

# Café com estatística e R

Treinamento 2 - Importação e manipulação de dados no R e estatística descritiva: parte 1

Marcelo Teixeira Paiva

2025-10-10

### **Abstract**

Relatório do segundo treinamento onde foi apresentado como importar dados e manipulá-los no R, bem como as principais estatísticas descritivas univariadas e multivariadas.

# Índice

<b>1</b>	<b>Importação de dados no R</b>	<b>4</b>
1.1	Pacotes necessários . . . . .	4
1.2	Leitura de datasets externos ao R . . . . .	8
1.2.1	Importando dados do Excel . . . . .	8
1.2.2	Importando dados do Stata . . . . .	11
1.2.3	Verificação e diagnóstico dos dados importados . . . . .	13
<b>2</b>	<b>Manipulação de dados com os pacotes do tidyverse</b>	<b>15</b>
2.1	O pipe (%>% e  >) . . . . .	16
2.2	Manipulação dos dados com o dplyr . . . . .	17
2.3	Reestruturação dos dados com o tidyr . . . . .	22
2.4	Unindo diferentes tabelas com dplyr . . . . .	26
2.5	Manipulando texto, datas e fatores com stringr, lubridate e forcats . . . . .	27
<b>3</b>	<b>Estatística descritiva</b>	<b>31</b>
3.1	Tabela de distribuição de frequências . . . . .	34
3.2	Representação gráfica dos dados . . . . .	37
3.2.1	Criação de gráficos no ggplot2 . . . . .	37
3.3	5. FACETS: PEQUENOS MÚLTIPLOS . . . . .	42
3.4	6. SCALES: CONTROLE FINO DOS MAPEAMENTOS . . . . .	42
3.5	7. COORDINATES: SISTEMAS DE COORDENADAS . . . . .	43
3.6	8. THEMES: APARÊNCIA E ESTILO . . . . .	43
3.7	9. ESTATÍSTICAS INTEGRADAS . . . . .	44
3.8	10. EXEMPLO COMPLETO: ANÁLISE EPIDEMIOLÓGICA . . . . .	45
3.9	11. BOAS PRÁTICAS E DICAS . . . . .	46
3.9.1	Princípios de Design: . . . . .	46
3.9.2	Erros Comuns a Evitar: . . . . .	46

# Lista de Figuras

2.1	Tipos de joins do <code>dplyr</code> . . . . .	26
3.1	Chamada de <code>ggplot</code> somente com argumento <code>data</code> . . . . .	39

# Lista de Tabelas

3.1	Distribuição de frequências de uma variável qualitativa . . . . .	36
3.2	Distribuição de frequências de uma variável quantitativa discreta . . . . .	36
3.3	Distribuição de frequências de uma variável quantitativa contínua . . . . .	36

```
# Pacotes
library(tidyverse)
library(gridExtra)
library(plotly)
library(gt)
library(tidyverse)
library(kableExtra)

# Tema personalizado para gráficos
tema_didatico <- theme_minimal() +
  theme(
    plot.title = element_text(face = "bold", size = 14),
    plot.subtitle = element_text(face = "italic", size = 11),
    axis.title = element_text(size = 12),
    legend.position = "top",
    panel.grid.minor = element_blank()
  )

cores <- c("#FF6B6B", "#4ECDC4", "#45B7D1", "#96CEB4", "#FFEAA7")
```

# Chapter 1

## Importação de dados no R

### 1.1 Pacotes necessários

Pacotes (**package**) são coleções de funções, dados e documentação que estendem as capacidades do R base (aquele que você recebe na instalação padrão). São como “caixas de ferramentas” especializadas que você adiciona ao R para realizar tarefas específicas, então você tem pacotes para elaboração de gráficos, para certos tipos de análises, para manipulação de dados, para leitura (importação) de dados. Em <https://cran.r-project.org/web/views/> há uma “breve” lista de pacotes conforme a sua finalidade.

```
# funções no R base
length(ls("package:base"))
```

```
[1] 1270
```

```
# funções especializadas no pacote dplyr
length(ls("package:dplyr"))
```

```
[1] 297
```

```
# um pacote possui um conjunto de arquivos associados
system.file(package = "ggplot2") %>% list.files()
```

```
[1] "CITATION"      "data"          "DESCRIPTION"   "doc"           "help"
[6] "html"          "INDEX"         "LICENSE"       "Meta"          "NAMESPACE"
[11] "NEWS.md"       "R"
```

Por padrão, ao iniciar uma sessão no R, serão carregados os pacotes e funções associados ao R base. Os demais devem ser instalados primeiramente, e depois carregados na seção para serem usados.

```
# pacotes carregados no seu ambiente
search()
```

```
[1] ".GlobalEnv"      "package:kableExtra" "package:gt"
[4] "package:plotly"  "package:gridExtra"  "package:lubridate"
[7] "package:forcats" "package:stringr"    "package:dplyr"
[10] "package:purrr"   "package:readr"      "package:tidyr"
[13] "package:tibble"  "package:ggplot2"    "package:tidyverse"
[16] "package:stats"   "package:graphics"   "package:grDevices"
[19] "package:utils"   "package:datasets"   "package:methods"
```

```
[22] "Autoloads"          "package:base"

# pacotes instalados
instalados <- installed.packages()[, "Package"]
instalados[1:4]

      abind      ARTool      askpass      backports
"abind"    "ARTool"    "askpass" "backports"

length(instalados)

[1] 330

# verificando se um pacote já está instalado
sum(installed.packages()[, "Package"] == 'dplyr')

[1] 1

any(installed.packages()[, "Package"] == 'dplyr')

[1] TRUE

"ggplot2" %in% rownames(installed.packages())

[1] TRUE
```

A instalação de pacotes no R é feita usando a função `install.packages` ou `devtools::install_github` para pacotes que estão no github e não em um repositório de pacotes.

```
# pelo repositório oficial (na web)
install.packages("ggplot2")
install.packages(c("dplyr", "tidyr", "readr")) # instalando vários pacotes de uma vez

# Instalar o pacote e todas dependências relacionadas a ele
install.packages("ggplot2", dependencies = TRUE)

# instalar de um arquivo local
install.packages("caminho/para/pacote.tar.gz", repos = NULL, type = "source")

# Instalar pacote mantido no GitHub
install.packages("devtools")
devtools::install_github("tidyverse/ggplot2")

# Usar outros repositórios para instalação
install.packages("ggplot2", repos = "https://cloud.r-project.org/")
```

Para carregar um pacote em uma sessão usamos `library()` ou `require()`. A diferença entre os dois é que, na ausência do pacote que você pretende carregar, `library` gera um erro, enquanto o `require` retorna um valor `FALSE` invisível, o qual pode ser usado, por exemplo, para criar uma lógica em seu script para instalar o pacote caso o mesmo não possa ser carregado ou, então, para gerar uma mensagem no terminal indicando essa ausência do pacote.

```
library(ggplot2)

# Não exibir mensagens de carregamento do pacote
suppressPackageStartupMessages(library(ggplot2))
```

```
# criando uma lógica simples com require para instalar pacotes que
# não possam ser carregados
if(!require(ggplot2)) {
  install.packages("ggplot2")
  require(ggplot2)
}

# usando uma função do pacote sem o carregar (namespace qualification)
head(dplyr::filter(mtcars, mpg > 20), 2)
```

```
      mpg cyl disp  hp drat   wt  qsec vs am gear carb
Mazda RX4     21   6  160 110  3.9 2.620 16.46  0  1    4    4
Mazda RX4 Wag 21   6  160 110  3.9 2.875 17.02  0  1    4    4
```

```
# carregando vários pacotes de uma lista de nomes
pacotes <- c("ggplot2", "dplyr", "tidyr")
x <- lapply(pacotes, library, character.only = TRUE, quietly = TRUE)
```

Além dessas funções para instalação e carregamento de pacotes, também outras funções que devem ser conhecidas na rotina são as de atualização (`update.packages()`) e remoção (`remove.packages()`) de pacotes, descrição (`packageDescription()`), versão (`packageVersion()`) e forma recomendada pelo seus autores de citação (`citation()`) quando usada em uma publicação.

```
# Atualização de pacotes
update.packages() # todos
update.packages(ask = FALSE) # todos, mas exige confirmação

# apagar um pacote
remove.packages("nome_pacote")

# descrição e versão
packageDescription("ggplot2")
```

```
Package: ggplot2
Title: Create Elegant Data Visualisations Using the Grammar of Graphics
Version: 4.0.0
Authors@R: c( person("Hadley", "Wickham", , "hadley@posit.co", role =
  "aut", comment = c(ORCID = "0000-0003-4757-117X")),
  person("Winston", "Chang", role = "aut", comment = c(ORCID =
  "0000-0002-1576-2126")), person("Lionel", "Henry", role =
  "aut"), person("Thomas Lin", "Pedersen", ,
  "thomas.pedersen@posit.co", role = c("aut", "cre"), comment =
  c(ORCID = "0000-0002-5147-4711")), person("Kohske",
  "Takahashi", role = "aut"), person("Claus", "Wilke", role =
  "aut", comment = c(ORCID = "0000-0002-7470-9261")),
  person("Kara", "Woo", role = "aut", comment = c(ORCID =
  "0000-0002-5125-4188")), person("Hiroaki", "Yutani", role =
  "aut", comment = c(ORCID = "0000-0002-3385-7233")),
  person("Dewey", "Dunnington", role = "aut", comment = c(ORCID =
  "0000-0002-9415-4582")), person("Teun", "van den Brand", role =
  "aut", comment = c(ORCID = "0000-0002-9335-7468")),
  person("Posit, PBC", role = c("cph", "fnd"), comment = c(ROR =
```



```

"03wc8by49")) )
Description: A system for 'declaratively' creating graphics, based on
"The Grammar of Graphics". You provide the data, tell 'ggplot2'
how to map variables to aesthetics, what graphical primitives
to use, and it takes care of the details.
License: MIT + file LICENSE
URL: https://ggplot2.tidyverse.org,
https://github.com/tidyverse/ggplot2
BugReports: https://github.com/tidyverse/ggplot2/issues
Depends: R (>= 4.1)
Imports: cli, grDevices, grid, gtable (>= 0.3.6), isoband, lifecycle (>
1.0.1), rlang (>= 1.1.0), S7, scales (>= 1.4.0), stats, vctrs
(>= 0.6.0), withr (>= 2.5.0)
Suggests: broom, covr, dplyr, ggplot2movies, hexbin, Hmisc, knitr,
mapproj, maps, MASS, mgcv, multcomp, munsell, nlme, profvis,
quantreg, ragg (>= 1.2.6), RColorBrewer, rmarkdown, roxygen2,
rpart, sf (>= 0.7-3), svglite (>= 2.1.2), testthat (>= 3.1.5),
tibble, vdiffr (>= 1.0.6), xml2
Enhances: sp
VignetteBuilder: knitr
Config/Needs/website: ggtext, tidyr, forcats, tidyverse/tidytemplate
Config/testthat/edition: 3
Config/usethis/last-upkeep: 2025-04-23
Encoding: UTF-8
LazyData: true
RoxygenNote: 7.3.2
Collate: 'ggproto.R' 'ggplot-global.R' 'aaa-.R'
'aes-colour-fill-alpha.R' .....
NeedsCompilation: no
Packaged: 2025-08-19 08:21:45 UTC; thomas
Author: Hadley Wickham [aut] (ORCID:
<https://orcid.org/0000-0003-4757-117X>), Winston Chang [aut]
(ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1576-2126>), Lionel Henry
[aut], Thomas Lin Pedersen [aut, cre] (ORCID:
<https://orcid.org/0000-0002-5147-4711>), Kohske Takahashi
[aut], Claus Wilke [aut] (ORCID:
<https://orcid.org/0000-0002-7470-9261>), Kara Woo [aut]
(ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5125-4188>), Hiroaki
Yutani [aut] (ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3385-7233>),
Dewey Dunnington [aut] (ORCID:
<https://orcid.org/0000-0002-9415-4582>), Teun van den Brand
[aut] (ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9335-7468>), Posit,
PBC [cph, fnd] (ROR: <https://ror.org/03wc8by49>)
Maintainer: Thomas Lin Pedersen <thomas.pedersen@posit.co>
Repository: CRAN
Date/Publication: 2025-09-11 07:10:02 UTC
Built: R 4.3.3; ; 2025-10-07 18:16:38 UTC; unix

-- File: /home/marcelo/R/x86_64-pc-linux-gnu-library/4.3/ggplot2/Meta/package.rds

```

```
packageVersion("ggplot2")
```

```
[1] '4.0.0'
```

```
# forma de citação  
citation("ggplot2")
```

To cite ggplot2 in publications, please use

H. Wickham. ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis.  
Springer-Verlag New York, 2016.

A BibTeX entry for LaTeX users is

```
@Book{,  
  author = {Hadley Wickham},  
  title = {ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis},  
  publisher = {Springer-Verlag New York},  
  year = {2016},  
  isbn = {978-3-319-24277-4},  
  url = {https://ggplot2.tidyverse.org},  
}
```

Algo a se ter em mente é que nada impede de vários pacotes terem o mesmo nome para funções com finalidades diferentes. Nesse caso, ao carregar esses pacotes, o último a ser carregado irá mascarar o nome da anterior no seu ambiente. Assim, para evitar conflitos, ou o uso da função errada, recomenda-se usar a função seguindo o padrão `nome_do_pacote::nome_da_função`.

## 1.2 Leitura de datasets externos ao R

A importação de dados é o primeiro passo em qualquer análise. O R oferece múltiplos pacotes especializados para diferentes formatos de arquivos, mas iremos focar nos pacotes de leitura dos arquivos provenientes dos softwares Excel, SAS, Stata e SPSS. Para isso, utilizaremos os pacotes `readxl` e `haven`.

```
# mini rotina para instalar um pacote se ainda não estiver instalado  
instala_se_nao_existe <- function(nome_do_pacote){  
  if(nome_do_pacote %in% rownames(installed.packages())) return()  
  install.packages(nome_do_pacote)  
}  
lapply(c("readxl", "haven"), instala_se_nao_existe)  
  
# Carregar pacotes  
library(readxl) # Excel  
library(haven)  # SAS, SPSS, STATA
```

### 1.2.1 Importando dados do Excel

Para leitura de arquivos do Excel nos formatos `.xls` e `.xlsx` usaremos o pacote `readxl`, o qual faz parte do conjunto de pacotes do `tidyverse`. Dele podemos usar as funções `read_excel()`, `read_xls()` ou `read_xlsx()`, os quais recebem argumentos semelhantes, com a diferença que os dois últimos são específicos ao formato do arquivo.

O primeiro e mais importante argumento a ser fornecido para essa função é o **path**, o local onde o arquivo se encontra no seu computador. Esse caminho pode ser absoluto (desde a raiz, normalmente / no linux ou C: no windows, até o local) ou relativo ao diretório de trabalho (que pode ser verificado usando a função `getwd()`).

Como os arquivos do Excel aceitam múltiplas planilhas (em diferentes abas), o argumento de **sheet** do `read_excel()` permite escolher qual aba se pretende carregar. Caso seja necessário verificar primeiro o nome das abas disponíveis no arquivo, use `excel_sheets(path)`.

Outro problema comum em arquivos do Excel são planilhas que não iniciam na linha 1 ou que apresentam um conjunto de colunas que não pretendemos usar (sem conteúdo ou preenchido com informações que não fazem parte do dataset). Para contornar esses obstáculos, podemos usar o argumento **skip** com o número de linhas iniciais que não devem ser lidas, ou usar o **range** com um **character** indicando a primeira e última células que delimitam seus dados (por exemplo, `range = "B2:D20"` indica que devem ser lidas as colunas B, C e D, das linhas 2 até a 20).

Por padrão, essas funções buscam adivinhar o tipo de dados presente em cada coluna da planilha, mas é possível declarar o tipo usando o argumento `col_types` com um vetor com comprimento igual ao número de colunas que irá importar. Esse vetor deve, para cada coluna, usar uma das opções:

- “skip”: remove a coluna do dataset
- “guess”: deixa para a função escolher o tipo
- “logical”: booleano
- “numeric”: numérico
- “date”: data
- “text”: character
- “list”: lista

Também por padrão, a primeira linha é usada para obter os nomes de cada coluna. Se você não possui nomes das colunas na sua planilha use `col_names = FALSE` na função ou passe um vetor dos nomes das colunas para o argumento `col_names`.

Um aspecto importante de qualquer conjunto de dados é saber como foram codificados os dados ausentes. O argumento **na** permite passar um vetor de **character** com os códigos usados na planilha para declarar um dado ausente, o qual será convertido para NA no R.

```
excel_sheets("../datasets/excel/ap2.xlsx")
```

```
[1] "Data"
```

```
dados_excel <- read_excel("../datasets/excel/ap2.xlsx")
head(dados_excel)
```

```
# A tibble: 6 x 21
  farm_id batch_id litt_id pig_id parity vacc_mp seas_fin age_t w_age_t age_t6
  <dbl>    <dbl>    <dbl>  <dbl>  <dbl>   <dbl>   <dbl> <dbl>  <dbl>  <dbl>
1      1      1      1      1      1      8      1      1    70    33.8    116
2      1      1      1      1      2      8      1      1    70    32.9    116
3      1      1      1      1      3      8      1      1    70    29.4    116
4      1      1      1      2      4      8      1      1    60    19.8    106
5      1      1      1      2      5      8      1      1    60    20.4    106
6      1      1      1      2      6      8      1      1    60    20.3    106
# i 11 more variables: w_age_t6 <dbl>, dwg_fin <dbl>, ap2_t <dbl>, mp_t <dbl>,
#   infl_t <dbl>, prrs_t <dbl>, ap2_t6 <dbl>, mp_t6 <dbl>, infl_t6 <dbl>,
#   prrs_t6 <dbl>, ap2_sc <dbl>
```

```
# definir a planilha por nome ou índice
dados_pela_aba <- read_excel("../datasets/excel/ap2.xlsx", sheet = "Data")
dados_pela_aba <- read_excel("../datasets/excel/ap2.xlsx", sheet = 1)

# carregar somente um intervalo de células, em que a linha 1 não é header
dados_pelo_range <- read_excel(
  "../datasets/excel/ap2.xlsx",
  range = "A2:B100",
  sheet = "Data",
  col_names = FALSE
)
```

New names:

```
* `` -> `...1`
* `` -> `...2`
```

```
head(dados_pelo_range)
```

```
# A tibble: 6 x 2
  ...1 ...2
  <dbl> <dbl>
1     1     1
2     1     1
3     1     1
4     1     1
5     1     1
6     1     1
```

# mesmo exemplo, mas definindo os nomes das colunas

```
dados_pelo_range <- read_excel(
  "../datasets/excel/ap2.xlsx",
  range = "A2:B100",
  sheet = "Data",
  col_names = c('fazenda', 'lote')
)
head(dados_pelo_range)
```

```
# A tibble: 6 x 2
  fazenda lote
  <dbl> <dbl>
1     1     1
2     1     1
3     1     1
4     1     1
5     1     1
6     1     1
```

# declarando os tipos de colunas

```
dados_tipos <- read_excel(
  "../datasets/excel/ap2.xlsx",
  col_types = c("text", "numeric", rep("text", 19))
)
```

```
head(dados_tipos)
```

```
# A tibble: 6 x 21
  farm_id batch_id litt_id pig_id parity vacc_mp seas_fin age_t w_age_t age_t6
  <chr>      <dbl> <chr>   <chr>   <chr>   <chr>   <chr>   <chr> <chr>   <chr>
1 1          1 1       1       8       1       1       70  33.8  116
2 1          1 1       2       8       1       1       70  32.9  116
3 1          1 1       3       8       1       1       70  29.4  116
4 1          1 2       4       8       1       1       60  19.8  106
5 1          1 2       5       8       1       1       60  20.4  106
6 1          1 2       6       8       1       1       60  20.3  106
# i 11 more variables: w_age_t6 <chr>, dwg_fin <chr>, ap2_t <chr>, mp_t <chr>,
#   infl_t <chr>, prrs_t <chr>, ap2_t6 <chr>, mp_t6 <chr>, infl_t6 <chr>,
#   prrs_t6 <chr>, ap2_sc <chr>
```

```
# definir os códigos usados na planilha para dados ausentes
```

```
dados_na <- read_excel(
  "../datasets/excel/ap2.xlsx",
  na = c("", "NA", "N/A", "-")
)
```

## 1.2.2 Importando dados do Stata

Para leitura de arquivos do Stata no formato .dta usaremos o pacote **heaven**, o qual possui funções para leitura de arquivos do Stata, SPSS e SAS. Nesse treinamento vamos focar na função `read_dta()` para leitura dos arquivos do Stata (superiores a versão 13.0).

Assim como no `read_excel()`, o primeiro argumento de `read_dta()` deve ser a localização do arquivo. Além disso, a função aceita como argumentos `encoding`, a codificação de caracteres usada, `skip` para remover um certo número de linhas, `col_select` para definir quais colunas serão seleccionadas e `n_max` para declarar o número máximo de linhas que devem ser importadas.

Um diferença importante entre arquivos do Excel e do Stata é que no segundo o dataset e as suas variáveis podem conter metadados (“notes” e “labels”) com informações sobre esses dados. Essas informações podem ser acessadas na função `attr()`.

```
dados_stata <- read_dta("../datasets/stata/ap2.dta")
head(dados_stata)
```

```
# A tibble: 6 x 21
  farm_id batch_id litt_id pig_id parity vacc_mp seas_fin age_t w_age_t age_t6
  <dbl>      <dbl>   <dbl>   <dbl>   <dbl> <dbl+lbl> <dbl+lbl> <dbl>   <dbl>   <dbl>
1      1          1       1       1       8 1 [vac]  1 [wint~  70  33.8  116
2      1          1       1       2       8 1 [vac]  1 [wint~  70  32.9  116
3      1          1       1       3       8 1 [vac]  1 [wint~  70  29.4  116
4      1          1       2       4       8 1 [vac]  1 [wint~  60  19.8  106
5      1          1       2       5       8 1 [vac]  1 [wint~  60  20.4  106
6      1          1       2       6       8 1 [vac]  1 [wint~  60  20.3  106
# i 11 more variables: w_age_t6 <dbl>, dwg_fin <dbl>, ap2_t <dbl+lbl>,
#   mp_t <dbl+lbl>, infl_t <dbl+lbl>, prrs_t <dbl+lbl>, ap2_t6 <dbl+lbl>,
#   mp_t6 <dbl+lbl>, infl_t6 <dbl+lbl>, prrs_t6 <dbl+lbl>, ap2_sc <dbl+lbl>
```

```

dados_stata_com_encoding <- read_dta(
  "../datasets/stata/ap2.dta",
  encoding = "UTF-8"
)

# transformar colunas labelled em factor
dados_stata_como_factor <- read_dta(
  "../datasets/stata/ap2.dta",
  encoding = "UTF-8"
) |> as_factor()
head(dados_stata_como_factor)

# A tibble: 6 x 21
  farm_id batch_id litt_id pig_id parity vacc_mp seas_fin age_t w_age_t age_t6
    <dbl>   <dbl>   <dbl>  <dbl>  <dbl> <fct>   <fct>   <dbl>   <dbl>   <dbl>
1       1       1       1       1       8 vac    winter    70    33.8    116
2       1       1       1       2       8 vac    winter    70    32.9    116
3       1       1       1       3       8 vac    winter    70    29.4    116
4       1       1       2       4       8 vac    winter    60    19.8    106
5       1       1       2       5       8 vac    winter    60    20.4    106
6       1       1       2       6       8 vac    winter    60    20.3    106
# i 11 more variables: w_age_t6 <dbl>, dwg_fin <dbl>, ap2_t <fct>, mp_t <fct>,
#   infl_t <fct>, prrs_t <fct>, ap2_t6 <fct>, mp_t6 <fct>, infl_t6 <fct>,
#   prrs_t6 <fct>, ap2_sc <fct>

# Notas do Stata
attr(dados_stata, "notes")

[1] "5 Aug 2002 16:24 data provided by Dr. Haakan Vigre, Denmark"
[2] "1"

# Labels das variáveis
labels <- sapply(dados_stata, function(x) attr(x, "label"))
kable(
  tibble(var=names(labels), metadata=labels),
  col.names = c("Variável", "Label")
)

```

Variável	Label
farm_id	farm identification
batch_id	batch identifiaction number
litt_id	litter identification number
pig_id	pig identification
parity	the farrowing no. of the sow
vacc_mp	the batch vaccinated against M.hyop yes=1
seas_fin	prod. season in finishing unit: winther=1
age_t	pig-age transfer from weaning to finishing unit
w_age_t	weight in kg. at age_t
age_t6	age_tra plus approx. 6 weeks
w_age_t6	weight in kg. at age_t6
dwg_fin	dwg in g. between age_t and age_t6

Variável	Label
ap2_t	serological reac. against A.pleuropneumoniae serotype 2 at age_t
mp_t	serological reac. against M.hyopneumoniae at age_t
infl_t	serological reac. against Influenza virus at age_t
prrs_t	serological reac. against PRRS virus at age_t
ap2_t6	serological reac. against A.pleuropneumoniae serotype 2 at age_t6
mp_t6	serological reac. against M.hyopneumoniae at age_t6
infl_t6	serological reac. against Influenza virus at age_t6
prrs_t6	serological reac. against PRRS virus at age_t6
ap2_sc	seroconversion to ap2 during the finishing period

### 1.2.3 Verificação e diagnóstico dos dados importados

Uma vez carregados os dados, é importante avaliar a estrutura desse conjunto de dados importado. Para uma exploração inicial, será interessante avaliar, no mínimo, as dimensões desses dados (número de observações e variáveis), quais os tipos das variáveis no R, resumos estatísticos simples, quantidade de valores ausentes por variável.

```
verificar_dados <- function(dados) {
  cat("Dimensões:", dim(dados), "\n")
  cat("Tipos de variáveis:\n")
  print(sapply(dados, class))
  cat("\nPrimeiras linhas:\n")
  print(head(dados, 3))
  cat("\nResumo estatístico:\n")
  print(summary(dados))
  cat("\nValores missing por coluna:\n")
  print(colSums(is.na(dados)))
  cat("\nEstrutura dos dados:\n")
  str(dados)
}

# Aplicar a qualquer dataset importado
verificar_dados(dados_stata)
```

Por fim, em grandes datasets é comum que os dados sejam registrados em múltiplos arquivos (principalmente no Excel, por causa do limite de linhas). Nesse caso, para não ser necessário carregar cada um desses arquivos e depois construir um data.frame que uni todos, podemos usar recursos de programação funcional do pacote **purrr** para importar diretamente todos os arquivos em um único data.frame.

```
library(purrr)
# obter uma lista dos arquivos que serão importados e
# mapear todos os arquivos para um unico data.frame
dados <- list.files("datasets/csv", pattern = "\\..csv$", full.names = TRUE) |> map_df(read_csv2)
```

**Quadro Resumo das funções que podem ser usadas na importação de arquivos externos ao R**

Formato	Pacote	Função
CSV	readr	read_delim(), read_csv(), read_csv2()
Excel	readxl	read_excel(), read_xls(), read_xlsx()

Formato	Pacote	Função
SAS	haven	read_sas()
SPSS	haven	read_sav()
Stata	haven	read_stata(), read_dta()
Múltiplos	rio	import()



## Chapter 2

# Manipulação de dados com os pacotes do tidyverse

O **tidyverse** é uma coleção de pacotes R voltados para a ciência de dados, que compartilham uma mesma filosofia, gramática e estruturas de dados. Ele é composto dos seguintes pacotes:

- **tibble**: extensão do `data.frame`;
- **dplyr**: funções na forma de verbos que fornece a gramática para a manipulação dos dados;
- **tidyr**: funções para obtenção dos dados que seguem a filosofia dos “dados arrumados”;
- **readr**: importação de dados tabulares (csv, tsv, fwf);
- **purrr**: programação funcional;
- **stringr**: manipulação de strings (`character`);
- **forcats**: manipulação de fatores (`factor`);
- **lubridate**: manipulação de datas (`date`);
- **ggplot2**: criação de gráficos.

```
# Carregar todo o conjunto de pacotes
library(tidyverse)

# Ou carregar pacotes individuais
library(dplyr)
library(tidyr)
library(readr)
```

Como já mencionado, o **tidyverse** segue a filosofia de “dados arrumados” (*tidy data*), o que basicamente significa que:

- cada variável forma uma coluna;
- cada unidade observacional (unidade amostral) forma uma linha;
- cada célula é uma observação e um único valor

Esse padrão facilita análises posteriores:

```
set.seed(42)
dados_tidy <- tibble(
  animal_id = 1:6,
  especie = rep(c("cão", "gato"), 3),
```

```

  peso_kg = round(rnorm(6, mean = 15, sd = 5), 1),
  idade_anos = sample(1:10, 6, replace = TRUE)
)
dados_tidy

```

```

# A tibble: 6 x 4
  animal_id especie peso_kg idade_anos
    <int> <chr>      <dbl>      <int>
1         1  cão        21.9         7
2         2  gato        12.2         4
3         3  cão        16.8         9
4         4  gato        18.2         5
5         5  cão         17         4
6         6  gato        14.5        10

```

O tibble facilita a compreensão dos seus dados, uma vez que sua impressão (com `print`) apresenta o tipo de cada variável, não imprime o conjunto completo (somente as primeiras linhas) e não faz conversões automáticas de variáveis `character` para `factor`. Além disso, ele aceita nomes não sintáticos do R para as variáveis (usando “”).

Uma diferença importante entre tibble e `data.frame` está na forma como você extrai uma variável do conjunto. No `data.frame` usamos os padrões `nome_do_dataframe["nome_da_coluna"]`, `nome_do_dataframe[indice_da_coluna]` ou `nome_do_dataframe$nome_da_coluna`. No tibble usamos os padrões `nome_do_tibble$nome_da_coluna`, `nome_do_tibble[[indice_da_coluna]]`, `nome_do_tibble[["nome_da_coluna"]]` ou, ainda, extrair por meio do pipe com `nome_do_tibble %>% .$nome_da_coluna`, `nome_do_tibble %>% .[["nome_da_coluna"]]` ou `nome_do_tibble |> pull("nome_da_coluna")`.

```

# extraindo uma variável do tibble
dados_tidy %>% .$idade_anos

```

```
[1] 7 4 9 5 4 10
```

```
dados_tidy %>% .[["idade_anos"]]
```

```
[1] 7 4 9 5 4 10
```

```
dados_tidy |> pull("idade_anos")
```

```
[1] 7 4 9 5 4 10
```

## 2.1 O pipe (%>% e |>)

O pipe permite agrupar em um código que parece ser uma única operação múltiplas operações (chamadas de funções), em que o resultado de uma operação é fornecido como o primeiro argumento da subsequente. Isso torna o código mais legível.

```

# Sem pipe, com funções aninhadas
resultado <- summarise(
  group_by(
    filter(dados_tidy, peso_kg > 10),
    especie
  ),

```

```

  peso_medio = mean(peso_kg)
)
# ou criando várias etapas
dados_filtrados <- filter(dados_tidy, peso_kg > 10)
dados_agrupados <- group_by(dados_filtrados, especie)
resultado <- summarise(dados_agrupados, peso_medio = mean(peso_kg))

# Com pipe do tidyverse (%>%)
resultado <- dados_tidy %>%
  filter(peso_kg > 10) %>%
  group_by(especie) %>%
  summarise(peso_medio = mean(peso_kg))

# com pipe nativo do R 4.1+ (|>)
resultado <- dados_tidy |>
  filter(peso_kg > 10) |>
  group_by(especie) |>
  summarise(peso_medio = mean(peso_kg))

```

## 2.2 Manipulação dos dados com o dplyr

Usamos o `select()` para obter um subconjunto do nosso dataset com somente as variáveis de interesse.

```

df_exemplo <- tibble(
  id = 1:100,
  especie = sample(c("cão", "gato", "coelho"), 100, replace = TRUE),
  idade = round(runif(100, 1, 15), 1),
  peso = round(rnorm(100, 15, 5), 2),
  vacinado = sample(c(TRUE, FALSE), 100, replace = TRUE),
  data_consulta = seq(as.Date("2023-01-01"), by = "day", length.out = 100),
  temperatura = round(rnorm(100, 38.5, 0.5), 1)
)

# seleção de colunas pelo nome ou com vetor de caracteres
df_exemplo %>%
  select(id, especie, peso)
df_exemplo %>%
  select(c("id", "especie", "peso"))

# Seleção com funções helpers
# starts_with para as colunas que iniciam com certo valor
df_exemplo %>%
  select(starts_with("data"))
# ends_with para as colunas que terminam com certo valor
df_exemplo %>%
  select(ends_with("do"))
# contains para as colunas que possuem um certo valor
df_exemplo %>%
  select(contains("ac"))
# where para colunas que correspondem a TRUE para alguma função de retorno lógico

```

```
df_exemplo %>%
  select(where(is.numeric))
# usando padrão de fórmula para múltiplas condições
df_exemplo %>%
  select(where(~ is.numeric(.x) && min(.x) > 10))

# Seleção pela exclusão de determinadas colunas
df_exemplo %>%
  select(-id, -data_consulta)
df_exemplo %>%
  select(-c("id", "data_consulta"))

# Seleção com renomeação de determinadas colunas
df_exemplo %>%
  select(
    identificador = id,
    tipo_animal = especie,
    everything()
  )
```

Usamos o `filter()` para obter um subconjunto do nosso dataset com somente as observações que atendem a uma determinada condição.

```
# Filtro básico
df_exemplo %>%
  filter(especie == "cão")

# Múltiplas condições
# AND - , ou &
df_exemplo %>%
  filter(especie == "gato", peso > 10, vacinado == TRUE)
df_exemplo %>%
  filter(especie == "gato" & peso > 10 & vacinado == TRUE)

# OR - |
df_exemplo %>%
  filter(especie == "cão" | especie == "gato")

# agrupando os OR de == com %in%
df_exemplo %>%
  filter(especie %in% c("cão", "gato"))

# Filtros com funções
# between para min <= x <= max
df_exemplo %>%
  filter(between(idade, 5, 10))

df_exemplo %>%
  filter(!is.na(temperatura))
```

Usamos o `mutate()` para criar ou modificar variáveis.

```

# criar colunas
# case_when para construir uma variável baseado em condições das demais
df_exemplo %>%
  mutate(
    score_inventado = peso / (idade ^ 0.5),
    categoria_idade = case_when(
      idade < 1 ~ "Filhote",
      idade < 7 ~ "Adulto",
      TRUE ~ "Idoso"
    )
  ) %>%
  select(id, especie, idade, categoria_idade, score_inventado)

# modificar colunas
df_exemplo %>%
  mutate(
    peso = round(peso, 0),
    temperatura = temperatura * 9/5 + 32
  )

# transformações em várias colunas
# scale centraliza a variável (desvio / desvio-padrão)
# cuidado para multiplos across no mutate, a ordem importa
df_exemplo %>%
  mutate(
    across(where(is.numeric), ~round(.x, 1)),
    across(c(peso, temperatura), ~scale(.x)[,1], .names = "{.col}_z")
  )
df_exemplo %>%
  mutate(
    across(c(peso, temperatura), ~scale(.x)[,1], .names = "{.col}_z"),
    across(where(is.numeric), ~round(.x, 1))
  )

# transmute() - mantém apenas as colunas criadas
df_exemplo %>%
  transmute(
    id,
    peso_libras = peso * 2.205,
    idade_meses = idade * 12
  )

```

Usamos o `arrange()` para ordenar as variáveis por uma ou mais variáveis.

```

# Ordenação crescente por uma variável
df_exemplo %>%
  arrange(peso)

# Ordenação decrescente por uma variável
df_exemplo %>%
  arrange(desc(peso))

```

```
# Ordenação múltipla
df_exemplo %>%
  arrange(especie, desc(idade), peso)

# Ordenação com NA
df_exemplo %>%
  arrange(desc(is.na(temperatura)), temperatura)
```

Para criar agregações (resumos estatísticos) usamos `summarise()` e o `group_by()` caso esse resumo deva ser calculado para cada categoria de determinada variável.

```
# Resumo simples
df_exemplo %>%
  summarise(
    n_animais = n(),
    peso_medio = mean(peso, na.rm = TRUE),
    peso_dp = sd(peso, na.rm = TRUE),
    peso_mediana = median(peso, na.rm = TRUE),
    peso_min = min(peso, na.rm = TRUE),
    peso_max = max(peso, na.rm = TRUE)
  )

# Agrupamento e resumo
df_exemplo %>%
  group_by(especie) %>%
  summarise(
    n = n(),
    idade_media = mean(idade, na.rm = TRUE),
    prop_vacinados = mean(vacinado, na.rm = TRUE),
    .groups = "drop"
  )

# Agrupamento por múltiplas variáveis
df_exemplo %>%
  group_by(especie, vacinado) %>%
  summarise(
    n = n(),
    peso_medio = mean(peso, na.rm = TRUE),
    temp_media = mean(temperatura, na.rm = TRUE),
    .groups = "drop"
  ) %>%
  arrange(especie, vacinado)

# Criando colunas baseado nas informações do grupo (categoria)
df_exemplo %>%
  group_by(especie) %>%
  transmute(
    especie,
    peso,
    peso_padronizado = (peso - mean(peso)) / sd(peso),
```

```

    peso_centralizado = scale(peso)[,1],
    rank_peso = rank(peso)
  ) %>%
  ungroup() %>%
  arrange(rank_peso)

```

Para obter um subconjunto de observações também podemos usar funções da família `slice_*`.

```

# Primeiras ou últimas n observações
df_exemplo %>% slice_head(n = 5)
df_exemplo %>% slice_tail(n = 5)

# Linhas específicas
df_exemplo %>% slice(c(1, 5, 10))

# Amostragem "aleatória"
df_exemplo %>% slice_sample(n = 10)
df_exemplo %>% slice_sample(prop = 0.1)

# Extremos por grupo
df_exemplo %>%
  group_by(especie) %>%
  slice_max(peso, n = 3) # 3 maiores valores
df_exemplo %>%
  group_by(especie) %>%
  slice_min(idade, n = 2) # 2 menores valores
# retornando exatamente o valor n
df_exemplo %>%
  group_by(especie) %>%
  slice_min(idade, n = 2, with_ties = FALSE)

```

Para obter os valores únicos de uma ou mais variáveis usamos `distinct()`.

```

# Valores únicos de uma coluna
df_exemplo %>%
  distinct(especie)

# Combinações únicas
# .keep_all = TRUE para manter as outras colunas
df_exemplo %>%
  distinct(especie, vacinado, .keep_all = TRUE)

# Remover duplicatas
df_exemplo %>%
  distinct()

```

Para contagem de ocorrências usamos `count()` e `add_count()`.

```

# quantidade de observações por categoria
df_exemplo %>%
  count(especie, sort = TRUE, name = "Amostra")

```

```

# Contagem com peso
df_exemplo %>%
  count(especie, wt = peso, name = "peso_total")
# mesmo que agrupar e agregar para a soma
df_exemplo %>%
  group_by(especie) %>%
  summarise(
    peso_total = sum(peso)
  )

# Adicionar contagem sem agregar
df_exemplo %>%
  add_count(especie, name = "n_por_especie") %>%
  add_count(especie, wt = peso, name = "peso_por_especie") %>%
  select(id, especie, n_por_especie, peso_por_especie)

```

## 2.3 Reestruturação dos dados com o tidyr

Algumas vezes os dados importados apresentam um conjunto de colunas que precisam ser transformadas em uma única com seu valor e outra com a categoria, ou o contrário. Para conseguir isso usamos as funções `pivot_longer()` e `pivot_wider()`. `pivot_longer()` retorna um dataset com mais observações e menos colunas, usando os nomes das colunas alvo para construir uma variável e o valor de cada coluna para construir outra. `pivot_wider()` retorna um dataset com mais colunas e menos observações, usando os valores de uma ou mais colunas alvo para criar novas variáveis e outra coluna para extrair os valores.

```

dados_wide <- tibble(
  id = 1:100,
  especie = sample(c("cão", "gato"), 100, replace = TRUE),
  peso_2021 = round(rnorm(100, 13, 5), 2),
  peso_2022 = round(rnorm(100, 15.1, 2), 2),
  peso_2023 = round(rnorm(100, 11.3, 5), 2),
)

# Converter para long
dados_long <- dados_wide %>%
  pivot_longer(
    cols = starts_with("peso"),
    names_to = "ano",
    values_to = "peso",
    names_prefix = "peso_",
    names_transform = list(ano = as.integer)
  )

dados_long %>% slice_sample(n = 4)

```

```

# A tibble: 4 x 4
   id especie  ano  peso
<int> <chr>   <int> <dbl>
1    30 gato    2021  10.8
2    19 gato    2023  11.6

```



```
3   17 gato    2021  8.12
4   27 gato    2023 17.6
```

```
dados_wide_novo <- dados_long %>%
  pivot_wider(
    names_from = ano,
    values_from = peso,
    names_prefix = "peso_"
  )

# exemplo mais complexo
medidas_long <- tibble(
  animal_id = rep(1:3, each = 6),
  momento = rep(c("antes", "depois"), each = 3, times = 3),
  parametro = rep(c("peso", "temperatura", "frequencia"), times = 6),
  valor = round(runif(18, 10, 40), 1)
)
medidas_wide <- medidas_long %>%
  pivot_wider(
    names_from = c(parametro, momento),
    values_from = valor,
    names_sep = "_"
  ) %>%
  select(animal_id, starts_with("peso"), starts_with("temperatura"), starts_with("frequencia"))
nomes_tabela <- c("Animal", "Peso (antes)", "Peso (depois)", "Temp (antes)", "Temp (depois)", "Freq (antes)", "Freq (depois)")
kable(medidas_wide, col.names = nomes_tabela)
```

Animal	Peso (antes)	Peso (depois)	Temp (antes)	Temp (depois)	Freq (antes)	Freq (depois)
1	17.1	25.0	26.7	13.5	29.9	29.3
2	28.8	20.6	17.7	19.2	17.1	33.1
3	16.9	17.7	23.8	23.8	35.1	35.0

Também é possível separar os valores de uma variável em novas variáveis usando o `separate()` ou unir os valores de diferentes variáveis em uma única usando o `unite()`.

```
df_exemplo_2 <- tibble(
  id = 1:5,
  info = c(
    "cão_macho_5anos",
    "gato_femea_3anos",
    "cão_femea_8anos",
    "gato_macho_2anos",
    "coelho_macho_1anos"
  )
)

# Separar em múltiplas colunas
dados_separados <- df_exemplo_2 %>%
  separate(
    info,
```

```

    into = c("especie", "sexo", "idade"),
    sep = "_",
    convert = TRUE
  ) %>%
  mutate(idade = as.integer(str_remove(idade, "anos")))

# Unir colunas
dados_unidos <- dados_separados %>%
  unite("descricao", especie, sexo, sep = ", ", remove = FALSE)

# separate_rows() separa em múltiplas linhas
dados_unidos <- tibble(
  veterinario = c("Dr. Fulano", "Dra. Sicrano"),
  especialidades = c("cirurgia,clinica", "clinica,dermatologia,cardiologia")
) %>%
  separate_rows(especialidades, sep = ",")

```

Quando temos dados ausentes (NA) em variáveis do nosso conjunto de dados, normalmente, algum tratamento será necessário para lidar com essas observações, seja removendo elas ou substituindo por outro valor. `fill()` substitui os valores NA das variáveis alvo por valores anteriores e posteriores àquela observação no conjunto de dados, enquanto `replace_na()` substitui os valores NA por um valor padrão. Já o `drop_na()` remove a unidade observacional inteira que apresente um NA nas variáveis alvo.

```

dados_na <- tibble(
  dia = 1:7,
  temperatura = c(38.5, NA, 38.7, NA, NA, 39.0, 38.6),
  medicacao = c("A", NA, NA, "B", NA, NA, "C")
)

# fill() - mais útil para dados temporais
dados_na %>%
  fill(temperatura, .direction = "down")
dados_na %>%
  fill(everything(), .direction = "up")
dados_na %>%
  fill(everything(), .direction = "updown")

# replace_na()
dados_na %>%
  replace_na(list(
    temperatura = 38.5,
    medicacao = "Nenhuma"
  ))

# drop_na()
dados_na %>%
  drop_na()
dados_na %>%
  drop_na(temperatura)

```

Por vezes em nossa análise chegamos em um ponto onde é necessário dividir nosso dataset em múltiplos

conjuntos, baseado em alguma categoria, seja para aplicar algum teste ou ajustar um modelo. Esse processo, normalmente, envolveria criar várias variáveis cada uma com o dataset filtrado para a categoria de interesse e depois aplicar o teste a cada uma desses subconjuntos. Entretanto, o `tidyr` oferece uma estratégia mais elegante para esse processo por meio do aninhamento usando o `nest()`. O `nest()` permite criar um novo `tibble` em que, em uma coluna do tipo lista, cada observação se torna um `tibble` filtrado para a categoria de interesse, assim, podemos aplicar o teste de forma iterativa em cada um, por meio de funções de programação funcional do `purrr`, mantendo também o resultado em formato de lista para cada observação.

```
dados_aninhados <- df_exemplo %>%
  group_by(especie) %>%
  nest() %>%
  mutate(
    n_observacoes = map_int(data, nrow),
    modelo = map(data, ~lm(peso ~ idade, data = .x)),
    teste_media_peso_vacinado = map(data, ~t.test(peso ~ vacinado, data = .x))
  )

dados_desaninhados <- dados_aninhados %>%
  select(-modelo) %>%
  unnest(data) %>%
  ungroup()

# resultados de gato
summary(dados_aninhados$modelo[[1]])
```

Call:

```
lm(formula = peso ~ idade, data = .x)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-10.5686	-3.9560	0.4428	2.6257	12.5723

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t )
(Intercept)	12.1732	1.9516	6.237	3e-07 ***
idade	0.3133	0.2401	1.305	0.2

---

Signif. codes: 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 5.364 on 37 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.04399, Adjusted R-squared: 0.01816

F-statistic: 1.703 on 1 and 37 DF, p-value: 0.2

```
dados_aninhados$teste_media_peso_vacinado[[1]]
```

Welch Two Sample t-test

data: peso by vacinado

t = 0.0048531, df = 34.736, p-value = 0.9962

alternative hypothesis: true difference in means between group FALSE and group TRUE is not equal to 0

95 percent confidence interval:

-3.539016 3.555972

sample estimates:

mean in group FALSE mean in group TRUE

14.46500

14.45652

## 2.4 Unindo diferentes tabelas com dplyr

Outra situação com que se depara na análise de dados é a necessidade de importar dados de diferentes planilhas (tabelas), as quais depois precisamos unir em um único dataset, baseado na informação de alguma variável que ocorre em ambas as tabelas. Isso é particularmente comum quando trabalhamos com dados importados de bancos de dados relacionais, onde temos uma tabela que possui uma coluna de chave primária (valores únicos) e outra com chave estrangeira que indica que aquele registro se refere à observação única daquela outra tabela.

Para unir essas tabelas usamos `joins`, uma operação derivada do SQL, uma linguagem de consulta de banco de dados relacionais. `joins` guardam uma semelhança com a teoria de conjuntos (união, diferença, interseção).

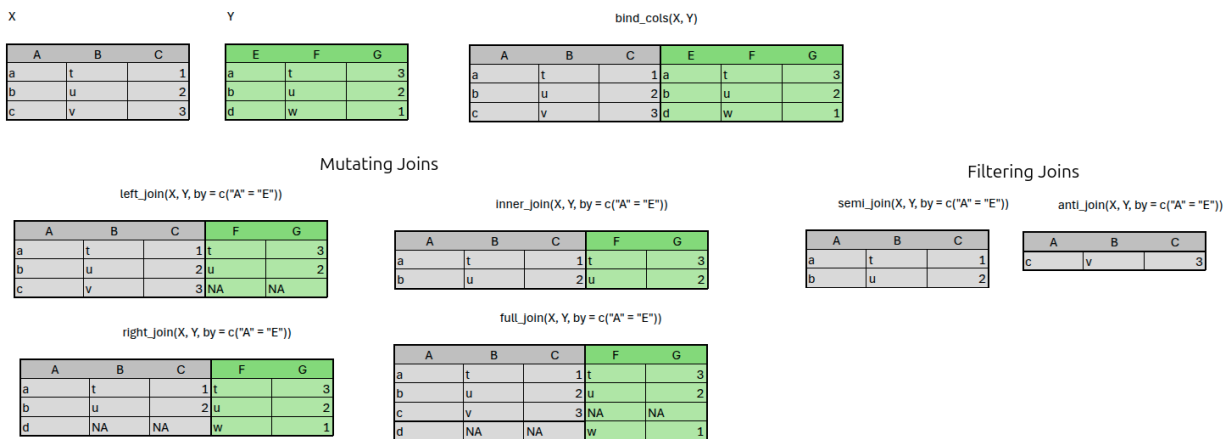


Figura 2.1: Tipos de joins do dplyr

```
animais <- tibble(  
  id = 1:5,  
  nome = c("Rex", "Mia", "Bob", "Luna", "Max"),  
  especie = c("cão", "gato", "cão", "gato", "coelho")  
)  
  
consultas <- tibble(  
  id_animal = c(1, 2, 1, 3, 6), # id 6 não existe no tibble animais  
  data = as.Date(c(  
    "2023-01-10", "2023-01-15", "2023-02-01",  
    "2023-02-10", "2023-02-15"  
  )),  
  motivo = c("vacina", "checkup", "checkup", "vacina", "emergência")  
)
```

```

)

# inner_join - mantém apenas registros com correspondência
inner <- animais %>%
  inner_join(consultas, by = c("id" = "id_animal"))

# left_join - mantém todos da esquerda
left <- animais %>%
  left_join(consultas, by = c("id" = "id_animal"))

# right_join - mantém todos da direita
right <- animais %>%
  right_join(consultas, by = c("id" = "id_animal"))

# full_join - mantém todos
full <- animais %>%
  full_join(consultas, by = c("id" = "id_animal"))

# semi_join - mantém linhas de L que têm match em R
animais_com_consulta <- animais %>%
  semi_join(consultas, by = c("id" = "id_animal"))

# anti_join - mantém linhas de L que NÃO têm match em R
animais_sem_consulta <- animais %>%
  anti_join(consultas, by = c("id" = "id_animal"))

```

## 2.5 Manipulando texto, datas e fatores com **stringr**, **lubridate** e **forcats**

Quando nosso dataset possui variáveis que representam um texto, por exemplo, uma resposta aberta, é normal ter que manipular essa variável para padronizá-la antes de uma análise. O **stringr** oferece um conjunto de funções que permitem manipular dados do tipo **character**, que inclui meios de transformar o texto em maiúsculas ou minúsculas, detectar certas palavras, contar o número de ocorrências de uma palavra, remover ou substituir uma palavra por outra ou, ainda, usar expressões regulares (*REGEX*) para transformar seus dados iniciais.

```

exemplo <- tibble(
  id = 1:5,
  descricao = c(
    " Infecção respiratória AGUDA ",
    "dermatite alérgica crônica",
    "FRATURA do fêmur esquerdo",
    "gastroenterite viral",
    "Otite média bilateral"
  )
)

# Funções básicas
diagnosticos_limpos <- exemplo %>%

```

```

mutate(
  # Remover espaços extras no inicio e fim do texto
  descricao_limpa = str_trim(descricao),

  # Converter para minúsculas
  descricao_lower = str_to_lower(descricao_limpa),

  # Converter para título ("Um Texto Dessa Forma")
  descricao_title = str_to_title(descricao_limpa),

  # Detectar padrões
  tem_infeccao = str_detect(descricao_lower, "infec"),

  # Extrair palavras
  primeira_palavra = str_extract(descricao_limpa, "^\\w+"),

  # Substituir
  descricao_mod = str_replace(descricao_lower, "aguda|crônica", "***"),

  # Contar palavras
  n_palavras = str_count(descricao_limpa, "\\w+")
)

diagnosticos_limpos

# Expressões regulares
telefonos <- c("(11) 1234-5678", "11-98765.4321", "1112345678", "11 1234 5678")
telefonos_limpos <- telefonos %>%
  str_remove_all("[^0-9]") %>% # Remove tudo exceto números
  str_replace("^((\\d{2})(\\d{4,5})(\\d{4})$)", "(\\1) \\2-\\3")

telefonos_limpos

```

O `lubridate` por sua vez permite trabalhar com dados temporais (data e tempo). Com ele você converter dados para os tipos `Date` e `POSIXct` (*date-time*), usar aritméticas entre datas, adicionar ou remover *timezones*, além de criar períodos, durações e intervalos.

```

datas_texto <- c("01/03/2023", "15-06-2023", "2023-12-25")

datas <- tibble(
  texto = datas_texto,
  data_dmy = dmy(c("01/03/2023", "15/06/2023", "25/12/2023")),
  data_dmy_hm = dmy_hm(c("01/03/2023 15:20", "15/06/2023 08:12", "25/12/2023 17:30")),
  data_ymd = ymd("2023-12-25")
)

class(df_exemplo$data_consulta)

# obter os componentes da data
consultas_datas <- df_exemplo %>%
  mutate(

```

```

    ano = year(data_consulta),
    mes = month(data_consulta, label = TRUE),
    dia = day(data_consulta),
    dia_semana = wday(data_consulta, label = TRUE),
    semana_epidemia = epiweek(data_consulta),
    trimestre = quarter(data_consulta),
    dia_ano = yday(data_consulta)
  )

intervencoes <- tibble(
  inicio = ymd(c("2023-01-01", "2023-03-15", "2023-06-01")),
  fim = ymd(c("2023-01-15", "2023-04-01", "2023-06-30"))
) %>%
  mutate(
    duracao_dias = as.numeric(fim - inicio),
    duracao_semanas = as.numeric(difftime(fim, inicio, units = "weeks")),
    meio_periodo = inicio + days(as.integer(duracao_dias / 2))
  )

# criando periodos
intervencoes$inicio + years(1)
# criando durações
intervencoes$inicio + dyears(1)
# criando intervalos
intervalo_um_ano <- interval(
  intervencoes$inicio, intervencoes$inicio + years(1)
)
# testando se uma data está dentro de um intervalo
(intervencoes$inicio[1] + days(20)) %within% intervalo_um_ano

# Sequências de datas
calendario_vacinacao <- tibble(
  data = seq(ymd("2023-01-01"), ymd("2023-12-31"), by = "month"),
  tipo = "Vacinação mensal"
)

# Arredondar datas
agora <- now()
tibble(
  original = agora,
  hora = floor_date(agora, "hour"), # floor arredonda para baixo
  dia = round_date(agora, "day"), # round arredonda para o mais próximo
  semana = ceiling_date(agora, "week"), # ceiling arredonda para cima
  mes = floor_date(agora, "month")
)

```

Para finalizar nossa seção sobre o tidyverse temos o pacote `forcats` para manipulação de fatores. Ele possui ferramentas para alterar ou reordenar os fatores de uma variável de forma simples.

```

dados_fatores <- df_exemplo %>%
  mutate(

```

```

especie_fator = factor(especie),
especie_freq = fct_infreq(especie_fator), # Reordenar níveis por frequência
especie_peso = fct_reorder(especie_fator, peso, mean), # Reordenar por outra variável

# Recodificar níveis
especie_pt = fct_recode(
  especie_fator,
  "Canino" = "cão", # padrão "Novo nome" = "Antigo nome"
  "Felino" = "gato",
  "Lagomorfo" = "coelho"
),

# Agrupar níveis raros
especie_agrup = fct_lump_min(
  especie_fator, min = 30, other_level = "Outros"
)
)

levels(dados_fatores$especie_fator)
levels(dados_fatores$especie_freq)

dados_fatores %>%
  group_by(especie) %>%
  summarise(media = mean(peso)) %>%
  arrange(media)
levels(dados_fatores$especie_peso)

levels(dados_fatores$especie_pt)
levels(dados_fatores$especie_agrup)

```

Os pacotes apresentados possuem uma grande gama de ferramentas, e nem todas serão apresentadas no nosso treinamento. Caso queira aprender mais sobre elas, recomendo o livro [R para Ciência de Dados](#), o qual possui uma versão online de acesso aberto ou a documentação dos pacotes do `tidyverse` que podem ser encontrados em <https://www.tidyverse.org/packages/>.

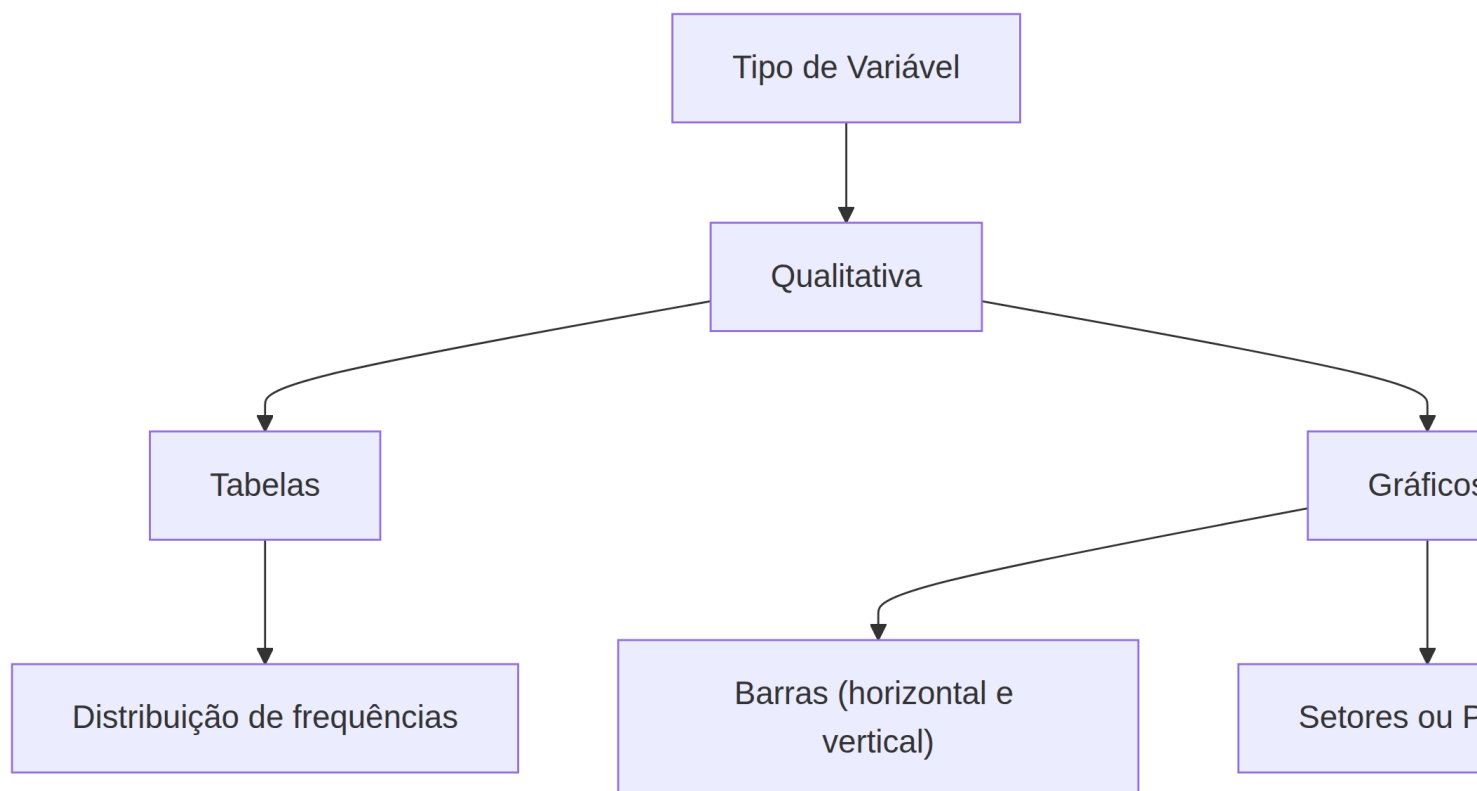


## Chapter 3

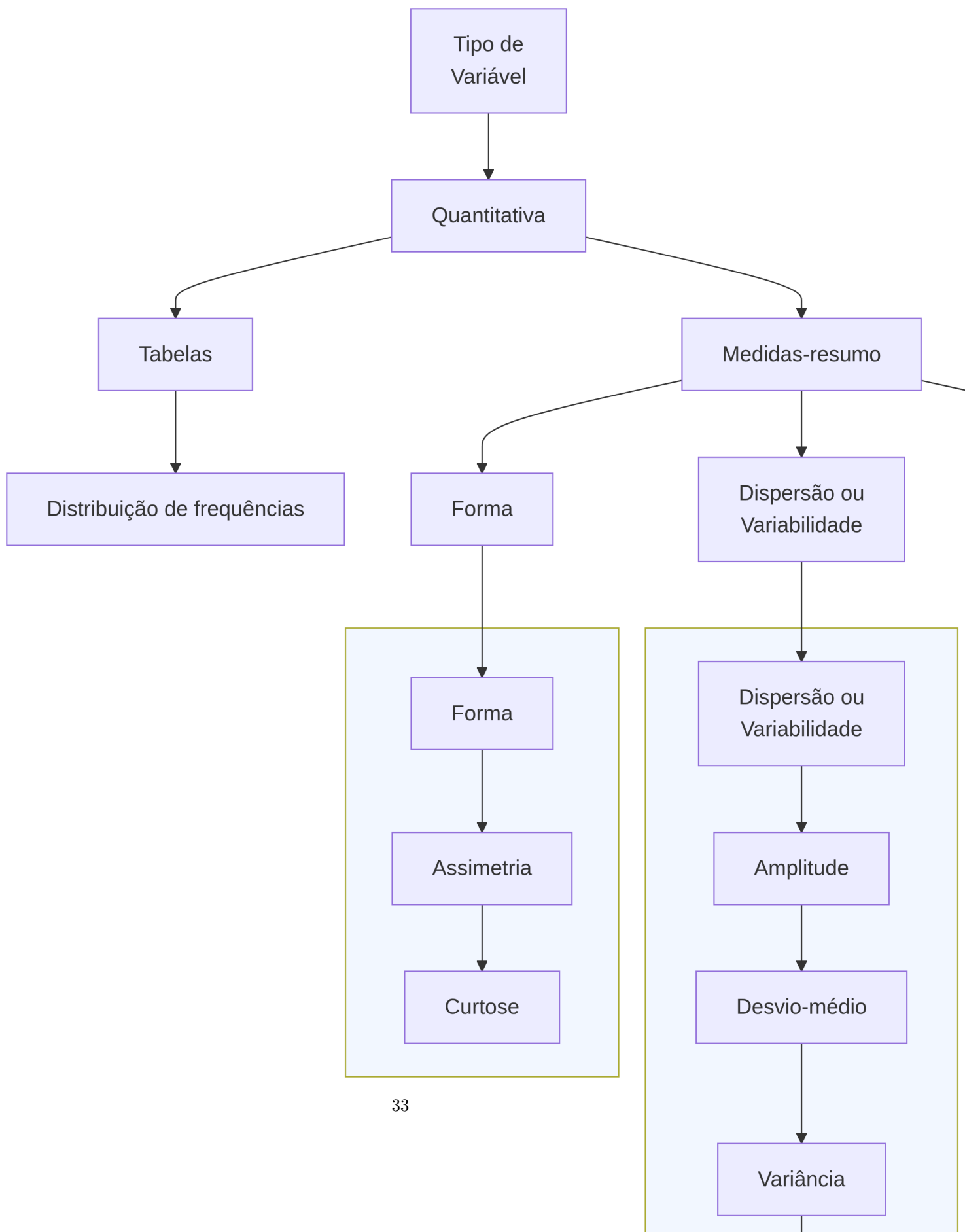
# Estatística descritiva

Estatísticas descritivas fazem parte de todo trabalho de análise de dados. Podemos ver ela como um passo inicial, em que você utiliza técnicas de análise exploratória para entender melhor o comportamento dos seus dados considerando o todo, por meio de tabelas, gráficos e medidas-resumo. Na estatística descritiva univariada buscamos o comportamento de uma variável isolada das demais do conjunto de dados, enquanto nas estatísticas bivariada ou multivariada exploramos o comportamento em conjunto de duas ou mais variáveis.

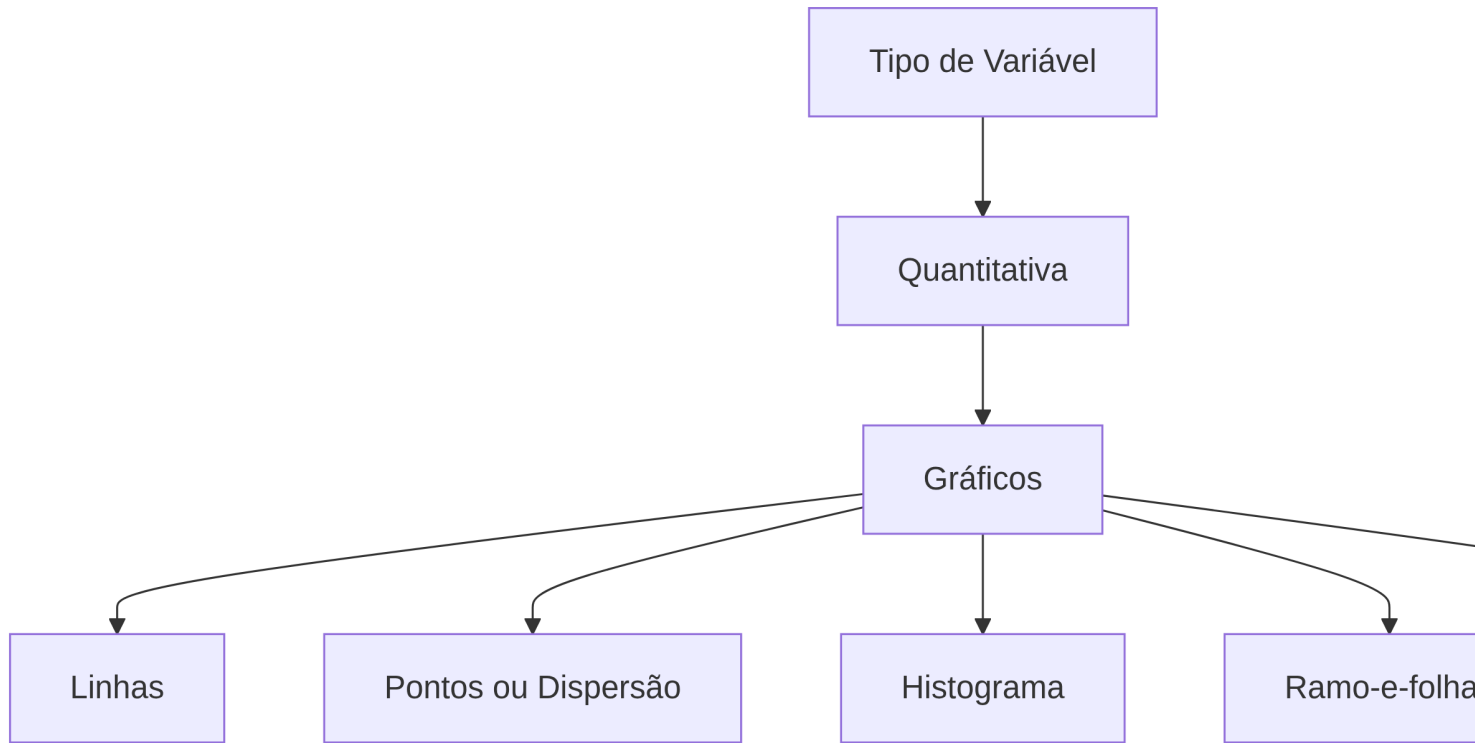
O tipo de variável em estudo irá influenciar na técnica que você escolhe para analisá-la, assim, podemos sintetizar as possibilidades de análise da seguinte forma para estatísticas univariadas:



Estatísticas descritivas univariadas para variáveis qualitativas. Fonte: adaptado de Favaro *et al.* (2017)



Estatísticas descritivas univariadas para variáveis quantitativas (tabelas e medidas-resumo). Fonte: adaptado de Favaro *et al.* (2017)



Estatísticas descritivas univariadas para variáveis quantitativas (gráficos). Fonte: adaptado de Favaro *et al.* (2017)

### 3.1 Tabela de distribuição de frequências

Tabelas de frequências representam o número absoluto ou relativo de ocorrências de uma categoria (variáveis qualitativas), valor (variáveis quantitativas discretas) ou intervalo de valores (variáveis quantitativas contínuas).

Assim, a tabela será composta dos possíveis valores:

- Frequência absoluta ( $F_i$ ): contagem das observações na classe  $i$ ;
- Frequência relativa ( $Fr_i$ ): contagem das observações na classe  $i$  em relação ao total de observações da variável;
- Frequência acumulada ( $F_{ac_i}$ ): soma das observações na classe  $i$  e nas anteriores a ela (só faz sentido se há noção de ordem nos dados);
- Frequência acumulada relativa ( $Fr_{ac_i}$ ): soma das frequências relativas até a classe  $i$  (inclusive);

No caso de variáveis contínuas, para criarmos tabelas de frequências delas, primeiro criamos classes representando intervalos de valores, depois contamos o número de observações em cada intervalo. O número de classes e o intervalo de cada classe é arbitrário, entretanto, Bussab e Morettin (2011) sugerem o seguinte algoritmo para construção da tabela:

1. Ordenar os dados do menor ao maior;
2. Calcular o número de classes ( $k$ ) por

- $k = 1 + 1,33 \times \log_{10} n$  (Equação de Sturges)
  - $k = \sqrt{n}$
  - $n$  é o número de observações e  $k$  deve ser arredondado para o inteiro mais próximo;
3. Calcular o intervalo das classes,  $\Delta_h$ , como  $\Delta_h = \frac{A}{k}$ , em que  $A$  é a amplitude (máximo valor menos o mínimo);
  4. Construa os intervalos iniciando pelo menor valor como primeiro limite inferior e somando  $\Delta_h$  ao limite inferior de cada classe para obter os limites superiores. Cada intervalo, exceto o primeiro, será aberto (exclui) no limite inferior e fechado (inclui) no superior, e o limite inferior das classes após a primeira serão o limite superior da anterior (ex.:  $\{[1, 11], ]11, 21], ]21, 31], ]31, 41]\}$ );
  5. Conte o número de observações que possuem valores dentro de cada intervalo para construir a tabela de frequências.

No R, as tabelas de frequências podem ser obtidas da seguinte forma:

```
ap2 <- read_dta(
  "../datasets/stata/ap2.dta",
  encoding = "UTF-8"
) %>%
as_factor() %>%
mutate(
  vacc_mp = fct_recode(
    vacc_mp,
    "Vacinado" = "vac",
    "Não vacinado" = "not vac."
  )
)

# Qualitativa
tab_frequencias_qualitativa <- ap2 %>%
  count(vacc_mp, name = "Fi") %>%
  mutate(
    Fri = scales::percent(Fi / sum(Fi), accuracy = .1),
    Fac = cumsum(Fi),
    Frac = scales::percent(cumsum(Fi / sum(Fi)), accuracy = .1)
  )

# Quantitativa discreta
tab_frequencias_discreta <- ap2 %>%
  count(parity, name = "Fi") %>%
  mutate(
    Fri = scales::percent(Fi / sum(Fi), accuracy = .1),
    Fac = cumsum(Fi),
    Frac = scales::percent(cumsum(Fi / sum(Fi)), accuracy = .1)
  )

# Quantitativa contínua
classes_k <- round(1 + 3.322 * log10(length(ap2$w_age_t)))
breaks <- floor(seq(min(ap2$w_age_t), max(ap2$w_age_t), length.out = classes_k + 1))
breaks[length(breaks)] <- ceiling(max(ap2$w_age_t))

tab_frequencias_continua <- ap2 %>%
```

```
mutate(
  w_age_t_classificado = cut(w_age_t, breaks = breaks, right = TRUE, include.lowest = TRUE)
) %>%
count(w_age_t_classificado, name = "Fi") %>%
mutate(
  Fri = scales::percent(Fi / sum(Fi), accuracy = .1),
  Fac = cumsum(Fi),
  Frac = scales::percent(cumsum(Fi / sum(Fi)), accuracy = .1)
)

tabela_headers <- c("Classe", "$F_i$", "$Fr_i$", "$F_{ac_i}$", "$Fr_{ac_i}$")

kable(tab_frequencias_qualitativa, col.names = tabela_headers)
```

Tabela 3.1: Distribuição de frequências de uma variável qualitativa

Classe	$F_i$	$Fr_i$	$F_{ac_i}$	$Fr_{ac_i}$
Não vacinado	419	37.6%	419	37.6%
Vacinado	695	62.4%	1114	100.0%

```
kable(tab_frequencias_discreta, col.names = tabela_headers)
```

Tabela 3.2: Distribuição de frequências de uma variável quantitativa discreta

Classe	$F_i$	$Fr_i$	$F_{ac_i}$	$Fr_{ac_i}$
1	199	17.9%	199	17.9%
2	194	17.4%	393	35.3%
3	158	14.2%	551	49.5%
4	157	14.1%	708	63.6%
5	162	14.5%	870	78.1%
6	127	11.4%	997	89.5%
7	50	4.5%	1047	94.0%
8	36	3.2%	1083	97.2%
9	16	1.4%	1099	98.7%
10	9	0.8%	1108	99.5%
11	6	0.5%	1114	100.0%

```
kable(tab_frequencias_continua, col.names = tabela_headers)
```

Tabela 3.3: Distribuição de frequências de uma variável quantitativa contínua

Classe	$F_i$	$Fr_i$	$F_{ac_i}$	$Fr_{ac_i}$
[12,15]	8	0.7%	8	0.7%
(15,18]	62	5.6%	70	6.3%
(18,21]	125	11.2%	195	17.5%
(21,24]	186	16.7%	381	34.2%
(24,28]	244	21.9%	625	56.1%

Classe	$F_i$	$Fr_i$	$F_{ac_i}$	$Fr_{ac_i}$
(28,31]	157	14.1%	782	70.2%
(31,34]	132	11.8%	914	82.0%
(34,37]	99	8.9%	1013	90.9%
(37,40]	68	6.1%	1081	97.0%
(40,44]	28	2.5%	1109	99.6%
(44,48]	5	0.4%	1114	100.0%

## 3.2 Representação gráfica dos dados

Os gráficos hoje são indispensáveis na estatística e análise de dados, servindo como uma ponte entre os dados brutos e seu comportamento em conjunto. Normalmente os usamos para detectar padrões, tendências, anomalias e relações que não seriam percebidos em tabelas ou medidas resumo.

Na análise exploratória de dados (EDA), histogramas, boxplots e gráficos de dispersão permitem identificar a forma da distribuição, detectar outliers e avaliar a simetria. Também usamos gráficos para auxiliar na verificação de suposições de modelos estatísticos, por exemplo, quando criamos um gráfico Q-Q para identificar desvios da normalidade.

Além disso, os gráficos são ferramentas para a comunicação estatística, os quais usamos para traduzir conceitos complexos em representações visuais mais intuitivas e didáticas que facilitem a compreensão por um público que não necessariamente possui um conhecimento formal de estatística, mas que podem ser o alvo dos nossos resultados, por exemplo, um gestor público ou de uma empresa cujas nossas análises poderiam (ou deveriam) trazer uma informações relevantes para aumentar a eficácia de sua administração.

Em contextos como epidemiologia veterinária, um gráfico de série temporal pode sugerir surtos epidêmicos ou sazonalidade de doenças, mapas de calor espaciais podem revelar clusters de casos, indicando os locais para intensificar as ações de defesa sanitária.

Em nossos treinamentos, a maioria dos gráficos serão construídos usando o pacote **ggplot2** do **tidyverse**. Existem muitas fontes de informação para o aprendizado do **ggplot2** e da criação de gráficos no R, porém, deixo aqui duas recomendações que considero como um “guia de bolso” para criação de gráficos no R, que são o livro *R Graphics Cookbook* do Winston Chang (2025), um livro online de acesso aberto com várias explicações sobre a criação de gráficos com o **ggplot2**, e o site [The R Graph Gallery](#) onde você encontra explicações e exemplos de código para a criação dos mais variados gráficos no R.

### 3.2.1 Criação de gráficos no ggplot2

O **ggplot2** implementa os conceitos da *Grammar of Graphics* de Leland Wilkinson, onde gráficos são construídos através de **camadas semânticas**, as quais são combinadas de forma modular e sistemática. Seus principais aspectos são:

- **Decomposição:** Todo gráfico pode ser decomposto em componentes independentes;
- **Composição:** Componentes são combinados usando o operador +;
- **Declarativo:** Você descreve O **QUE** quer, não **COMO** desenhar.

Todo gráfico criado com o **ggplot2** vai depender da seguinte estrutura mínima:

```
ggplot(  
  data = <DATA>,          # 1. Dados (fonte da informação para o gráfico)  
  mapping = aes(<MAPPINGS>) # 2. Mapeamentos estéticos (quais variáveis serão usadas e onde)
```

```
) +  
<GEOM_FUNCTION>()          # 3. Geometria (o que será desenhado)
```

Assim, `ggplot()` inicia a construção do gráfico, indicando às camadas posteriores de construção qual o dataset fonte das variáveis (argumento `data`) e, em geral, como serão mapeadas as variáveis para o gráfico (quem será o eixo das ordenadas? e das abscissas? existem variáveis categóricas que gostaríamos de usar como fonte para as cores do que será apresentado, ou seja, criar subconjuntos?). Iniciado o `ggplot()`, que podemos pensar como um quadro em branco, passamos a de fato desenhar nosso gráfico com `geom_*()` e outras camadas de estilização.

Além desses componentes primários, outros que costumam ser usados na construção de gráficos são:

- **Facets:** Divisão em subgráficos
- **Statistics (stat):** Transformações estatísticas
- **Coordinates (coord):** Sistema de coordenadas
- **Themes:** Aparência não relacionada aos dados
- **Scales:** Controle de mapeamentos

Vamos então observar na prática como é construção do gráfico no `ggplot2`. Iniciamos com `ggplot(data=dados)`, o que gera somente o nosso painel, sem qualquer escala ainda.

```
set.seed(42)  
  
dados <- data.frame(  
  x = rnorm(100, mean = 10, sd = 2),  
  y = rnorm(100, mean = 15, sd = 3),  
  grupo = sample(c("A", "B", "C"), 100, replace = TRUE),  
  tamanho = runif(100, 1, 10)  
)  
  
p_base <- ggplot(dados)  
p_base # Produz apenas o painel vazio
```



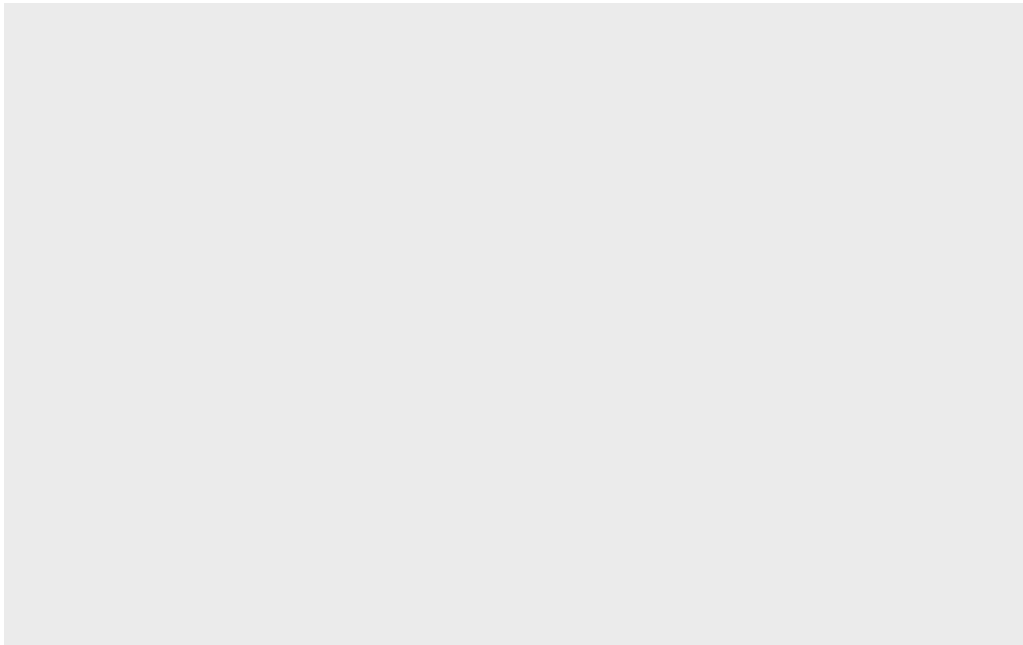


Figura 3.1: Chamada de `ggplot` somente com argumento `data`

O `aes()` pode ser informado no próprio `ggplot`, caso esse mapeamento vá ser usado da mesma forma por todas as demais camadas, ou pode ser informado a cada `geom_*()`, caso seja algo específico daquela geometria. Os principais elementos estéticos definidos no `aes()` são: `x` (eixo das abscissas), `y` (eixo das ordenadas), `color` (cor de delimitação), `fill` (cor de preenchimento), `size` (tamanho), `alpha` (transparência), `shape` (forma), `linetype` (tipo de linha).

```
p_base <- ggplot(dados, aes(x = x, y = y))

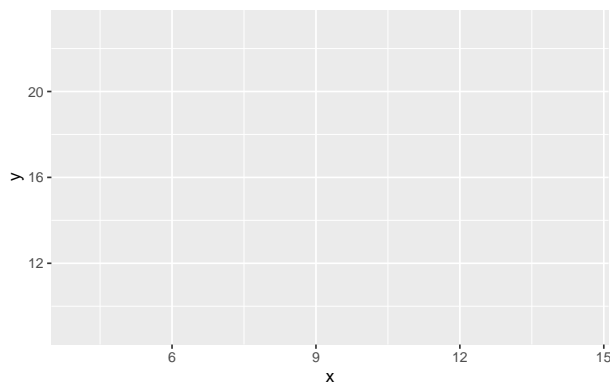
# Mapeamento geral
p1 <- ggplot(dados, aes(x = x, y = y)) +
  geom_point()

# Mapeamento local (na geometria)
p2 <- ggplot(dados) +
  geom_point(aes(x = x, y = y))

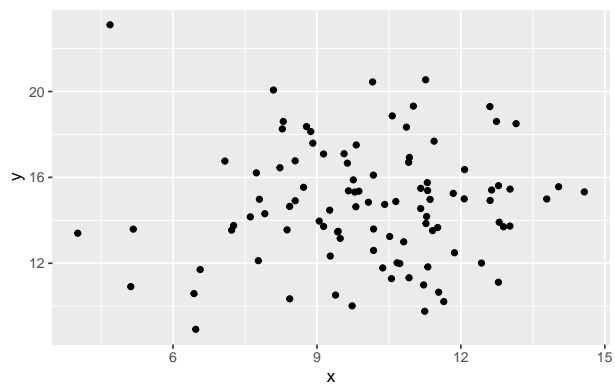
# Mapeamentos múltiplos
p3 <- ggplot(dados, aes(x = x, y = y)) +
  geom_point(aes(color = grupo, size = tamanho), alpha = 0.6) # alpha fixo (não mapeado)
```

p\_base  
p1  
p2  
p3

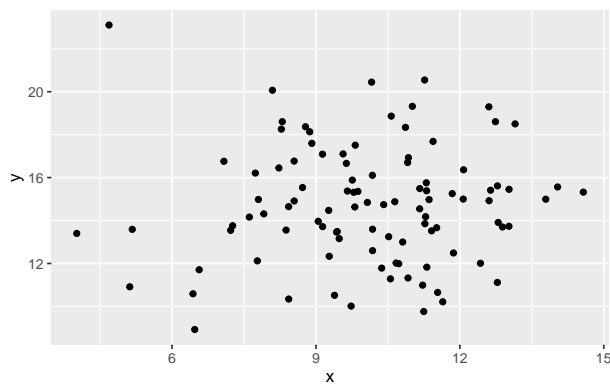
Como já falado, o `ggplot2` segue um sistema de camadas, então cada operação após o `+` adiciona uma nova feição sobre o gráfico e pode inclusive sobrescrever geometrias definidas em operações anteriores, então é



(a) Chamada de `ggplot(dados, aes(x = x, y = y))` sem uma geometria



(a) Chamada de `ggplot(dados, aes(x = x, y = y))` com uma geometria de pontos



(a) `aes()` definidos na geometria  
Uso do `aes()`



(a) `aes()` em diferentes camadas

importante verificar a ordem em que são declarados os aspectos visuais do gráfico. Observe abaixo, como alterar a ordem de declaração das geometrias “esconde” certos pontos no gráfico da esquerda em relação ao da direita.

```
p_ordem1 <- ggplot(dados, aes(x, y)) +
  geom_smooth(method = "lm", se = TRUE, color = "blue", linewidth = 4) +
  geom_point(size = 4, color = "black") # Pontos sobre a linha

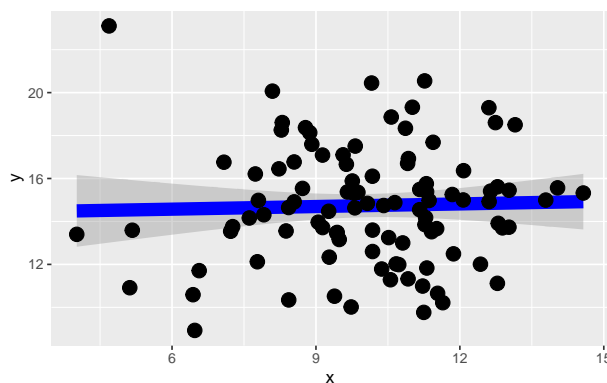
p_ordem2 <- ggplot(dados, aes(x, y)) +
  geom_point(size = 4, color = "black") +
  geom_smooth(method = "lm", se = TRUE, color = "blue", linewidth = 4) # Linha sobre pontos

p_ordem1
```

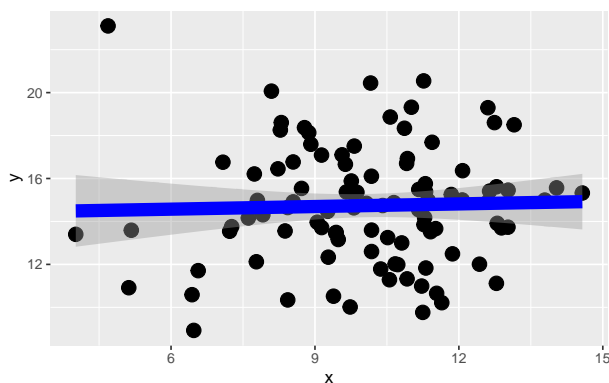
```
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'
```

```
p_ordem2
```

```
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'
```



(a) Chamada de `ggplot() + geom_smooth() + geom_point()`  
Importância de definir a ordem correta das geometrias no seu gráfico.



(a) Chamada de `ggplot() + geom_point() + geom_smooth()`

Quando definimos um `aes()` na chamada de `ggplot()`, ele será herdado pelas demais camadas, porém, ao usarmos ele em uma geometria, ele só será usado nela.

```
p_heranca <- ggplot(dados, aes(x, y, color = grupo)) + # color global
  geom_point(size = 3) +
  geom_smooth(method = "lm", se = FALSE)

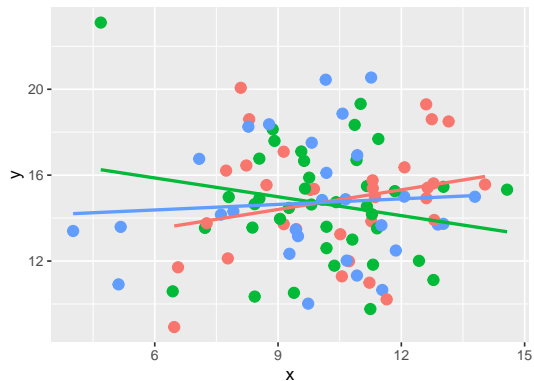
p_sem_heranca <- ggplot(dados, aes(x, y)) +
  geom_point(size = 3, aes(color = grupo)) +
  geom_smooth(method = "lm", se = FALSE)

p_heranca
```

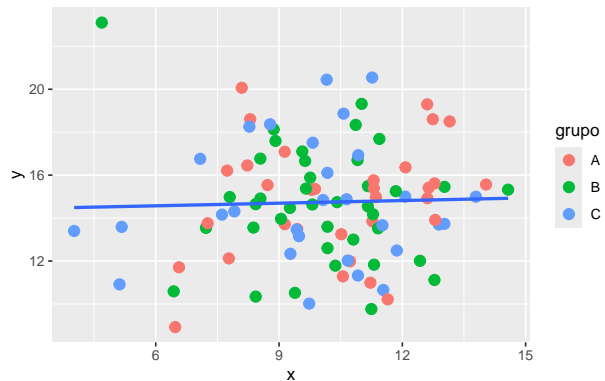
```
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'
```

```
p_sem_heranca
```

```
`geom_smooth()` using formula = 'y ~ x'
```



(a) Herança de `aes()` definido no `ggplot()`.



(a) Herança de `aes()` definido no `ggplot()`.

### 3.3 5. FACETS: PEQUENOS MÚLTIPLOS

```
# facet_wrap: uma variável
p_wrap <- ggplot(dados, aes(x, y)) +
  geom_point(color = "steelblue") +
  geom_smooth(method = "lm", se = FALSE, color = "red") +
  facet_wrap(~ grupo, ncol = 2)

# facet_grid: duas variáveis
dados$categoria <- sample(c("Cat1", "Cat2"), 100, replace = TRUE)

p_grid <- ggplot(dados, aes(x, y)) +
  geom_point(aes(color = tamanho)) +
  facet_grid(categoria ~ grupo)

print(p_grid)
```

### 3.4 6. SCALES: CONTROLE FINO DOS MAPEAMENTOS

```
# Scales controlam como dados são mapeados para aesthetics
p_scales <- ggplot(dados, aes(x, y, color = tamanho)) +
  geom_point(size = 3) +
  scale_x_continuous(
    name = "Variável X",
    limits = c(5, 15),
    breaks = seq(5, 15, 2.5)
  ) +
  scale_y_continuous(
```

```

    name = "Variável Y",
    trans = "sqrt" # Transformação
) +
scale_color_gradient(
  name = "Tamanho",
  low = "blue",
  high = "red",
  limits = c(0, 10)
)

# Scales para variáveis categóricas
p_cat_scales <- ggplot(dados, aes(grupo, y, fill = grupo)) +
  geom_boxplot() +
  scale_fill_manual(
    name = "Grupos",
    values = c("A" = "#E41A1C", "B" = "#377EB8", "C" = "#4DAF4A"),
    labels = c("A" = "Grupo Alpha", "B" = "Grupo Beta", "C" = "Grupo Gamma")
  )

print(p_cat_scales)

```

## 3.5 7. COORDINATES: SISTEMAS DE COORDENADAS

```

# Coordenadas cartesianas (padrão)
p_cart <- ggplot(dados, aes(x = grupo)) +
  geom_bar(fill = "steelblue") +
  coord_cartesian(ylim = c(0, 50)) # Zoom sem remover dados

# Coordenadas polares
p_polar <- ggplot(dados, aes(x = grupo, fill = grupo)) +
  geom_bar(width = 1) +
  coord_polar() # Gráfico de pizza

# Coordenadas invertidas
p_flip <- ggplot(dados, aes(grupo, y)) +
  geom_boxplot() +
  coord_flip() # Inverte x e y

print(p_flip)

```

## 3.6 8. THEMES: APARÊNCIA E ESTILO

```

# Temas predefinidos
p_base <- ggplot(dados, aes(x, y, color = grupo)) +
  geom_point(size = 2)

# Diferentes temas

```

```

p_minimal <- p_base + theme_minimal() + ggtitle("theme_minimal()")
p_classic <- p_base + theme_classic() + ggtitle("theme_classic()")
p_dark <- p_base + theme_dark() + ggtitle("theme_dark()")

# Customização detalhada
p_custom <- p_base +
  theme_minimal() +
  theme(
    # Títulos
    plot.title = element_text(size = 16, face = "bold", hjust = 0.5),
    axis.title = element_text(size = 12, face = "italic"),

    # Legendas
    legend.position = "bottom",
    legend.title = element_text(face = "bold"),

    # Grid
    panel.grid.major = element_line(color = "gray80"),
    panel.grid.minor = element_blank(),

    # Background
    plot.background = element_rect(fill = "white", color = NA),
    panel.background = element_rect(fill = "gray95")
  ) +
  labs(
    title = "Gráfico Customizado",
    subtitle = "Demonstração de elementos de tema",
    x = "Eixo X (unidades)",
    y = "Eixo Y (unidades)",
    color = "Categoria"
  )

print(p_custom)

```

## 3.7 9. ESTATÍSTICAS INTEGRADAS

```

# stat_* realiza transformações estatísticas antes de plotar

# Contagem automática
p_count <- ggplot(dados, aes(grupo)) +
  geom_bar() # Usa stat_count() implicitamente

# Densidade 2D
p_density2d <- ggplot(dados, aes(x, y)) +
  stat_density_2d(aes(fill = ..level..), geom = "polygon", alpha = 0.5) +
  geom_point(color = "white", size = 0.5)

# Resumos estatísticos
p_summary <- ggplot(dados, aes(grupo, y)) +

```

```

stat_summary(
  fun = mean,
  fun.min = function(x) mean(x) - sd(x),
  fun.max = function(x) mean(x) + sd(x),
  geom = "pointrange",
  color = "red",
  size = 1
) +
geom_point(alpha = 0.3)

print(p_summary)

```

## 3.8 10. EXEMPLO COMPLETO: ANÁLISE EPIDEMIOLÓGICA

```

# Simulando dados epidemiológicos
set.seed(123)
n <- 500
dados_epi <- data.frame(
  tempo = rep(1:50, each = 10),
  casos = rpois(500, lambda = rep(exp(seq(2, 4, length.out = 50)), each = 10)),
  regioao = rep(c("Norte", "Sul", "Leste", "Oeste", "Centro"), 100),
  vacinados = sample(c("Sim", "Não"), 500, replace = TRUE, prob = c(0.7, 0.3))
)

# Agregando dados
dados_resumo <- dados_epi %>%
  group_by(tempo, regioao) %>%
  summarise(
    casos_media = mean(casos),
    casos_ic_lower = casos_media - 1.96 * sd(casos)/sqrt(n()),
    casos_ic_upper = casos_media + 1.96 * sd(casos)/sqrt(n()),
    .groups = "drop"
  )

# Gráfico epidemiológico completo
p_epidemia <- ggplot(dados_resumo, aes(x = tempo, y = casos_media)) +
  # Intervalo de confiança
  geom_ribbon(aes(ymin = casos_ic_lower, ymax = casos_ic_upper, fill = regioao),
    alpha = 0.2) +
  # Linha de tendência
  geom_line(aes(color = regioao), size = 1.2) +
  # Pontos
  geom_point(aes(color = regioao), size = 2) +
  # Facets por região
  facet_wrap(~ regioao, scales = "free_y", ncol = 2) +
  # Escalas
  scale_x_continuous(breaks = seq(0, 50, 10)) +
  scale_y_continuous(labels = scales::comma) +
  # Cores

```

```

scale_color_brewer(palette = "Set1") +
scale_fill_brewer(palette = "Set1") +
# Tema e labels
theme_minimal() +
theme(
  legend.position = "none",
  strip.text = element_text(face = "bold", size = 12),
  plot.title = element_text(face = "bold", size = 14, hjust = 0.5),
  plot.subtitle = element_text(hjust = 0.5)
) +
labs(
  title = "Evolução Temporal de Casos por Região",
  subtitle = "Média e IC 95%",
  x = "Tempo (semanas)",
  y = "Número de casos"
)

print(p_epidemia)

```

## 3.9 11. BOAS PRÁTICAS E DICAS

### 3.9.1 Princípios de Design:

```

# 1. Sempre comece simples e adicione complexidade
p_evolucao1 <- ggplot(dados, aes(x, y)) + geom_point()
p_evolucao2 <- p_evolucao1 + aes(color = grupo)
p_evolucao3 <- p_evolucao2 + geom_smooth(method = "lm")
p_evolucao4 <- p_evolucao3 + theme_minimal() + labs(title = "Análise Final")

# 2. Use pipelines para preparar dados
library(dplyr)
dados %>%
  filter(!is.na(y)) %>%
  mutate(grupo_ord = factor(grupo, levels = c("C", "B", "A"))) %>%
  ggplot(aes(x, y, color = grupo_ord)) +
  geom_point()

# 3. Salve gráficos com resolução adequada
ggsave("grafico.png", p_epidemia, width = 10, height = 6, dpi = 300)

```

### 3.9.2 Erros Comuns a Evitar:

- **Overplotting:** Use `alpha`, `geom_jitter()`, ou `geom_hex()`
- **Escalas inadequadas:** Sempre considere transformações quando apropriado
- **Excesso de cores:** Limite a paleta a 5-7 cores distinguíveis
- **Legendas redundantes:** Remova com `theme(legend.position = "none")` quando desnecessário

O ggplot2 é uma ferramenta poderosa que permite criar visualizações desde simples até altamente complexas seguindo princípios sistemáticos. A chave é entender a gramática subjacente e construir gráficos incrementalmente através de camadas bem definidas.



- Estatística descritiva univariada
  - Representação gráfica dos dados
  - Representação gráfica para variáveis qualitativas
    - \* Gráfico de barras
    - \* Gráfico de setores ou pizza
    - \* Diagrama de Pareto
  - Representação gráfica para variáveis quantitativas
    - \* Gráfico de linhas
    - \* Gráfico de pontos ou dispersão
    - \* Histograma
    - \* Gráfico de ramo-e-folhas
    - \* Boxplot ou diagrama de caixa
  - Medidas-resumo
    - \* Medidas de posição ou localização
      - Medidas de tendência central
      - Medidas separatrizes
      - Identificação de existência de outliers univariados
    - \* Medidas de dispersão ou variabilidade
      - Amplitude
      - Desvio-médio
      - Variância
      - Desvio-padrão
      - Erro-padrão
      - Coeficiente de variação
  - Medidas de forma
    - \* Medidas de assimetria
    - \* Medidas de curtose
- Estatística descritiva bivariada
  - Associação entre duas variáveis qualitativas
    - \* Tabelas de distribuição conjunta de frequências
  - Medidas de associação
    - \* Estatística qui-quadrado
    - \* Outras medidas de associação baseadas no qui-quadrado
    - \* coeficiente de Spearman
  - Correlação entre duas variáveis quantitativas
    - \* Tabelas de distribuição conjunta de frequências
    - \* Representação gráfica por meio de um diagrama de dispersão
  - Medidas de correlação
    - \* Covariância
    - \* Coeficiente de correlação de Pearson