinhas){
  notas$MP2[i] <- med.pond(notas = notas[i, provas])
}

## Confere
head(notas)
```

	nome	prova1	prova2	prova3	media	media2	media3	CV	MP
1	Aluno_1	8	4	1	4.333333	4.333333	4.333333	0.8104349	4.0
2	Aluno_2	2	7	6	5.000000	5.000000	5.000000	0.5291503	5.1
3	Aluno_3	9	2	4	5.000000	5.000000	5.000000	0.7211103	4.9
4	Aluno_4	1	10	9	6.666667	6.666667	6.666667	0.7399324	6.9
5	Aluno_5	7	6	8	7.000000	7.000000	7.000000	0.1428571	7.1
6	Aluno_6	10	0	3	4.333333	4.333333	4.333333	1.1842157	4.2

```
MP2
1 4.333333
2 5.000000
3 5.000000
4 6.666667
5 7.000000
6 4.333333
```

5.2 Estrutura de seleção if()

Uma estrutura de seleção serve para executar algum comando apenas se alguma condição (em forma de **expressão condicional**) seja satisfeita. Geralmente é utilizada dentro de um for().

No exemplo inicial poderíamos querer imprimir um resultado caso satisfaça determinada condição. Por exemplo, se o valor de x for menor ou igual a 105, então imprima um texto informando isso.

```
x <- 100:200
for(j in 1:10){
  if(x[j] <= 105){
    print("Menor ou igual a 105")
  }
}
```

```
[1] "Menor ou igual a 105"
[1] "Menor ou igual a 105"
[1] "Menor ou igual a 105"
[1] "Menor ou igual a 105"
[1] "Menor ou igual a 105"
[1] "Menor ou igual a 105"
```

Mas também podemos considerar o que aconteceria caso contrário. Por exemplo, se o valor de x for maior do que 105, então imprima outro texto.

```
x <- 100:200
for(j in 1:10){
  if(x[j] <= 105){
    print("Menor ou igual a 105")
  } else{
    print("Maior do que 105")
  }
}
```

```

    }
  }
  [1] "Menor ou igual a 105"
  [1] "Menor ou igual a 105"
  [1] "Menor ou igual a 105"
  [1] "Menor ou igual a 105"
  [1] "Menor ou igual a 105"
  [1] "Menor ou igual a 105"
  [1] "Maior do que 105"
  [1] "Maior do que 105"
  [1] "Maior do que 105"
  [1] "Maior do que 105"

```

A sintaxe será sempre no formato:

```

if(<condição>){
  <comandos que satisfazem a condição>
} else{
  <comandos que não satisfazem a condição>
}

```

Como vimos acima, a especificação do `else{}` não é obrigatória.

Voltando ao exemplo das notas, podemos adicionar uma coluna com a condição do aluno: aprovado ou reprovado de acordo com a sua nota. Para isso precisamos criar uma condição (nesse caso se a nota é maior do que 7), e verificar se ela é verdadeira.

```

## Nova coluna para armazenar a situacao
notas$situacao <- NA # aqui usamos NA porque o resultado será um
                    # caracter
## Estrutura de repetição
for(i in 1:nlinhas){
  ## Estrutura de seleção (usando a média ponderada)
  if(notas$MP[i] >= 7){
    notas$situacao[i] <- "aprovado"
  } else{
    notas$situacao[i] <- "reprovado"
  }
}

## Confere
head(notas)

```

	nome	prova1	prova2	prova3	media	media2	media3	CV	MP
1	Aluno_1	8	4	1	4.333333	4.333333	4.333333	0.8104349	4.0
2	Aluno_2	2	7	6	5.000000	5.000000	5.000000	0.5291503	5.1
3	Aluno_3	9	2	4	5.000000	5.000000	5.000000	0.7211103	4.9
4	Aluno_4	1	10	9	6.666667	6.666667	6.666667	0.7399324	6.9
5	Aluno_5	7	6	8	7.000000	7.000000	7.000000	0.1428571	7.1
6	Aluno_6	10	0	3	4.333333	4.333333	4.333333	1.1842157	4.2

```

      MP2 situacao
1 4.333333 reprovado
2 5.000000 reprovado
3 5.000000 reprovado
4 6.666667 reprovado
5 7.000000 aprovado
6 4.333333 reprovado

```


5.3 O modo R: vetorização

As funções vetorizadas do R, além de facilitar e resumir a execução de tarefas repetitivas, também são computacionalmente mais eficientes, *i.e.* o tempo de execução das rotinas é muito mais rápido.

Já vimos que a **regra da reciclagem** é uma forma de vetorizar cálculos no R. Os cálculos feitos com funções vetorizadas (ou usando a regra de reciclagem) são muito mais eficientes (e preferíveis) no R. Por exemplo, podemos criar um vetor muito grande de números e querer calcular o quadrado de cada número. Se pensássemos em usar uma estrutura de repetição, o cálculo seria o seguinte:

```
## Vetor com uma sequência de 1 a 1.000.000
x <- 1:1000000
## Calcula o quadrado de cada número da sequência em x usando for()
y1 <- numeric(length(x)) # vetor de mesmo comprimento de x que vai
                           # receber os resultados
for(i in 1:length(x)){
  y1[i] <- x[i]^2
}
```

Mas, da forma vetorial e usando a regra da reciclagem, a mesma operação pode ser feita apenas com

```
## Calcula o quadrado de cada número da sequência em x usando a regra da
## reciclagem
y2 <- x^2
## Confere os resultados
identical(y1, y2)
[1] TRUE
```

Note que os resultados são exatamente iguais, mas então porque se prefere o formato vetorial? Primeiro porque é muito mais simples de escrever, e segundo (e principalmente) porque a forma vetorizada é muito mais **eficiente computacionalmente**. A eficiência computacional pode ser medida de várias formas (alocação de memória, tempo de execução, etc), mas apenas para comparação, vamos medir o tempo de execução destas mesmas operações usando o `for()` e usando a regra da reciclagem.

```
## Tempo de execução usando for()
y1 <- numeric(length(x))
st1 <- system.time(
  for(i in 1:length(x)){
    y1[i] <- x[i]^2
  }
)
st1
  user  system elapsed 
0.144   0.004   0.148 

## Tempo de execução usando a regra da reciclagem
st2 <- system.time(
  y2 <- x^2
)
st2
  user  system elapsed 
0.000   0.004   0.005
```

Olhando o resultado de `elapsed`, que é o tempo total de execução de uma função medido por `system.time()`, notamos que usando a regra da reciclagem, o cálculo é aproximadamente $0.148/0.005 = 29.6$ vezes mais rápido. Claramente esse é só um exemplo de um cálculo muito

simples. Mas em situações mais complexas, a diferença entre o tempo de execução das duas formas pode ser muito maior.

Uma nota de precaução

Existem duas formas básicas de tornar um loop for no R mais rápido:

1. Faça o máximo possível fora do loop
2. Crie um objeto com tamanho suficiente para armazenar *todos* os resultados do loop **antes** de executá-lo

Veja este exemplo:

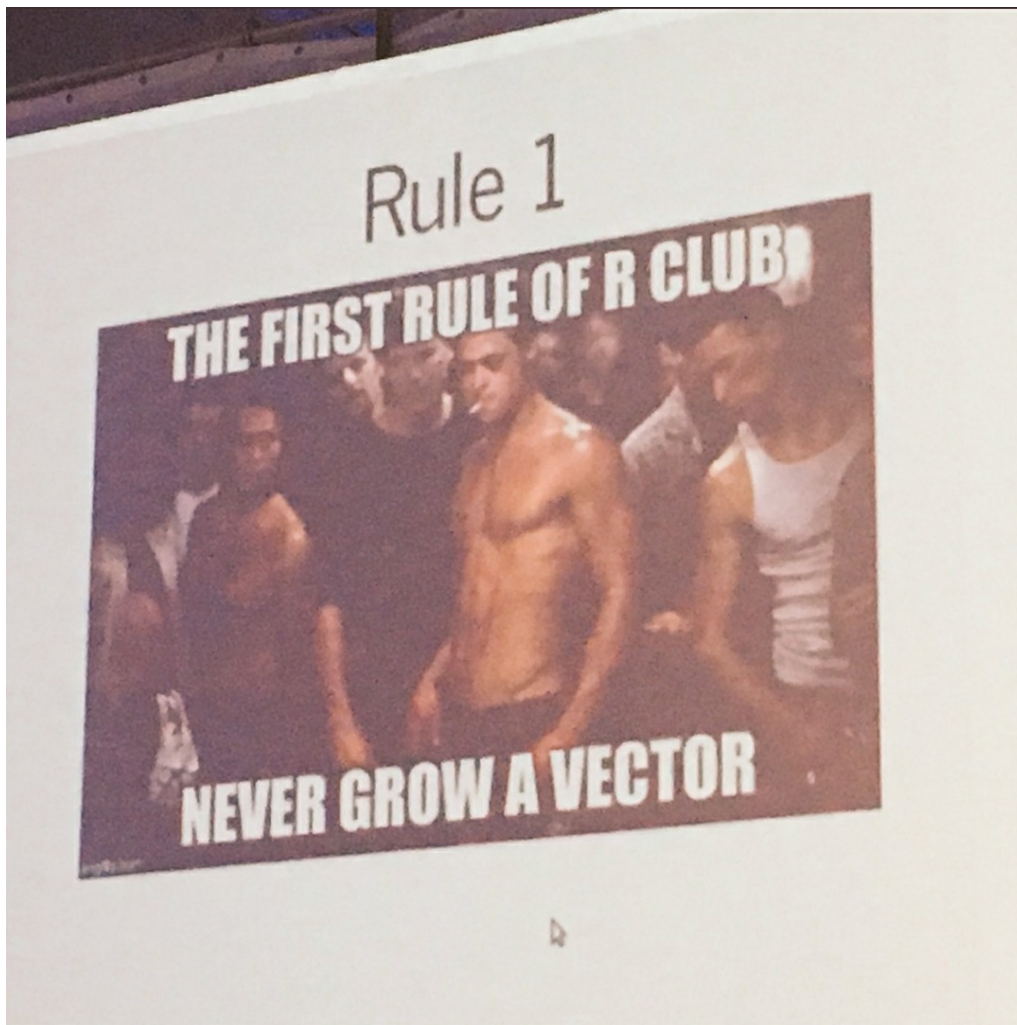
```
## Vetor com uma sequência de 1 a 1.000.000
x <- 1:1000000

## Cria um objeto de armazenamento com o mesmo tamanho do resultado
st1 <- system.time({
  out <- numeric(length(x))
  for(i in 1:length(x)){
    out[i] <- x[i]^2
  }
})
st1
   user  system elapsed 
0.168   0.004   0.171 

## Cria um objeto de tamanho "zero" e vai "crescendo" esse vetor
st2 <- system.time({
  out <- numeric(0)
  for(i in 1:length(x)){
    out[i] <- x[i]^2
  }
})
st2
   user  system elapsed 
0.520   0.008   0.527
```

Essa simples diferença gera um aumento de tempo de execução da segunda forma em aproximadamente $0.527/0.171 = 3.08$ vezes. Isso acontece porque, da segunda forma, o vetor out precisa ter seu tamanho aumentado com um elemento a cada iteração. Para fazer isso, o R precisa encontrar um espaço na memória que possa armazenar o objeto maior. É necessário então copiar o vetor de saída e apagar sua versão anterior antes de seguir para o próximo loop. Ao final, foi necessário escrever um milhão de vezes na memória do computador.

Já no primeiro caso, o tamanho do vetor de armazenamento nunca muda, e a memória para esse vetor já foi alocada previamente, de uma única vez.



Voltando ao exemplo das notas, por exemplo, o cálculo da média simples poderia ser feita diretamente com a função `apply()`

```
notas$media.apply <- apply(X = notas[, provas], MARGIN = 1, FUN = mean)
head(notas)
```

	nome	prova1	prova2	prova3	media	media2	media3	CV	MP
1	Aluno_1	8	4	1	4.333333	4.333333	4.333333	0.8104349	4.0
2	Aluno_2	2	7	6	5.000000	5.000000	5.000000	0.5291503	5.1
3	Aluno_3	9	2	4	5.000000	5.000000	5.000000	0.7211103	4.9
4	Aluno_4	1	10	9	6.666667	6.666667	6.666667	0.7399324	6.9
5	Aluno_5	7	6	8	7.000000	7.000000	7.000000	0.1428571	7.1
6	Aluno_6	10	0	3	4.333333	4.333333	4.333333	1.1842157	4.2

```
MP2 situacao media.apply
1 4.333333 reprovado 4.333333
2 5.000000 reprovado 5.000000
3 5.000000 reprovado 5.000000
4 6.666667 reprovado 6.666667
5 7.000000 aprovado 7.000000
6 4.333333 reprovado 4.333333
```

As médias ponderadas poderiam ser calculadas da mesma forma, e usando a função que criamos anteriormente

```

notas$MP.apply <- apply(X = notas[, provas], MARGIN = 1, FUN = med.pond)
head(notas)

```

	nome	prova1	prova2	prova3	media	media2	media3	CV	MP
1	Aluno_1	8	4	1	4.333333	4.333333	4.333333	0.8104349	4.0
2	Aluno_2	2	7	6	5.000000	5.000000	5.000000	0.5291503	5.1
3	Aluno_3	9	2	4	5.000000	5.000000	5.000000	0.7211103	4.9
4	Aluno_4	1	10	9	6.666667	6.666667	6.666667	0.7399324	6.9
5	Aluno_5	7	6	8	7.000000	7.000000	7.000000	0.1428571	7.1
6	Aluno_6	10	0	3	4.333333	4.333333	4.333333	1.1842157	4.2

```

      MP2 situacao media.apply MP.apply
1 4.333333 reprovado 4.333333 4.333333
2 5.000000 reprovado 5.000000 5.000000
3 5.000000 reprovado 5.000000 5.000000
4 6.666667 reprovado 6.666667 6.666667
5 7.000000 aprovado 7.000000 7.000000
6 4.333333 reprovado 4.333333 4.333333

```

Mas note que como temos o argumento pesos especificado com um padrão, devemos alterar na própria função `apply()`

```

notas$MP.apply <- apply(X = notas[, provas], MARGIN = 1,
                        FUN = med.pond, pesos = c(3, 3, 4))
head(notas)

```

	nome	prova1	prova2	prova3	media	media2	media3	CV	MP
1	Aluno_1	8	4	1	4.333333	4.333333	4.333333	0.8104349	4.0
2	Aluno_2	2	7	6	5.000000	5.000000	5.000000	0.5291503	5.1
3	Aluno_3	9	2	4	5.000000	5.000000	5.000000	0.7211103	4.9
4	Aluno_4	1	10	9	6.666667	6.666667	6.666667	0.7399324	6.9
5	Aluno_5	7	6	8	7.000000	7.000000	7.000000	0.1428571	7.1
6	Aluno_6	10	0	3	4.333333	4.333333	4.333333	1.1842157	4.2

```

      MP2 situacao media.apply MP.apply
1 4.333333 reprovado 4.333333 4.0
2 5.000000 reprovado 5.000000 5.1
3 5.000000 reprovado 5.000000 4.9
4 6.666667 reprovado 6.666667 6.9
5 7.000000 aprovado 7.000000 7.1
6 4.333333 reprovado 4.333333 4.2

```

NOTA: veja que isso é possível devido à presença do argumento `...` na função `apply()`, que permite passar argumentos de outras funções dentro dela.

Também poderíamos usar a função `weighted.mean()` implementada no R

```

notas$MP2.apply <- apply(X = notas[, provas], MARGIN = 1,
                        FUN = weighted.mean, w = c(3, 3, 4))
head(notas)

```

	nome	prova1	prova2	prova3	media	media2	media3	CV	MP
1	Aluno_1	8	4	1	4.333333	4.333333	4.333333	0.8104349	4.0
2	Aluno_2	2	7	6	5.000000	5.000000	5.000000	0.5291503	5.1
3	Aluno_3	9	2	4	5.000000	5.000000	5.000000	0.7211103	4.9
4	Aluno_4	1	10	9	6.666667	6.666667	6.666667	0.7399324	6.9
5	Aluno_5	7	6	8	7.000000	7.000000	7.000000	0.1428571	7.1
6	Aluno_6	10	0	3	4.333333	4.333333	4.333333	1.1842157	4.2

```

      MP2 situacao media.apply MP.apply MP2.apply
1 4.333333 reprovado 4.333333 4.0 4.0
2 5.000000 reprovado 5.000000 5.1 5.1
3 5.000000 reprovado 5.000000 4.9 4.9

```

```
4 6.666667 reprovado 6.666667 6.9 6.9
5 7.000000 aprovado 7.000000 7.1 7.1
6 4.333333 reprovado 4.333333 4.2 4.2
```

O Coeficiente de Variação poderia ser calculado usando nossa função `cv()`

```
notas$CV.apply <- apply(X = notas[, provas], MARGIN = 1, FUN = cv)
head(notas)
  nome prova1 prova2 prova3  media  media2  media3    CV MP
1 Aluno_1     8     4     1 4.333333 4.333333 4.333333 0.8104349 4.0
2 Aluno_2     2     7     6 5.000000 5.000000 5.000000 0.5291503 5.1
3 Aluno_3     9     2     4 5.000000 5.000000 5.000000 0.7211103 4.9
4 Aluno_4     1    10     9 6.666667 6.666667 6.666667 0.7399324 6.9
5 Aluno_5     7     6     8 7.000000 7.000000 7.000000 0.1428571 7.1
6 Aluno_6    10     0     3 4.333333 4.333333 4.333333 1.1842157 4.2
  MP2 situacao media.apply MP.apply MP2.apply  CV.apply
1 4.333333 reprovado 4.333333 4.0 4.0 0.8104349
2 5.000000 reprovado 5.000000 5.1 5.1 0.5291503
3 5.000000 reprovado 5.000000 4.9 4.9 0.7211103
4 6.666667 reprovado 6.666667 6.9 6.9 0.7399324
5 7.000000 aprovado 7.000000 7.1 7.1 0.1428571
6 4.333333 reprovado 4.333333 4.2 4.2 1.1842157
```

Finalmente, a estrutura de repetição `if()` também possui uma forma vetorizada através da função `ifelse()`. Essa função funciona da seguinte forma:

```
ifelse(<condição>, <valor se verdadeiro>, <valor se falso>)
```

Dessa forma, a atribuição da situação dos alunos poderia ser feita da seguinte forma:

```
notas$situacao2 <- ifelse(notas$MP >= 7, "aprovado", "reprovado")
head(notas)
  nome prova1 prova2 prova3  media  media2  media3    CV MP
1 Aluno_1     8     4     1 4.333333 4.333333 4.333333 0.8104349 4.0
2 Aluno_2     2     7     6 5.000000 5.000000 5.000000 0.5291503 5.1
3 Aluno_3     9     2     4 5.000000 5.000000 5.000000 0.7211103 4.9
4 Aluno_4     1    10     9 6.666667 6.666667 6.666667 0.7399324 6.9
5 Aluno_5     7     6     8 7.000000 7.000000 7.000000 0.1428571 7.1
6 Aluno_6    10     0     3 4.333333 4.333333 4.333333 1.1842157 4.2
  MP2 situacao media.apply MP.apply MP2.apply  CV.apply situacao2
1 4.333333 reprovado 4.333333 4.0 4.0 0.8104349 reprovado
2 5.000000 reprovado 5.000000 5.1 5.1 0.5291503 reprovado
3 5.000000 reprovado 5.000000 4.9 4.9 0.7211103 reprovado
4 6.666667 reprovado 6.666667 6.9 6.9 0.7399324 reprovado
5 7.000000 aprovado 7.000000 7.1 7.1 0.1428571 aprovado
6 4.333333 reprovado 4.333333 4.2 4.2 1.1842157 reprovado
```

5.4 Outras estruturas: while e repeat

O `while` executa comandos enquanto uma determinada condição permanece verdadeira.

```
## Calcule a soma em 1,2,3... até que o soma seja maior do que 1000
n <- 0
soma <- 0
while(soma <= 1000){
  n <- n + 1
```

```
soma <- soma + n
}
soma
[1] 1035
```

O repeat é ainda mais básico, e irá executar comandos até que você explicitamente pare a execução com o comando break.

```
## Mesmo exemplo
n <- 0
soma <- 0
repeat{
  n <- n + 1
  soma <- soma + n
  if(soma > 1000) break
}
soma
[1] 1035
```

Apêndice A

Programação Orientada a Objetos

Como vimos anteriormente, o R é uma linguagem de programação orientada à objetos. Dois conceitos fundamentais desse tipo de linguagem são os de **classe** e **método**. Já vimos também que todo objeto no R possui uma classe (que define sua estrutura) e analisamos algumas delas. O que seria então um método? Para responder essa pergunta precisamos entender inicialmente os tipos de orientação a objetos que o R possui.

O R possui 3 sistemas de orientação a objetos: **S3**, **S4**, e **RC**:

- **S3**: implementa um estilo de programação orientada a objeto chamada de *generic-function*. Esse é o estilo mais básico de programação em R (e também o mais utilizado). A ideia é que existam **funções genéricas** que decidem qual método aplicar de acordo com a classe do objeto. Os métodos são definidos da mesma forma que qualquer função, mas chamados de maneira diferente. É um estilo de programação mais “informal”, mas possibilita uma grande liberdade para o programador.
- **S4**: é um estilo mais formal, no sentido que as funções genéricas devem possuir uma classe formal definida. Além disso, é possível também fazer o **despacho múltiplo de métodos**, ao contrário da classe S3.
- **RC**: (*Reference Classes*, antes chamado de R5) é o sistema mais novo implementado no R. A principal diferença com os sistemas S3 e S4 é que métodos pertencem à objetos, não à funções. Isso faz com que objetos da classe RC se comportem mais como objetos da maioria das linguagens de programação, como Python, Java, e C#.

Nesta sessão vamos abordar como funcionam os métodos como definidos pelo sistema S3, por ser o mais utilizado na prática para se criar novas funções no R. Para saber mais sobre os outros métodos, consulte o livro [Advanced R](#).

Vamos entender como uma função genérica pode ser criada através de um exemplo. Usando a função `methods()`, podemos verificar quais métodos estão disponíveis para uma determinada função, por exemplo, para a função `mean()`:

```
methods(mean)
[1] mean.Date      mean.default  mean.difftime mean.POSIXct  mean.POSIXlt
see '?methods' for accessing help and source code
```

O resultado são expressões do tipo `mean.<classe>`, onde `<classe>` é uma classe de objeto como aquelas vistas anteriormente. Isso significa que a função `mean()`, quando aplicada a um objeto da classe `Date`, por exemplo, pode ter um comportamento diferente quando a mesma função for aplicada a um objeto de outra classe (numérica).

Suponha que temos o seguinte vetor numérico:

```
set.seed(1)
vec <- rnorm(100)
```

```
class(vec)
[1] "numeric"
```

e queremos calcular sua média. Basta aplicar a função `mean()` nesse objeto para obtermos o resultado esperado

```
mean(vec)
[1] 0.1088874
```

Mas isso só é possível porque existe um método definido especificamente para um vetor da classe `numeric`, que nesse caso é a função `mean.default`. A função genérica nesse caso é a `mean()`, e a função método é a `mean.default`. Veja que não precisamos escrever o nome inteiro da função genérica para que ela seja utilizada, como por exemplo,

```
mean.default(vec)
[1] 0.1088874
```

Uma vez passado um objeto para uma função, é a classe do objeto que irá definir qual método utilizar, de acordo com os métodos disponíveis. Veja o que acontece se forcarmos o uso da função `mean.Date()` nesse vetor

```
mean.Date(vec)
[1] "1970-01-01"
```

O resultado não faz sentido pois ele é específico para um objeto da classe `Date`.

Tudo isso acontece por causa de um mecanismo chamado de **despacho de métodos** (*method dispatch*), que é responsável por identificar a classe do objeto e utilizar (“despachar”) a função método correta para aquela classe. Toda função genérica possui a mesma forma: uma chamada para a função `UseMethod()`, que especifica o nome genérico e o objeto a ser despachado. Por exemplo, veja o código fonte da função `mean()`

```
mean
function (x, ...)
  UseMethod("mean")
<bytecode: 0x7bc0100>
<environment: namespace:base>
```

Agora veja o código fonte da função `mean.default`, que é o método específico para vetores numéricos

```
mean.default
function (x, trim = 0, na.rm = FALSE, ...)
{
  if (!is.numeric(x) && !is.complex(x) && !is.logical(x)) {
    warning("argument is not numeric or logical: returning NA")
    return(NA_real_)
  }
  if (na.rm)
    x <- x[!is.na(x)]
  if (!is.numeric(trim) || length(trim) != 1L)
    stop("'trim' must be numeric of length one")
  n <- length(x)
  if (trim > 0 && n) {
    if (is.complex(x))
      stop("trimmed means are not defined for complex data")
    if (anyNA(x))
      return(NA_real_)
    if (trim >= 0.5)
      return(stats::median(x, na.rm = FALSE))
  }
```



```

    lo <- floor(n * trim) + 1
    hi <- n + 1 - lo
    x <- sort.int(x, partial = unique(c(lo, hi)))[lo:hi]
  }
  .Internal(mean(x))
}
<bytecode: 0x7bbf6b8>
<environment: namespace:base>

```

Agora suponha que você deseja criar uma função que calcule a média para um objeto de uma classe diferente daquelas previamente definidas. Por exemplo, suponha que você quer que a função `mean()` retorne a média das linhas de uma matriz.

```

set.seed(1)
mat <- matrix(rnorm(50), nrow = 5)
mean(mat)
[1] 0.1004483

```

O resultado é a média de todos os elementos, e não de cada linha. Nesse caso, podemos definir nossa própria função método para fazer o cálculo que precisamos. Por exemplo:

```
mean.matrix <- function(x, ...) rowMeans(x)
```

Uma função método é sempre definida dessa forma: `<função genérica>.<classe>`. Agora podemos ver novamente os métodos disponíveis para a função `mean()`

```

methods(mean)
[1] mean.Date      mean.default    mean.difftime   mean.matrix     mean.POSIXct
[6] mean.POSIXlt
see '?methods' for accessing help and source code

```

e simplesmente aplicar a função genérica `mean()` à um objeto da classe `matrix` para obter o resultado que desejamos

```

class(mat)
[1] "matrix"
mean(mat)
[1] 0.09544402 0.12852087 0.06229588 -0.01993810 0.23591872

```

Esse exemplo ilustra como é simples criar funções método para diferentes classes de objetos. Poderíamos fazer o mesmo para objetos das classes `data.frame` e `list`

```

mean.data.frame <- function(x, ...) sapply(x, mean, ...)
mean.list <- function(x, ...) lapply(x, mean)

```

Aplicando em objetos dessas classes específicas, obtemos:

```

## Data frame
set.seed(1)
da <- data.frame(c1 = rnorm(10),
                 c2 = runif(10))

class(da)
[1] "data.frame"
mean(da)
      c1      c2
0.1322028 0.4183230
## Lista
set.seed(1)
dl <- list(rnorm(10), runif(50))
class(dl)

```

```
[1] "list"  
mean(d1)  
[[1]]  
[1] 0.1322028  
  
[[2]]  
[1] 0.4946632
```

Obviamente esse processo todo é extremamente importante ao se criar novas funções no R. Podemos tanto criar uma função genérica (como a `mean()`) e diversos métodos para ela usando classes de objetos existentes, quanto (inclusive) criar novas classes e funções método para elas. Essa é uma das grandes liberdades que o método S3 de orientação à objetos permite, e possivelmente um dos motivos pelos quais é relativamente simples criar pacotes inteiros no R.