Introdução ao R

Renato de Paula

2024-09-04

Contents

Chapter 1

Prefácio

Este material, "Introdução ao R", foi desenvolvido com o objetivo de servir como um guia acessível e prático para os alunos do curso de Laboratório de Estatística I - Introdução à Simulação da Faculdade de Ciências da Universidade de Lisboa. Reconhecendo a importância cada vez maior da análise de dados na ciência moderna, o material aqui apresentado busca introduzir os conceitos fundamentais e as funcionalidades do R, uma ferramenta poderosa e amplamente utilizada na análise estatística.

Ao longo deste material, os leitores serão guiados através de uma série de tópicos essenciais, desde a instalação do software e a navegação no ambiente RStudio, até o manuseio de estruturas de dados complexas e a criação de gráficos sofisticados. Cada capítulo foi estruturado de forma a proporcionar uma compreensão sólida dos conceitos abordados, combinando explicações teóricas com exemplos práticos e exercícios que reforçam o aprendizado.

Este material foi elaborado para atender às necessidades dos alunos, independentemente de seu nível de experiência prévia em Estatística. Seja para aqueles que estão começando seus estudos ou para aqueles que já têm alguma familiaridade com o tema, o material proporciona uma abordagem estruturada que facilita a compreensão e a aplicação dos conceitos estatísticos. Acreditamos que, ao final deste curso, os alunos terão adquirido uma base sólida que lhes permitirá aplicar técnicas estatísticas em diversas áreas do conhecimento, usando o R de forma eficiente como uma ferramenta essencial para suas análises de dados.

Chapter 2

R e RStudio

O R é um software de código aberto desenvolvido como uma implementação gratuita da linguagem S, que foi concebida especificamente para computação estatística, programação estatística e geração de gráficos. A principal intenção era proporcionar aos usuários a capacidade de explorar dados de maneira intuitiva e interativa, utilizando representações gráficas significativas para facilitar a compreensão dos dados. O software estatístico R foi originalmente criado por Ross Ihaka e Robert Gentleman, da Universidade de Auckland, Nova Zelândia.

O R oferece um conjunto integrado de ferramentas para manipulação de dados, cálculo e visualização gráfica. Ele oferece:

- Manipulação eficiente de dados e armazenamento flexível;
- Operadores poderosos para cálculos em arrays e matrizes;
- Uma coleção abrangente, coerente e integrada de ferramentas para análise de dados;
- Recursos gráficos avançados para análise e visualização de dados, seja na tela ou em cópia impressa;
- Uma linguagem de programação robusta, intuitiva e eficaz, que inclui estruturas condicionais, loops, funções recursivas definidas pelo usuário, além de recursos de entrada e saída de dados.

2.1 Instalação e funcionalidades básicas

- A versão base do R, que inclui o conjunto fundamental de comandos e funções, pode ser baixada diretamente do site oficial: https://www.r-project.org/. Após instalar o R, é altamente recomendável instalar também um ambiente de desenvolvimento integrado (IDE) para facilitar o trabalho com o código R. Um IDE permite ao usuário escrever, salvar e

organizar scripts de código R de forma mais eficiente, além de executar comandos diretamente no Console do R e gerenciar configurações e saídas de forma conveniente. Uma escolha popular de IDE é o RStudio, que é gratuito e pode ser baixado em https://www.rstudio.com/.

- Além do conjunto base de funções, o R oferece uma vasta gama de pacotes adicionais desenvolvidos pela comunidade de usuários. Esses pacotes podem ser instalados diretamente pelo Console do R ou por meio do menu do RStudio. Para instalar um pacote no Console, você pode usar a função `install.packages("nome_do_pacote")`. É importante lembrar que para instalar pacotes, é necessário estar conectado à internet. Para visualizar todos os pacotes já instalados no seu ambiente R, você pode utilizar a função `installed.packages()`.

2.2 Navegando no RStudio

Existem quatro painéis principais no ambiente de trabalho do RStudio:

- **Editor/Scripts**. Este painel é utilizado para criar, carregar e exibir scripts de código R. Ele oferece recursos como realce de sintaxe, preenchimento automático e a capacidade de executar o código linha por linha ou em blocos, o que facilita a edição e depuração do código.

- **Console**. No Console, os comandos são executados diretamente. Ele funciona de maneira semelhante ao console padrão do R, mas com melhorias significativas, como realce de sintaxe, preenchimento automático de código e integração com os demais painéis do RStudio. O Console é o local ideal para testes rápidos e execução de comandos imediatos.

- **Environment/Histórico**. O painel "Environment" (Ambiente) exibe informações sobre os objetos atualmente carregados na sessão do R, como conjuntos de dados, funções definidas pelo usuário e outras variáveis. Isso ajuda a gerenciar e visualizar o conteúdo da memória de trabalho. A aba "History" (Histórico) armazena todos os comandos executados durante a sessão, permitindo fácil recuperação e reutilização de códigos anteriores.

- **Painel Inferior Direito**. Este painel é multifuncional e contém várias abas úteis:

- **Files** (Arquivos): lista todos os arquivos no diretório de trabalho atual.

- **Plots** (Gráficos): exibe quaisquer gráficos gerados durante a análise.

- **Packages** (Pacotes): permite visualizar os pacotes instalados e carregados na sessão.

- **Help** (Ajuda): fornece acesso ao sistema de ajuda embutido em HTML, que oferece documentação detalhada sobre funções e pacotes.
- **Viewer** (Visualizador): utilizado para visualizar documentos HTML, PDFs e outros conteúdos dentro do RStudio.

2.3 Atalhos

- **CTRL+ENTER**: executa a(s) linha(s) de código selecionada(s) no script.
- **ALT+-**: insere o operador de atribuição (`<-`) no script.
- **CTRL+SHIFT+M**: (%>%) operador pipe no script.
- **CTRL+1**: move o cursor para o painel de script.
- **CTRL+2**: move o cursor para o console.
- **CTRL+ALT+I**: insere um novo "chunk" de código no R Markdown.
- **CTRL+SHIFT+K**: compila um documento R Markdown.
- **ALT+SHIFT+K**: abre uma janela com todos os atalhos de teclado disponíveis.

No MacBook, os atalhos geralmente são os mesmos, substituindo o **CTRL** por **Command** e o **ALT** por **Option**.

Chapter 3

R como Calculadora e Operações Aritméticas

A Estatística está intimamente ligada à Álgebra, especialmente no que diz respeito ao uso de matrizes e vetores para representar conjuntos de dados e variáveis. No R, essas estruturas de dados são amplamente utilizadas para facilitar a manipulação e a análise estatística. Por isso, é importante primeiro entender como o R lida com essas estruturas antes de avançar para comandos estatísticos mais específicos.

3.1 O Prompt do R

O R utiliza uma interface de linha de comando para executar operações e aceitar comandos diretamente. Essa interface é marcada pelo símbolo >, conhecido como o **prompt**. Quando você digita um comando após o prompt e pressiona Enter, o R interpreta o comando, executa a operação correspondente e exibe o resultado na tela.

```
print("Meu primeiro comando no R!")
## [1] "Meu primeiro comando no R!"
```

Nas notas de aula, o código R digitado no console é exibido em caixas cinzas. Quando você vê o símbolo ## no início de uma linha, ele indica o resultado (output) gerado pelo console R após a execução do código.

No R, o caractere `#` é utilizado para inserir comentários no código. Qualquer texto que aparece após `#` na mesma linha é ignorado pelo R durante a execução. Comentários são úteis para adicionar explicações ou anotações no código, como no exemplo abaixo:

```
# Meu primeiro comando no R!
```

Se você conhece o nome de uma função e deseja aprender mais sobre como ela funciona, pode utilizar o comando `?` seguido do nome da função para acessar a documentação de ajuda correspondente. Por exemplo:

```
?sum
```

Este comando abrirá a página de ajuda para a função `sum`, que é usada para calcular a soma de elementos.

Além disso, o R oferece uma forma prática de visualizar exemplos de como uma função pode ser utilizada. Para ver exemplos de uso de uma função, você pode usar o comando `example()` com o nome da função como argumento:

```
example(sum)
```

Este comando mostrará exemplos de aplicação da função `sum`, ajudando a entender melhor como ela pode ser usada em diferentes contextos.

3.2 Objetos e Variáveis

Em R, um **objeto** é uma unidade de armazenamento que pode conter diferentes tipos de dados ou funções, e é referenciado por um nome. Esses dados podem incluir números, caracteres, vetores, matrizes, data frames, listas ou até mesmo funções. Objetos são criados e manipulados através de comandos, permitindo que seus valores sejam reutilizados em qualquer parte do código. Em resumo, tudo o que é criado ou carregado na sessão do R, como dados ou funções, é considerado um objeto.

3.2.1 O que é uma Variável?

Uma **variável** é um nome ou identificador associado a um objeto. Quando você cria uma variável, está, na verdade, criando um "rótulo" que aponta para o objeto armazenado na memória. Assim, uma variável é o nome que você usa para acessar os dados ou funções armazenados no objeto. Ela permite manipular e referenciar o objeto de maneira conveniente ao longo do seu script ou análise.

3.2.2 Atribuições

- A expressão `x <- 10` cria uma variável chamada `x` e atribui a ela o valor 10. Observe que o operador de atribuição `<-` atribui o valor do lado direito

à variável do lado esquerdo. O lado esquerdo deve conter apenas um único nome de variável.

- Também é possível realizar atribuições usando o sinal de igualdade `=` ou o operador `->`. No entanto, para evitar confusões entre o operador de atribuição e o operador de igualdade, é recomendável usar `<-` para atribuições.

```
# Atribuição correta
a <- 10
b <- a + 1
```

```
# Atribuição incorreta
10 = a
a + 2 = 10 # Uma atribuição não é uma equação
```

- O comando `c(1,2,3,4,5)` combina os números 1, 2, 3, 4 e 5 em um vetor, criando uma sequência de valores.
- Vetores podem ser atribuídos a objetos. Por exemplo:

```
X <- c(2,12,22,32)
```

Essa linha de código atribui um vetor numérico de comprimento 4 ao objeto `X`. Lembre-se de que o R é sensível a maiúsculas e minúsculas, o que significa que `X` e `x` são considerados dois objetos distintos.

Ao definir objetos no console, você está modificando o espaço de trabalho atual. Para visualizar todas as variáveis e objetos atualmente salvos em seu espaço de trabalho, você pode usar o comando:

```
ls()
```

No RStudio, a aba *Environment* mostra todos os objetos e valores presentes no espaço de trabalho.

3.2.3 Regras para definição de variáveis

Os nomes de variáveis em R devem começar com uma letra ou um ponto final (desde que o ponto final seja seguido por uma letra) e podem incluir letras, números, pontos e sublinhados.

- O nome de uma variável **não pode** conter espaços ou caracteres especiais (como @, #, $, %). Somente letras, números, pontos e sublinhados (_) são permitidos. Exemplo de nome válido: `nome_cliente2`.

- Ao definir nomes de variáveis, **não é permitido** usar palavras reservadas do R. Palavras reservadas são termos que têm um significado especial no R e não podem ser redefinidos. Exemplos de palavras reservadas incluem: `if`, `else`, `for`, `while`, `class`, `FALSE`, `TRUE`, `exp`, `sum`.
- O R diferencia letras maiúsculas de minúsculas, o que significa que `fcul` e `Fcul` são tratadas como variáveis diferentes. Uma convenção comum é usar letras minúsculas para nomes de variáveis e separar palavras com sublinhados. Exemplo: `faculdade_de_ciencias`.
- Escolha nomes de variáveis que descrevam claramente a sua finalidade para que o código seja mais legível e compreensível. Por exemplo, use `nome` em vez de `x`.

```
idade <- 20
Idade <- 30
```

Neste exemplo, `idade` e `Idade` são duas variáveis diferentes devido à diferenciação entre letras maiúsculas e minúsculas.

3.2.4 Tipos de Dados

Em R, variáveis podem armazenar diferentes tipos de dados, incluindo:

- **Numeric**: números inteiros ou decimais. Exemplo: `42`, `3.14`.
- **Character**: sequências de caracteres (texto). Exemplo: `"Olá"`.
- **Logical**: valores booleanos que representam verdadeiro ou falso. Exemplo: `TRUE`, `FALSE`.
- **Vectors**: coleções de elementos do mesmo tipo. Exemplos: `c(1, 2, 3)` para números, `c("a", "b", "c")` para caracteres.
- **Data Frames**: estruturas de dados tabulares que contêm linhas e colunas, semelhantes a uma tabela de banco de dados ou a uma planilha.
- **Lists**: coleções que podem conter elementos de diferentes tipos, como números, caracteres, vetores, e até mesmo outros data frames.
- **Factors**: variáveis categóricas que representam dados categóricos e são armazenadas como inteiros. Eles são especialmente úteis para análises estatísticas que envolvem dados categóricos.

```
# Numeric
a <- 3.14

# Character
b <- "Programação R"

# Logical
```

```r
c <- 3 < 2

# Vectors
d <- c(1, 2, 3)
```

3.2.5 Comandos Importantes

Abaixo estão alguns comandos úteis para manipular variáveis e objetos no R:

```r
ls() # Exibe a lista de variáveis atualmente armazenadas na memória

ls.str() # Mostra a estrutura das variáveis armazenadas na memória

rm(a) # Remove o objeto 'a' da memória

rm(list=ls()) # Remove todos os objetos da memória

save.image('nome-do-arquivo.RData') # Salva o espaço de trabalho atual em um arquivo .RData
```

3.3 Operadores Aritméticos em R

Operador	Descrição	Exemplo
+	Adiciona dois valores	`5 + 2` resulta em 7
-	Subtrai dois valores	`5 - 2` resulta em 3
*	Multiplica dois valores	`5 * 2` resulta em 10
/	Divide dois valores (sem arredondamento)	`5 / 2` resulta em 2.5
%/%	Realiza divisão inteira	`5 %/% 2` resulta em 2
%%	Retorna o resto da divisão	`5 %% 2` resulta em 1
^	Realiza exponenciação	`5 ^ 2` resulta em 25

Exemplos:

```r
1+1
## [1] 2

5-2
## [1] 3

5*21
```

```
## [1] 105

sqrt(9)
## [1] 3

3^3
## [1] 27

3**3
## [1] 27

log(9)
## [1] 2.197225

log10(9)
## [1] 0.9542425

exp(1)
## [1] 2.718282

# prioridade de resolução
19 + 26 /4 -2 *10
## [1] 5.5

((19 + 26) /(4 -2))*10
## [1] 225
```

Ao contrário de funções simples como `ls()`, a maioria das funções no R requer um ou mais *argumentos*. Nos exemplos acima, utilizamos funções predefinidas do R como `sqrt()`, `log()`, `log10()` e `exp()`, que aceitam argumentos específicos.

3.3.1 Controle da Quantidade de Dígitos Mostrados

O R permite ajustar a precisão dos números exibidos alterando a configuração global de dígitos. Veja o exemplo a seguir:

```
exp(1)
## [1] 2.718282

options(digits = 20)
exp(1)
## [1] 2.7182818284590450908
```

```
options(digits = 3)
exp(1)
## [1] 2.72
```

3.3.2 Objetos Predefinidos, Infinito, Indefinido e Valores Ausentes

O R inclui diversos conjuntos de dados predefinidos que podem ser usados para prática e teste de funções. Para visualizar todos os conjuntos de dados disponíveis, digite:

```
data()
```

Este comando exibe uma lista de nomes de objetos para cada conjunto de dados disponível. Esses conjuntos de dados podem ser utilizados diretamente apenas digitando seu nome no console. Por exemplo, ao digitar:

```
co2
```

O R exibirá os dados de concentração atmosférica de CO2 coletados em Mauna Loa.

Além dos conjuntos de dados, o R também possui objetos predefinidos que representam constantes matemáticas, como `pi` para o número π e `Inf` para o ∞.

```
pi
## [1] 3.14

1/0
## [1] Inf

2*Inf
## [1] Inf

-1/0
## [1] -Inf

0/0
## [1] NaN

0*Inf
## [1] NaN
```

```
Inf - Inf
## [1] NaN

sqrt(-1)
## Warning in sqrt(-1): NaNs produced
## [1] NaN

c(1,2,3,NA,5)
## [1]  1  2  3 NA  5

mean(c(1,2,3,NA,5))
## [1] NA

mean(c(1,2,3,NA,5), na.rm = TRUE)
## [1] 2.75

x <- c(1, 2, NaN, 4, 5)
y <- c(1, 2, NA, 4, 5)

# Note que isso não funciona
y == NA
## [1] NA NA NA NA NA

# E isso também não
y == "NA"
## [1] FALSE FALSE    NA FALSE FALSE

is.na(x)
## [1] FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE

is.nan(x)
## [1] FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE

is.na(y)
## [1] FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE

is.nan(y)
## [1] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE

# Operações com NaN e NA
sum(x)  # Retorna: NaN, porque a soma envolve um NaN
## [1] NaN

sum(y)  # Retorna: NA, porque a soma envolve um NA
## [1] NA
```

```r
sum(x, na.rm = TRUE)  # Retorna: 12, ignora NaN na soma
## [1] 12

sum(y, na.rm = TRUE)  # Retorna: 12, ignora NA na soma
## [1] 12
```

- **NaN** (Not a Number): Representa resultados indefinidos de operações matemáticas. Por exemplo, operações como `0/0` ou `sqrt(-1)` geram um `NaN` porque o resultado não é um número real. No R, `NaN` é tecnicamente um tipo especial de `NA` que indica especificamente um resultado numérico indefinido.
- **NA** (Not Available): Indica dados ausentes ou valores que não estão disponíveis em um conjunto de dados. Por exemplo, em um vetor de dados, se um valor está ausente ou não foi medido, ele é representado por `NA`. Ao contrário de `NaN`, `NA` é utilizado para representar qualquer tipo de dado ausente, não apenas valores numéricos.

3.3.3 Lidando com NaN e NA em Operações

Ao trabalhar com dados, é importante saber como lidar com `NaN` e `NA` para evitar erros inesperados. Funções como `mean()` e `sum()` podem retornar `NA` ou `NaN` se contiverem esses valores. Para ignorar `NA` ou `NaN` ao realizar cálculos, você pode usar o argumento `na.rm = TRUE`, que remove os valores ausentes ou indefinidos da operação.

```r
mean(c(1, 2, 3, NA, 5), na.rm = TRUE)  # Calcula a média ignorando NA
## [1] 2.75

sum(x, na.rm = TRUE)  # Soma ignorando NaN
## [1] 12

sum(y, na.rm = TRUE)  # Soma ignorando NA
## [1] 12
```

3.3.4 Funções Úteis para Detectar NaN e NA

Para verificar a presença de `NA` ou `NaN` em um vetor ou conjunto de dados, você pode usar as funções `is.na()` e `is.nan()`. A função `is.na()` identifica todos os valores que são `NA` ou `NaN`, enquanto `is.nan()` identifica especificamente valores que são `NaN`.

```r
is.na(x)
## [1] FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE

is.nan(x)
## [1] FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE

is.na(y)
## [1] FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE

is.nan(y)
## [1] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
```

Estas funções são úteis para limpar e preparar dados antes de realizar análises estatísticas, garantindo que os cálculos sejam precisos e significativos.

3.3.5 Tipagem Dinâmica em R

Em R, o tipo de uma variável é determinado dinamicamente com base no valor atribuído a ela. Isso significa que o R automaticamente define o tipo de dado de uma variável quando você atribui um valor a ela.

```r
x <- 5
class(x)
## [1] "numeric"

y <- "Cinco"
class(y)
## [1] "character"

z <- TRUE
class(z)
## [1] "logical"
```

- A função `class()` retorna a **classe** de um objeto em R. A classe de um objeto determina como ele será tratado pelas funções e operações que podem ser aplicadas a ele. Por exemplo, vetores, matrizes, data frames e listas são diferentes classes de objetos em R, cada uma com suas próprias características e métodos.
- A função `typeof()` em R é usada para retornar o **tipo de armazenamento interno** de um objeto. Ela fornece informações detalhadas sobre como os dados são representados na memória do computador.

```r
x <- 1:10
class(x)
## [1] "integer"

typeof(x)
## [1] "integer"

y <- c(1.1, 2.2, 3.3)
class(y)
## [1] "numeric"

typeof(y)
## [1] "double"

z <- data.frame(a = 1:3, b = c("A", "B", "C"))
class(z)
## [1] "data.frame"

typeof(z)
## [1] "list"

w <- list(a = 1, b = "text")
class(w)
## [1] "list"

typeof(w)
## [1] "list"
```

Neste exemplo, `class(x)` e `typeof(x)` ambos retornam "integer" para um vetor de inteiros, enquanto `class(y)` retorna "numeric" para um vetor de números de ponto flutuante, e `typeof(y)` retorna "double", mostrando o tipo específico de armazenamento na memória. Para um data.frame, `class(z)` retorna "data.frame", enquanto `typeof(z)` retorna "list", indicando que os data frames são armazenados internamente como listas.

3.3.6 Conversão entre Tipos de Dados

Em R, é possível converter uma variável de um tipo de dado para outro usando funções de conversão. Isso é especialmente útil quando se trabalha com dados que podem ter sido importados de fontes externas e precisam ser manipulados ou analisados de diferentes maneiras.

```r
# Convertendo um inteiro em uma string (caractere)
a <- 15
```

```r
b <- as.character(15)
print(b)
## [1] "15"

# Convertendo um número de ponto flutuante (float) em um inteiro
x <- 1.5
y <- as.integer(x)
print(y)
## [1] 1

# Convertendo uma string em um número (float)
z <- "10"
w <- as.numeric(z)
print(w)
## [1] 10
```

Essas funções de conversão são essenciais quando há necessidade de manipular diferentes tipos de dados de forma eficiente em análises estatísticas e outras operações de programação.

3.4 Funções `print()`, `readline()`, `paste()` e `cat()`

No R, existem várias funções úteis para exibir, receber e concatenar informações. Aqui estão algumas das mais comuns:

- `print()`: Utilizada para exibir valores e resultados de expressões no console. É a função básica para mostrar a saída de dados no R.
- `readline()`: Usada para receber entradas do usuário via teclado. Esta função permite que o script pause e aguarde a entrada do usuário.
- `paste()`: Utilizada para concatenar (combinar) sequências de caracteres (strings) com um separador específico entre elas. Por padrão, o separador é um espaço.
- `paste0()`: Semelhante a `paste()`, mas concatena strings sem qualquer separador.
- `cat()`: Usada para concatenar e exibir uma ou mais strings ou valores de uma forma direta, sem estruturas de formatação adicionais como aspas. Ao contrário de `print()`, `cat()` não retorna o resultado em uma nova linha.

Exemplo 1:

```
nome1 <- "faculdade"
nome2 <- "ciências"
print(paste(nome1, nome2))
## [1] "faculdade ciências"
```

Neste exemplo, `paste()` concatena as duas strings com um espaço entre elas.

Exemplo 2:

```
# Solicitar entrada do usuário
n <- readline(prompt = "Digite um número: ")

# Converta a entrada em um valor numérico
n <- as.integer(n)

# Imprima o valor no console
print(n+1)
```

Aqui, `readline()` recebe a entrada do usuário, e `as.integer()` converte essa entrada para um número inteiro. O resultado é incrementado em 1 e exibido.

Exemplo 3:

```
# Solicitar entrada do usuário
nome <- readline(prompt = "Entre com o seu nome: ")

# Imprima uma mensagem de saudação
cat("Olá, ",nome, "!")
```

O uso de `cat()` aqui é para exibir uma mensagem de saudação que inclui o nome do usuário.

Exemplo 4:

```
# Solicitar ao usuário a entrada numérica
idade <- readline(prompt = "Digite a sua idade: ")

# Converta a entrada em um valor numérico
idade <- as.numeric(idade)

# Verifique se a entrada é numérica
if (is.na(idade)) {
cat("Entrada inválida. Insira um valor numérico.\n")
} else {
  cat("Você tem ", idade, " anos.\n")
}
```

Este exemplo mostra como verificar se a entrada é numérica usando `is.na()` e fornecer feedback apropriado ao usuário.

Concatenando Strings

```
result <- paste("Hello", "World")
print(result)
## [1] "Hello World"
```

Concatenando Múltiplas Strings

```
result <- paste("Data", "Science", "with", "R")
print(result)
## [1] "Data Science with R"
```

Concatenando Strings com um Separador Específico

```
result <- paste("2024", "04", "28", sep="-")
print(result)
## [1] "2024-04-28"
```

Concatenando Vetores de Strings

```
first_names <- c("Anna", "Bruno", "Carlos")
last_names <- c("Smith", "Oliveira", "Santos")
result <- paste(first_names, last_names)
print(result)
## [1] "Anna Smith"     "Bruno Oliveira" "Carlos Santos"
```

Concatene com cada elemento de um vetor

```
numbers <- 1:3
result <- paste("Number", numbers)
print(result)
## [1] "Number 1" "Number 2" "Number 3"
```

Usando `paste0()` para Concatenar sem Espaço

```
result <- paste0("Hello", "World")
print(result)
## [1] "HelloWorld"
```

Concatenando Strings com Números

```r
age <- 25
result <- paste("I am", age, "years old")
print(result)
## [1] "I am 25 years old"
```

3.5 Operadores Lógicos e Relacionais

Em R, operadores lógicos e relacionais são utilizados para realizar comparações e tomar decisões com base nos resultados dessas comparações. Esses operadores são fundamentais para a construção de estruturas de controle de fluxo, como instruções condicionais (`if`, `else`) e loops (`for`, `while`).

3.5.1 Operadores Lógicos

Os operadores lógicos são usados para combinar ou modificar condições lógicas, retornando valores booleanos (`TRUE` ou `FALSE`).

- `&` (E lógico): Retorna `TRUE` se **todas** as expressões forem verdadeiras.
- `|` (OU lógico): Retorna `TRUE` se **pelo menos uma** das expressões for verdadeira.
- `!` (Não lógico): Inverte o valor de uma expressão booleana, transformando `TRUE` em `FALSE` e vice-versa.

Exemplos:

```r
(5 > 3) & (4 > 2)   # Ambas as condições são verdadeiras
## [1] TRUE

(5 < 3) | (4 > 2)   # Apenas uma condição é verdadeira
## [1] TRUE

!(5 > 3)            # Inverte o valor lógico de TRUE para FALSE
## [1] FALSE
```

3.5.2 Operadores Relacionais

Os operadores relacionais são usados para comparar valores e retornam valores lógicos (`TRUE` ou `FALSE`) com base na comparação.

- `a == b`: Verifica se “a” é igual a “b”.

- `a != b`: Verifica se "a" é diferente de "b".
- `a > b`: Verifica se "a" é maior que "b".
- `a < b`: Verifica se "a" é menor que "b".
- `a >= b`: Verifica se "a" é maior ou igual a "b".
- `a <= b`: Verifica se "a" é menor ou igual a "b".
- `is.na(a)`: Verifica se "a" é um valor ausente (NA).
- `is.null(a)`: Verifica se "a" é nulo (NULL).

Exemplos:

```
# Maior que
2 > 1
## [1] TRUE

1 > 2
## [1] FALSE

# Menor que
1 < 2
## [1] TRUE

# Maior ou igual a
0 >= (2+(-2))
## [1] TRUE

# Menor ou igual a
1 <= 3
## [1] TRUE

# Conjunção E (ambas as condições devem ser verdadeiras)
9 > 11 & 0 < 1
## [1] FALSE

# Disjunção OU (pelo menos uma condição deve ser verdadeira)
6 < 5 | 0>-1
## [1] TRUE

# Igual a
1 == 2/2
## [1] TRUE

# Diferente de
1 != 2
## [1] TRUE
```

3.6 Exercícios

1. Escreva um programa em R que leia dois inteiros inseridos pelo usuário e imprima:

- A soma dos dois números.
- O produto dos dois números.
- A diferença entre o primeiro e o segundo número.
- A divisão do primeiro pelo segundo número.
- O resto da divisão do primeiro pelo segundo.
- O resultado do primeiro número elevado à potência do segundo.

Dica: Use as funções `readline()` para entrada de dados e `as.integer()` para conversão de tipos.

2. Escreva um programa em R que leia dois números de ponto flutuante (números decimais) e imprima:

- A soma dos dois números.
- A diferença entre os dois números.
- O produto dos dois números.
- O resultado do primeiro número elevado à potência do segundo.

Dica: Use `as.numeric()` para converter a entrada para números de ponto flutuante.

3. Escreva um programa em R que leia uma distância em milhas inserida pelo usuário e a converta para quilômetros usando a fórmula: $K = M * 1.609344$.

Dica: Lembre-se de usar `as.numeric()` para converter a entrada para um número.

4. Escreva um programa em R que leia três inteiros correspondentes ao comprimento, largura e altura de um paralelepípedo, e imprima seu volume.

5. Escreva um programa em R que leia três inteiros e imprima a média dos três números.

6. Escreva um programa em R que leia uma temperatura em graus Fahrenheit e a converta para graus Celsius usando a fórmula:: $C = \frac{F-32}{1.8}$.

7. Escreva um programa em R que leia uma hora no formato de 24 horas e imprima a hora correspondente no formato de 12 horas.

8. Você olha para um relógio e são exatamente 14h. Você definiu um alarme para tocar em 51 horas. A que horas o alarme tocará?

9. Escreva um programa em R que resolva a versão geral do problema acima. Peça ao usuário para inserir a hora atual (em horas) e o número de horas de

espera antes que o alarme toque. Seu programa deve imprimir a hora em que o alarme tocará.

10. Escreva um programa em R que leia um número inteiro fornecido pelo usuário e verifique se esse número é maior que 10. O programa deve imprimir `TRUE` se o número é maior que 10 ou `FALSE` caso contrário.

11. Escreva um programa em R que leia dois números fornecidos pelo usuário e verifique se eles são iguais. O programa deve imprimir `TRUE` se os números são iguais ou `FALSE` caso contrário.

12. Escreva um programa em R que peça ao usuário para inserir dois números e verifique se o primeiro número é maior ou igual ao segundo. O programa deve imprimir `TRUE` ou `FALSE`.

13. Escreva um programa em R que peça ao usuário para inserir um número e verifique se esse número está entre 0 e 100, inclusive. O programa deve imprimir `TRUE` se o número está no intervalo e `FALSE` caso contrário.

14. Escreva um programa em R que leia três números fornecidos pelo usuário e verifique se o primeiro número é menor que o segundo e se o segundo é menor que o terceiro. O programa deve imprimir uma mensagem indicando se a condição é verdadeira ou falsa.

Chapter 4

Estrutura de Dados Básicas

Em R, temos dois tipos principais de objetos: funções e dados.

- **Funções**: São objetos que executam operações específicas.
  - Exemplos de funções:
    - `cos()` - calcula o cosseno de um ângulo.
    - `print()` - imprime valores no console.
    - `plot()` - cria gráficos.
    - `integrate()` - calcula a integral de uma função.
- **Dados**: São objetos que contêm informações, como números, textos ou outros tipos de dados.
  - Exemplos de dados:
    - `23` (número)
    - `"Hello"` (texto ou string)
    - `TRUE` (valor lógico)
    - `c(1, 2, 3)` (vetor numérico)
    - `data.frame(nome = c("Alice", "Bob"), idade = c(25, 30))` (estrutura tabular)
    - `list(numero = 42, nome = "Alice", flag = TRUE)` (coleção de elementos de diferentes tipos)
    - `factor(c("homem", "mulher", "mulher", "homem"))` (dados categóricos)

4.1 Vetor

Um **vetor** é uma estrutura de dados básica que armazena uma sequência de elementos do **mesmo tipo**. Vetores podem conter dados numéricos, caracteres,

valores lógicos (`TRUE`/`FALSE`), números complexos, entre outros.

- Todos os elementos de um vetor devem ser do mesmo tipo.
- Os elementos de um vetor são indexados a partir de 1 (ou seja, o primeiro elemento está na posição 1).
- Vetores podem ser criados usando a função `c()` (concatenate) e são facilmente manipulados com uma variedade de funções.

4.1.1 Tipos Comuns de Vetores

```
# Vetor numérico
c(1.1, 2.2, 3.3)
## [1] 1.1 2.2 3.3

# Vetor de caracteres
c("a", "b", "c")
## [1] "a" "b" "c"
# ou
c('a','b','c')
## [1] "a" "b" "c"

# Vetor lógico
c(TRUE, 1==2)
## [1]  TRUE FALSE

# Não podemos misturar tipos de dados em um vetor...
c(3, 1==2, "a") # Observe que o R converteu tudo para "character"!
## [1] "3"     "FALSE" "a"
```

4.1.2 Construindo Vetores

```
# Inteiros de 1 a 10
x <- 1:10
x
##  [1]  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10

b <- 10:1
b
##  [1]  10  9  8  7  6  5  4  3  2 1

# Sequência de 0 a 50 com incrementos de 10
```

```r
a <- seq(from = 0, to = 50, by=10)
a
## [1]  0 10 20 30 40 50

# Sequência de 15 números de 0 a 1
y <- seq(0,1, length=15)
y
##  [1] 0.0000 0.0714 0.1429 0.2143 0.2857 0.3571 0.4286 0.5000 0.5714 0.6429
## [11] 0.7143 0.7857 0.8571 0.9286 1.0000

# Repetição de um vetor várias vezes
z <- rep(1:3, times=4)
z
##  [1] 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 3

# Repetição de cada elemento do vetor várias vezes
t <- rep(1:3, each=4)
t
##  [1] 1 1 1 1 2 2 2 2 3 3 3 3

# Combine números, vetores ou ambos em um novo vetor
w <- c(x,z,5)
w
##  [1]  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10  1  2  3  1  2  3  1  2  3  1  2  3  5
```

4.1.3 Acesso a Elementos de um Vetor

Você pode acessar elementos específicos de um vetor usando colchetes [] e índices. R utiliza indexação baseada em 1, o que significa que o primeiro elemento de um vetor tem índice 1.

```r
# Defina um vetor com inteiros de (-5) a 5 e extraia os números com valor absoluto menor que 3:
x <- (-5):5
x
##  [1] -5 -4 -3 -2 -1  0  1  2  3  4  5

# Acessando por índice:
x[4:8]
## [1] -2 -1  0  1  2

# Seleção negativa (excluindo elementos):
x[-c(1:3,9:11)]
## [1] -2 -1  0  1  2
```

```r
# Todos menos o último
x[-length(x)]
## [1] -5 -4 -3 -2 -1  0  1  2  3  4

# Vetor lógico para seleção
index <- abs(x)<3
index
##  [1] FALSE FALSE FALSE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE FALSE FALSE FALSE

# Usando o vetor lógico para extrair elementos desejados:
x[index]
## [1] -2 -1  0  1  2

# Ou de forma compacta:
x[abs(x) < 3]
## [1] -2 -1  0  1  2

# Acessando elementos com vetores predefinidos
letters[1:3]
## [1] "a" "b" "c"

letters[c(2,4,6)]
## [1] "b" "d" "f"

LETTERS[1:3]
## [1] "A" "B" "C"

y <- 1:10
y[ (y>5) ] # seleciona qualquer número > 5
## [1]  6  7  8  9 10

y[ (y%%2==0) ] # números divisíveis por 2
## [1]  2  4  6  8 10

y[ (y%%2==1) ] # números não divisíveis por 2
## [1] 1 3 5 7 9

y[5] <- NA
y[!is.na(y)] # todos os valores de y que não são NA
## [1]  1  2  3  4  6  7  8  9 10
```

4.1.4 Funções Comuns para Vetores

Vetores são uma das estruturas de dados mais utilizadas no R, e existem diversas funções para manipular e obter informações sobre eles. Abaixo estão algumas das funções mais comuns usadas com vetores numéricos:

```r
num_vector <- c(2.2, 1.1, 3.3)

# Obtém o comprimento (número de elementos) de um vetor
length(num_vector)
## [1] 3

# Calcula o valor máximo de um vetor
max(num_vector)
## [1] 3.3

# Calcula o valor mínimo de um vetor
min(num_vector)
## [1] 1.1

# Calcula a soma dos elementos de um vetor
sum(num_vector)
## [1] 6.6

# Calcula a média (valor médio) dos elementos de um vetor
mean(num_vector)
## [1] 2.2

# Calcula a mediana dos elementos de um vetor
median(num_vector)
## [1] 2.2

# Retorna um vetor contendo o mínimo e o máximo
range(num_vector)
## [1] 1.1 3.3

# Calcula a variância amostral dos elementos de um vetor
var(num_vector)
## [1] 1.21

# Calcula os quantis dos elementos de um vetor
quantile(num_vector, type = 2)
##   0%  25%  50%  75% 100%
## 1.1  1.1  2.2  3.3  3.3

# Calcula a soma cumulativa dos elementos de um vetor
```

```r
cumsum(num_vector)
## [1] 2.2 3.3 6.6

# Calcula o produto cumulativo dos elementos de um vetor
cumprod(num_vector)
## [1] 2.20 2.42 7.99

# Ordena os elementos de um vetor em ordem crescente
sort(num_vector)
## [1] 1.1 2.2 3.3

# Ordena os elementos de um vetor em ordem decrescente
sort(num_vector, decreasing = TRUE)
## [1] 3.3 2.2 1.1

# Remove elementos duplicados de um vetor
duplicate_vector <- c(1, 2, 2, 3, 3, 3)
unique(duplicate_vector)
## [1] 1 2 3
```

A função `which` é usada para encontrar os índices dos elementos em um vetor que atendem a uma condição específica. Isso é útil quando você deseja localizar a posição de certos valores dentro de um vetor.

```r
y <- c(8, 3, 5, 7, 6, 6, 8, 9, 2, 3, 9, 4, 10, 4, 11)

# Encontrar os índices dos elementos que são maiores que 5
which(y > 5)
## [1]  1  4  5  6  7  8 11 13 15
```

Aqui, a função `which(y > 5)` retorna os índices dos elementos em y que são maiores que 5. Se você quiser ver os valores em y que são maiores que 5, basta fazer:

```r
y[y>5]
## [1]  8  7  6  6  8  9  9 10 11
```

4.1.5 Operações com Vetores

Vetores no R suportam operações aritméticas e lógicas de forma elementar. Isso significa que as operações são aplicadas a cada elemento do vetor.

```r
# Adição de 1 a cada elemento do vetor
num_vector + 1
## [1] 3.2 2.1 4.3

# Multiplicação de cada elemento por 2
num_vector * 2
## [1] 4.4 2.2 6.6

# Comparações: verifica se cada elemento é maior que 2
num_vector > 2
## [1]  TRUE FALSE  TRUE

# Exponenciação de elementos
c(2, 3, 5, 7)^2
## [1]  4  9 25 49

c(2, 3, 5, 7)^c(2, 3)
## [1]   4  27  25 343

c(1, 2, 3, 4, 5, 6)^c(2, 3, 4)
## [1]    1    8   81   16  125 1296

c(2, 3, 5, 7)^c(2, 3, 4)
## [1]   4  27 625  49
```

Os exemplos acima ilustram a **propriedade de reciclagem** do R. Quando operações são realizadas entre vetores de diferentes comprimentos, o R "recicla" (ou repete) o vetor menor até que corresponda ao comprimento do vetor maior. Se o comprimento do vetor maior não for um múltiplo inteiro do comprimento do vetor menor, o R emitirá um aviso.

Por exemplo:

```r
c(2,3,5,7)^c(2,3)
## [1]   4  27  25 343
```

Este comando é expandido internamente para:

```r
c(2,3,5,7)^c(2,3,2,3)
## [1]   4  27  25 343
```

No entanto, se os vetores não puderem ser "reciclados" perfeitamente, o R dará um aviso:

```
c(2,3,5,7)^c(2,3,4)
## Warning in c(2, 3, 5, 7)^c(2, 3, 4): longer object length is not a multiple of
## shorter object length
## [1]   4  27 625  49
```

Neste caso, `c(2,3,5,7)^c(2,3,4)` é expandido para:

```
c(2,3,5,7)^c(2,3,4,2)
## [1]   4  27 625  49
```

Observe que o último elemento do vetor menor foi reciclado para corresponder ao comprimento do vetor maior, mas não completamente, resultando no aviso..

4.1.6 Exercícios

1. Crie os vetores:

(a) $(1, 2, 3, \ldots, 19, 20)$

(b) $(20, 19, \ldots, 2, 1)$

(c) $(1, 2, 3, \ldots, 19, 20, 19, 18, \ldots, 2, 1)$

(d) $(10, 20, 30, \ldots, 90, 10)$

(e) $(1, 1, \ldots, 1, 2, 2, \ldots, 2, 3, 3, \ldots, 3)$ onde existem 10 ocorrências do 1, 20 ocorrências do 2 e 30 ocorrências do 3.

2. Use a função `paste()` para criar o seguinte vetor de caracteres de tamanho 20:

("nome 1", "nome 2", ..., "nome 20")

3. Crie um vetor x_1 igual a "A" "A" "B" "B" "C" "C" "D" "D" "E" "E"

4. Crie um vetor x_2 igual a "a" "b" "c" "d" "e" "a" "b" "c" "d" "e"

5. Crie um vetor x_3 igual as palavras "uva" 10 vezes, "maçã" 9 vezes, "laranja" 6 vezes e "banana" 1 vez.

6. Crie um vetor de 15 números aleatórios entre 1 e 100 (use a função `sample()`). Ordene esse vetor em ordem crescente e depois em ordem decrescente. Encontre o menor e o maior valor no vetor.

7. Crie um vetor de 20 números aleatórios entre 1 e 50 (use a função `sample()`). Calcule a soma, a média, o desvio padrão e o produto de todos os elementos do vetor.

8. Crie um vetor de 10 números aleatórios entre 1 e 100 (use a função `sample()`). Extraia os elementos do vetor que são maiores que 50. Em seguida, substitua os valores menores que 30 por 0.

9. Crie um vetor de 10 números. Verifique quais elementos são maiores que 5 e quais são pares. Crie um novo vetor que contenha apenas os números que atendem a ambas as condições.

10. Crie um vetor com 10 números inteiros. Multiplique os elementos nas posições 2, 4 e 6 por 2. Substitua o último elemento por 100.

11. Calcule a média dos vetores:

(a) $x = (1, 0, NA, 5, 7)$

(b) $y = (-Inf, 0, 1, NA, 2, 7, Inf)$

12. Crie:

(a) um vetor com valores $e^x \sin(x)$ nos pontos $x = 2, 2.1, 2.2, \ldots, 6$

(b) um vetor com valores $\left(3, \frac{3^2}{2}, \frac{3^3}{3}, \ldots, \frac{3^{30}}{30}\right)$

13. Calcule:

(a)
$$\sum_{i=10}^{100} i^3 + 4j^2$$

(b)
$$\sum_{i=1}^{25} \frac{2^i}{i} + \frac{3^i}{i^2}$$

4.2 Fatores

Em R, um **fator** é uma estrutura de dados usada para representar dados **categóricos**, ou seja, dados que podem ser classificados em categorias distintas. Fatores são amplamente utilizados em análises estatísticas e visualizações de dados, pois permitem o tratamento eficiente e consistente de variáveis categóricas.

- **Níveis**: Fatores possuem **níveis** (ou **levels**), que representam os diferentes valores possíveis que a variável categórica pode assumir. Por exemplo, para uma variável categórica que representa tamanho de roupa, os níveis poderiam ser “Pequeno”, “Médio” e “Grande”.

- **Armazenamento Interno**: Internamente, fatores são armazenados como inteiros, onde cada inteiro corresponde a um nível específico. No entanto, quando exibidos, os fatores mostram seus rótulos (labels) para facilitar a compreensão.
- **Fatores Ordenados e Não Ordenados**: Fatores podem ser **ordenados** (quando há uma ordem lógica entre os níveis, como "Baixo", "Médio", "Alto") ou **não ordenados** (quando os níveis não têm uma ordem intrínseca).

Exemplos:

```
# Vetor de dados categóricos
data <- c("low", "medium", "high", "medium", "low", "high")

# Criar um fator não ordenado a partir dos dados categóricos
factor_data <- factor(data)

print(factor_data)
## [1] low    medium high   medium low    high
## Levels: high low medium
```

Por padrão, os níveis são ordenados alfabeticamente. Podemos especificar a ordem dos níveis de acordo com a lógica desejada:

```
# Especificar a ordem dos níveis do fator
factor_data <- factor(data, levels = c("low", "medium", "high"))
print(factor_data)
## [1] low    medium high   medium low    high
## Levels: low medium high
```

Para criar um fator ordenado, onde os níveis têm uma ordem específica, usamos o argumento ordered = TRUE:

```
# Criar um fator ordenado
ordered_factor <- factor(data, levels = c("low", "medium", "high"), ordered = TRUE)
print(ordered_factor)
## [1] low    medium high   medium low    high
## Levels: low < medium < high
```

4.2.1 Manipulação de Fatores

Podemos utilizar várias funções para verificar e modificar os níveis de um fator:

```r
# Verificar Níveis
levels(factor_data)
## [1] "low"    "medium" "high"

# Modificar Níveis
levels(factor_data) <- c("Low", "Medium", "High")
print(factor_data)
## [1] Low    Medium High   Medium Low    High
## Levels: Low Medium High
```

4.2.2 Gerando Fatores com `gl()`

A função `gl()` (generate levels) é usada para criar fatores de maneira eficiente, especialmente quando você deseja gerar fatores com padrões repetitivos.

```r
# Gerar níveis de fator com gl()
gl(4,3)
##  [1] 1 1 1 2 2 2 3 3 3 4 4 4
## Levels: 1 2 3 4

# Gerar fatores com labels personalizados
gl(2, 10, labels = c("mulher", "homem"))
##  [1] mulher mulher mulher mulher mulher mulher mulher mulher mulher mulher
## [11] homem  homem  homem  homem  homem  homem  homem  homem  homem  homem
## Levels: mulher homem

# Também podemos fazer
as.factor(c(rep("mulher", 10), rep("homem", 10)))
##  [1] mulher mulher mulher mulher mulher mulher mulher mulher mulher mulher
## [11] homem  homem  homem  homem  homem  homem  homem  homem  homem  homem
## Levels: homem mulher
```

4.3 Matriz e Array

Em R, uma **matriz** é uma estrutura de dados bidimensional que contém elementos do mesmo tipo (como numérico, lógico, etc.), organizados em linhas e colunas. Já um **array** é uma generalização da matriz que pode ter mais de duas dimensões.

- **nrow**: número de linhas;
- **ncol**: número de colunas.

4.3.1 Criando matrizes

Podemos criar uma matriz em R usando a função `matrix()`. Veja o exemplo abaixo:

```
matrix(c(1,2,3,4,5,6)+exp(1),nrow=2)
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,] 3.72 5.72 7.72
## [2,] 4.72 6.72 8.72
```

Podemos também realizar operações lógicas em matrizes:

```
# Verifica se os elementos da matriz são maiores que 6
matrix(c(1,2,3,4,5,6)+exp(1),nrow=2) > 6
##       [,1]  [,2] [,3]
## [1,] FALSE FALSE TRUE
## [2,] FALSE  TRUE TRUE
```

4.3.2 Criando um array

Um array pode ter mais de duas dimensões e é criado usando a função `array()`:

```
# Criar um array com 4 linhas, 3 colunas, e 2 camadas
array(c(1:24), dim=c(4,3,2))
## , , 1
##
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    1    5    9
## [2,]    2    6   10
## [3,]    3    7   11
## [4,]    4    8   12
##
## , , 2
##
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]   13   17   21
## [2,]   14   18   22
## [3,]   15   19   23
## [4,]   16   20   24
```

4.3.3 Construindo Matrizes

- `rbind()` (row bind): Combina objetos por linhas, empilhando-os verticalmente.

- `cbind()` (column bind): Combina objetos por colunas, empilhando-os horizontalmente.

Exemplo com Vetores

```
# Criar dois vetores
vector1 <- c(1, 2, 3)
vector2 <- c(4, 5, 6)

# Combinar os vetores por linhas
result <- rbind(vector1, vector2)
print(result)
##         [,1] [,2] [,3]
## vector1    1    2    3
## vector2    4    5    6

# Combinar os vetores por colunas
result <- cbind(vector1, vector2)
print(result)
##      vector1 vector2
## [1,]       1       4
## [2,]       2       5
## [3,]       3       6
```

Exemplo com Matrizes

```
# Criar duas matrizes
matrix1 <- matrix(1:6, nrow = 2, ncol = 3)
matrix2 <- matrix(7:12, nrow = 2, ncol = 3)

# Combinar as matrizes por linhas
result <- rbind(matrix1, matrix2)
print(result)
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    1    3    5
## [2,]    2    4    6
## [3,]    7    9   11
## [4,]    8   10   12

# Combinar as matrizes por colunas
result <- cbind(matrix1, matrix2)
print(result)
##      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6]
## [1,]    1    3    5    7    9   11
## [2,]    2    4    6    8   10   12
```

4.3.4 Acessando Elementos de uma Matriz

Podemos acessar elementos específicos de uma matriz usando índices ou expressões lógicas.

```
# Criar uma matriz
A <- matrix((-4):5, nrow=2, ncol=5)
A
##      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
## [1,]   -4   -2    0    2    4
## [2,]   -3   -1    1    3    5

# Acessando um elemento específico
A[1,2]
## [1] -2

# Selecionando elementos negativos
A[A<0]
## [1] -4 -3 -2 -1

# Atribuição condicional
A[A<0]<-0
A
##      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
## [1,]    0    0    0    2    4
## [2,]    0    0    1    3    5

# Selecionando uma linha específica
A[2,]
## [1] 0 0 1 3 5

# Selecionando colunas específicas
A[,c(2,4)]
##      [,1] [,2]
## [1,]    0    2
## [2,]    0    3
```

4.3.5 Nomeando Linhas e Colunas em uma Matriz

```
# Criar uma matriz
x <- matrix(rnorm(12),nrow=4)
x
##        [,1]   [,2]    [,3]
```

```
## [1,] -0.508 -0.523 -0.0258
## [2,]  1.864  2.422  0.3408
## [3,] -0.230  0.314 -1.9076
## [4,] -0.571  0.478 -0.5948

# Nomeando colunas
colnames(x) <- paste("dados",1:3,sep="")
x
##      dados1 dados2  dados3
## [1,] -0.508 -0.523 -0.0258
## [2,]  1.864  2.422  0.3408
## [3,] -0.230  0.314 -1.9076
## [4,] -0.571  0.478 -0.5948

# Nomeando linhas e colunas de outra matriz
y <- matrix(rnorm(15),nrow=5)
y
##        [,1]   [,2]   [,3]
## [1,] -0.559 -1.705  0.672
## [2,] -0.796  1.176 -0.566
## [3,]  0.855 -1.474  0.804
## [4,] -0.630 -1.786 -0.973
## [5,]  1.261  0.447  0.285

colnames(y) <- LETTERS[1:ncol(y)]

rownames(y) <- letters[1:nrow(y)]

y
##        A      B      C
## a -0.559 -1.705  0.672
## b -0.796  1.176 -0.566
## c  0.855 -1.474  0.804
## d -0.630 -1.786 -0.973
## e  1.261  0.447  0.285
```

4.3.6 Multiplicação de matrizes

```
M<-matrix(rnorm(20),nrow=4,ncol=5)
N<-matrix(rnorm(15),nrow=5,ncol=3)

# Multiplicação de matrizes
M%*%N
```

```
##          [,1]    [,2]   [,3]
## [1,] -1.67927  0.8103 -3.405
## [2,] -0.33112 -0.9712 -2.352
## [3,] -0.83679 -0.2961  0.140
## [4,] -0.00563 -0.0709 -0.113
```

4.3.7 Adicionando Linhas e Colunas a uma Matriz

```
X <- matrix(c(1,2,3,4,5,6),nrow=2)
X
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    1    3    5
## [2,]    2    4    6

# Adicionar uma coluna
cbind(X, c(7,8))
##      [,1] [,2] [,3] [,4]
## [1,]    1    3    5    7
## [2,]    2    4    6    8

# Adicionar uma linha
rbind(X, c(7,8,9))
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    1    3    5
## [2,]    2    4    6
## [3,]    7    8    9
```

4.3.8 Algumas outras funções

Seja M uma matriz quadrada.

- dimensão de uma matriz → `dim(M)`
- transposta de uma matriz → `t(M)`
- determinante de uma matriz → `det(M)`
- inversa de uma matriz → `solve(M)`
- autovalores e autovetores → `eigen(M)`
- soma dos elementos de uma matriz → `sum(M)`
- média dos elementos de uma matriz → `mean(M)`

- aplicar uma função a cada linha ou coluna → `apply(M,1, sum) # soma de cada linha`
- aplicar uma função a cada linha ou coluna → `apply(M,2, mean) # média de cada coluna`

4.3.9 Exercícios

1. Crie uma matriz 3×4 com os números de 1 a 12, preenchendo a matriz por colunas. Exiba a matriz e determine a soma dos elementos da segunda coluna.

2. Crie duas matrizes 2×3 chamadas A e B, cada uma preenchida com números aleatórios inteiros de 1 a 10. Em seguida, some as duas matrizes e multiplique-as elemento por elemento.

3. Crie uma matriz 3×3 chamada M com números aleatórios entre 1 e 9. Crie também um vetor de comprimento 3 chamado v. Realize a multiplicação entre a matriz M e o vetor v (ou seja, $M \times v$).

4. Crie uma matriz 4×2 chamada N com números sequenciais de 1 a 8. Transponha a matriz e calcule a soma dos elementos de cada linha da matriz transposta.

5. Crie uma matriz 3×3 chamada P com valores de sua escolha. Calcule o determinante da matriz P. Caso o determinante seja diferente de zero, calcule também a matriz inversa de P.

6. Crie uma matriz 5×5 chamada Q com números aleatórios de 1 a 25. Extraia a submatriz composta pelas 2^{a}, 3^{a} e 4^{a} linhas e colunas.

7. Crie uma matriz 3×3 com valores sequenciais de 1 a 9. Calcule a soma de todos os elementos da primeira linha e a soma de todos os elementos da terceira coluna.

8. Considere a matriz

$$A = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 3 \\ 5 & 2 & 6 \\ -2 & -1 & -3 \end{bmatrix}$$

(a) Verifique que $A^3 = 0$.

(b) Troque a terceira coluna pela soma da coluna 1 e coluna 3.

(c) Considere a matriz

$$M = \begin{bmatrix} 20 & 22 & 23 \\ 34 & 55 & 57 \\ 99 & 97 & 71 \\ 12 & 16 & 19 \\ 10 & 53 & 24 \\ 14 & 21 & 28 \end{bmatrix},$$

e troque os números pares por 0.

4.4 Data-frame

Um data frame em R é uma estrutura de dados bidimensional usada para armazenar dados tabulares. Cada coluna em um data frame pode conter valores de diferentes tipos (como numéricos, caracteres, fatores, etc.), mas todos os elementos dentro de uma coluna devem ser do mesmo tipo. Um data frame é semelhante a uma tabela em um banco de dados ou uma planilha em programas como o Excel. Data frames podem ser criados a partir de arquivos de dados ou convertendo vetores usando a função `as.data.frame()`.

4.4.1 Criando um Data Frame

Para criar um data frame, você pode usar a função `data.frame()`, especificando os nomes das colunas e os dados correspondentes:

```
df <- data.frame(
id = 1:4,
nome = c("Ana", "Bruno", "Carlos", "Diana"),
idade = c(23, 35, 31, 28),
salario = c(5000, 6000, 7000, 8000))
df
##   id   nome idade salario
## 1  1    Ana    23    5000
## 2  2  Bruno    35    6000
## 3  3 Carlos    31    7000
## 4  4  Diana    28    8000
```

Um data frame pode parecer semelhante a uma matriz, mas há diferenças importantes. Veja o exemplo de uma matriz criada com os mesmos dados:

```
# Comparando com uma matriz
cbind(id = 1:4,
nome = c("Ana", "Bruno", "Carlos", "Diana"),
idade = c(23, 35, 31, 28),
salario = c(5000, 6000, 7000, 8000))
##      id  nome     idade salario
## [1,] "1" "Ana"    "23"  "5000"
## [2,] "2" "Bruno"  "35"  "6000"
## [3,] "3" "Carlos" "31"  "7000"
## [4,] "4" "Diana"  "28"  "8000"
```

Observe que na matriz, todos os dados são convertidos para o tipo `character`, enquanto em um data frame, cada coluna mantém seu próprio tipo de dados.

4.4.2 Acessando Linhas e Colunas

Existem várias maneiras de acessar linhas e colunas em um data frame:

```
# Acessando a coluna 'id' usando índice
df[,1]
## [1] 1 2 3 4

# Acessando a coluna 'id' usando o nome da coluna
df$id
## [1] 1 2 3 4

# Acessando a coluna 'id' usando double brackets
df[["id"]]
## [1] 1 2 3 4

# Acessando a primeira linha
df[1, ]
##   id nome idade salario
## 1  1  Ana    23    5000

# Acessando a segunda coluna
df[, 2]
## [1] "Ana"    "Bruno"  "Carlos" "Diana"

# Acessando o elemento na primeira linha, segunda coluna
df[1, 2]
## [1] "Ana"

# Subconjunto das primeiras duas linhas e colunas
df[1:2, 1:2]
##   id  nome
## 1  1   Ana
## 2  2 Bruno

# Acessando uma entrada por nome de coluna
df[1, "nome"]
## [1] "Ana"

# Acessando múltiplas colunas por nome
df[c("nome", "idade")]
##     nome idade
## 1    Ana    23
## 2  Bruno    35
## 3 Carlos    31
## 4  Diana    28
```

4.4.3 Adicionando e Removendo Colunas

Adicionar e remover colunas de um data frame é simples e direto:

```
# Adicionar uma nova coluna calculada
df$novo_salario <- df$salario * 1.1
df
##   id   nome idade salario novo_salario
## 1  1    Ana    23    5000         5500
## 2  2  Bruno    35    6000         6600
## 3  3 Carlos    31    7000         7700
## 4  4  Diana    28    8000         8800

# Remover uma coluna existente
df$id <- NULL
df
##     nome idade salario novo_salario
## 1    Ana    23    5000         5500
## 2  Bruno    35    6000         6600
## 3 Carlos    31    7000         7700
## 4  Diana    28    8000         8800
```

4.4.4 Fundindo Data Frames

Data frames podem ser combinados ou fundidos usando a função `merge()`.

```
# Criar dois data frames
df1 <- data.frame(curso = c("PE", "LE", "CAL"), horas = c(60, 75, 90))
df2 <- data.frame(curso = c("CAL", "PE", "LE"), creditos = c(8, 6, 7))

# Fundir data frames pela variável 'curso'
df12 <- merge(df1, df2, by = "curso")
df12
##   curso horas creditos
## 1   CAL    90        8
## 2    LE    75        7
## 3    PE    60        6
```

4.4.5 Explorando o Data Frame

Funções úteis para explorar e entender a estrutura de um data frame:

```r
df <- iris

# Nomes das colunas
names(df)
## [1] "Sepal.Length" "Sepal.Width"  "Petal.Length" "Petal.Width"  "Species"

# Classe dos dados de uma coluna
class(df$Sepal.Length)
## [1] "numeric"

class(df$Species)
## [1] "factor"

# Dimensão do data frame
dim(df)
## [1] 150   5

# Número de linhas
nrow(df)
## [1] 150

# Número de colunas
ncol(df)
## [1] 5

# Estrutura do data frame
str(df)
## '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 ...

# Visualização das primeiras linhas
head(df, 3)
##   Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width Species
## 1          5.1         3.5          1.4         0.2  setosa
## 2          4.9         3.0          1.4         0.2  setosa
## 3          4.7         3.2          1.3         0.2  setosa

# Visualização das últimas linhas
tail(df, 5)
##     Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width   Species
## 146          6.7         3.0          5.2         2.3 virginica
```

```
## 147          6.3         2.5          5.0         1.9 virginica
## 148          6.5         3.0          5.2         2.0 virginica
## 149          6.2         3.4          5.4         2.3 virginica
## 150          5.9         3.0          5.1         1.8 virginica
```

4.4.6 A função `subset()`

A função `subset()` em R é usada para criar subconjuntos de um data frame com base em condições lógicas. Ela é particularmente útil quando você deseja filtrar linhas que atendem a certos critérios e selecionar colunas específicas ao mesmo tempo.

```
# Carregar o conjunto de dados 'iris'
df <- iris

# Criar um subconjunto com Sepal.Width maior que 3, selecionando apenas as colunas Pet
df1 <- df[df$Sepal.Width > 3, c("Petal.Width","Species")]
head(df1)
##   Petal.Width Species
## 1         0.2  setosa
## 3         0.2  setosa
## 4         0.2  setosa
## 5         0.2  setosa
## 6         0.4  setosa
## 7         0.3  setosa

# Utilizando a função subset() para o mesmo subconjunto
(df2 <- subset(df, Sepal.Width > 3, select = c(Petal.Width, Species)))
##     Petal.Width    Species
## 1           0.2     setosa
## 3           0.2     setosa
## 4           0.2     setosa
## 5           0.2     setosa
## 6           0.4     setosa
## 7           0.3     setosa
## 8           0.2     setosa
## 10          0.1     setosa
## 11          0.2     setosa
## 12          0.2     setosa
## 15          0.2     setosa
## 16          0.4     setosa
## 17          0.4     setosa
## 18          0.3     setosa
## 19          0.3     setosa
```

```
## 20          0.3     setosa
## 21          0.2     setosa
## 22          0.4     setosa
## 23          0.2     setosa
## 24          0.5     setosa
## 25          0.2     setosa
## 27          0.4     setosa
## 28          0.2     setosa
## 29          0.2     setosa
## 30          0.2     setosa
## 31          0.2     setosa
## 32          0.4     setosa
## 33          0.1     setosa
## 34          0.2     setosa
## 35          0.2     setosa
## 36          0.2     setosa
## 37          0.2     setosa
## 38          0.1     setosa
## 40          0.2     setosa
## 41          0.3     setosa
## 43          0.2     setosa
## 44          0.6     setosa
## 45          0.4     setosa
## 47          0.2     setosa
## 48          0.2     setosa
## 49          0.2     setosa
## 50          0.2     setosa
## 51          1.4 versicolor
## 52          1.5 versicolor
## 53          1.5 versicolor
## 57          1.6 versicolor
## 66          1.4 versicolor
## 71          1.8 versicolor
## 86          1.6 versicolor
## 87          1.5 versicolor
## 101         2.5  virginica
## 110         2.5  virginica
## 111         2.0  virginica
## 116         2.3  virginica
## 118         2.2  virginica
## 121         2.3  virginica
## 125         2.1  virginica
## 126         1.8  virginica
## 132         2.0  virginica
## 137         2.4  virginica
```

```
## 138          1.8  virginica
## 140          2.1  virginica
## 141          2.4  virginica
## 142          2.3  virginica
## 144          2.3  virginica
## 145          2.5  virginica
## 149          2.3  virginica
```

No exemplo acima, ambas as abordagens (indexação direta e `subset()`) produzem o mesmo resultado, mas `subset()` é geralmente mais legível e conveniente quando se trata de filtragem condicional.

```
# Criar um subconjunto com Petal.Width igual a 0.3, excluindo a coluna Sepal.Width
(df3 <- subset(df, Petal.Width == 0.3, select = -Sepal.Width))
##    Sepal.Length Petal.Length Petal.Width Species
## 7           4.6          1.4         0.3  setosa
## 18          5.1          1.4         0.3  setosa
## 19          5.7          1.7         0.3  setosa
## 20          5.1          1.5         0.3  setosa
## 41          5.0          1.3         0.3  setosa
## 42          4.5          1.3         0.3  setosa
## 46          4.8          1.4         0.3  setosa
```

Neste exemplo, `subset()` é usado para filtrar linhas onde `Petal.Width` é exatamente 0.3 e excluir a coluna `Sepal.Width`.

```
# Criar um subconjunto selecionando as colunas de Sepal.Width a Petal.Width
(df4 <- subset(df, select = Sepal.Width:Petal.Width))
##     Sepal.Width Petal.Length Petal.Width
## 1           3.5          1.4         0.2
## 2           3.0          1.4         0.2
## 3           3.2          1.3         0.2
## 4           3.1          1.5         0.2
## 5           3.6          1.4         0.2
## 6           3.9          1.7         0.4
## 7           3.4          1.4         0.3
## 8           3.4          1.5         0.2
## 9           2.9          1.4         0.2
## 10          3.1          1.5         0.1
## 11          3.7          1.5         0.2
## 12          3.4          1.6         0.2
## 13          3.0          1.4         0.1
## 14          3.0          1.1         0.1
## 15          4.0          1.2         0.2
## 16          4.4          1.5         0.4
```

```
## 17          3.9          1.3          0.4
## 18          3.5          1.4          0.3
## 19          3.8          1.7          0.3
## 20          3.8          1.5          0.3
## 21          3.4          1.7          0.2
## 22          3.7          1.5          0.4
## 23          3.6          1.0          0.2
## 24          3.3          1.7          0.5
## 25          3.4          1.9          0.2
## 26          3.0          1.6          0.2
## 27          3.4          1.6          0.4
## 28          3.5          1.5          0.2
## 29          3.4          1.4          0.2
## 30          3.2          1.6          0.2
## 31          3.1          1.6          0.2
## 32          3.4          1.5          0.4
## 33          4.1          1.5          0.1
## 34          4.2          1.4          0.2
## 35          3.1          1.5          0.2
## 36          3.2          1.2          0.2
## 37          3.5          1.3          0.2
## 38          3.6          1.4          0.1
## 39          3.0          1.3          0.2
## 40          3.4          1.5          0.2
## 41          3.5          1.3          0.3
## 42          2.3          1.3          0.3
## 43          3.2          1.3          0.2
## 44          3.5          1.6          0.6
## 45          3.8          1.9          0.4
## 46          3.0          1.4          0.3
## 47          3.8          1.6          0.2
## 48          3.2          1.4          0.2
## 49          3.7          1.5          0.2
## 50          3.3          1.4          0.2
## 51          3.2          4.7          1.4
## 52          3.2          4.5          1.5
## 53          3.1          4.9          1.5
## 54          2.3          4.0          1.3
## 55          2.8          4.6          1.5
## 56          2.8          4.5          1.3
## 57          3.3          4.7          1.6
## 58          2.4          3.3          1.0
## 59          2.9          4.6          1.3
## 60          2.7          3.9          1.4
## 61          2.0          3.5          1.0
```

```
## 62          3.0          4.2          1.5
## 63          2.2          4.0          1.0
## 64          2.9          4.7          1.4
## 65          2.9          3.6          1.3
## 66          3.1          4.4          1.4
## 67          3.0          4.5          1.5
## 68          2.7          4.1          1.0
## 69          2.2          4.5          1.5
## 70          2.5          3.9          1.1
## 71          3.2          4.8          1.8
## 72          2.8          4.0          1.3
## 73          2.5          4.9          1.5
## 74          2.8          4.7          1.2
## 75          2.9          4.3          1.3
## 76          3.0          4.4          1.4
## 77          2.8          4.8          1.4
## 78          3.0          5.0          1.7
## 79          2.9          4.5          1.5
## 80          2.6          3.5          1.0
## 81          2.4          3.8          1.1
## 82          2.4          3.7          1.0
## 83          2.7          3.9          1.2
## 84          2.7          5.1          1.6
## 85          3.0          4.5          1.5
## 86          3.4          4.5          1.6
## 87          3.1          4.7          1.5
## 88          2.3          4.4          1.3
## 89          3.0          4.1          1.3
## 90          2.5          4.0          1.3
## 91          2.6          4.4          1.2
## 92          3.0          4.6          1.4
## 93          2.6          4.0          1.2
## 94          2.3          3.3          1.0
## 95          2.7          4.2          1.3
## 96          3.0          4.2          1.2
## 97          2.9          4.2          1.3
## 98          2.9          4.3          1.3
## 99          2.5          3.0          1.1
## 100         2.8          4.1          1.3
## 101         3.3          6.0          2.5
## 102         2.7          5.1          1.9
## 103         3.0          5.9          2.1
## 104         2.9          5.6          1.8
## 105         3.0          5.8          2.2
## 106         3.0          6.6          2.1
```

```
## 107          2.5          4.5          1.7
## 108          2.9          6.3          1.8
## 109          2.5          5.8          1.8
## 110          3.6          6.1          2.5
## 111          3.2          5.1          2.0
## 112          2.7          5.3          1.9
## 113          3.0          5.5          2.1
## 114          2.5          5.0          2.0
## 115          2.8          5.1          2.4
## 116          3.2          5.3          2.3
## 117          3.0          5.5          1.8
## 118          3.8          6.7          2.2
## 119          2.6          6.9          2.3
## 120          2.2          5.0          1.5
## 121          3.2          5.7          2.3
## 122          2.8          4.9          2.0
## 123          2.8          6.7          2.0
## 124          2.7          4.9          1.8
## 125          3.3          5.7          2.1
## 126          3.2          6.0          1.8
## 127          2.8          4.8          1.8
## 128          3.0          4.9          1.8
## 129          2.8          5.6          2.1
## 130          3.0          5.8          1.6
## 131          2.8          6.1          1.9
## 132          3.8          6.4          2.0
## 133          2.8          5.6          2.2
## 134          2.8          5.1          1.5
## 135          2.6          5.6          1.4
## 136          3.0          6.1          2.3
## 137          3.4          5.6          2.4
## 138          3.1          5.5          1.8
## 139          3.0          4.8          1.8
## 140          3.1          5.4          2.1
## 141          3.1          5.6          2.4
## 142          3.1          5.1          2.3
## 143          2.7          5.1          1.9
## 144          3.2          5.9          2.3
## 145          3.3          5.7          2.5
## 146          3.0          5.2          2.3
## 147          2.5          5.0          1.9
## 148          3.0          5.2          2.0
## 149          3.4          5.4          2.3
## 150          3.0          5.1          1.8
```

Aqui, `subset()` é usado para selecionar todas as colunas desde `Sepal.Width` até `Petal.Width`.

4.4.7 A Função `summary()`

A função `summary()` é amplamente utilizada em R para fornecer resumos estatísticos de dados. O comportamento de `summary()` varia de acordo com o tipo de objeto ao qual é aplicado.

```
# Aplicando summary() a um vetor numérico
x <- c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10)
summary(x)
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##    1.00    3.25    5.50    5.50    7.75   10.00

# Aplicando summary() a uma coluna numérica de um data frame
summary(iris$Sepal.Length)
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##    4.30    5.10    5.80    5.84    6.40    7.90

# Aplicando summary() a um data frame completo
summary(iris)
##   Sepal.Length    Sepal.Width     Petal.Length    Petal.Width          Species
##  Min.   :4.30   Min.   :2.00   Min.   :1.00   Min.   :0.1   setosa    :50
##  1st Qu.:5.10   1st Qu.:2.80   1st Qu.:1.60   1st Qu.:0.3   versicolor:50
##  Median :5.80   Median :3.00   Median :4.35   Median :1.3   virginica :50
##  Mean   :5.84   Mean   :3.06   Mean   :3.76   Mean   :1.2
##  3rd Qu.:6.40   3rd Qu.:3.30   3rd Qu.:5.10   3rd Qu.:1.8
##  Max.   :7.90   Max.   :4.40   Max.   :6.90   Max.   :2.5
```

Aplicar `summary()` ao data frame iris inteiro fornece resumos estatísticos para todas as colunas, incluindo estatísticas descritivas para variáveis numéricas e uma contagem de frequências para variáveis categóricas (fatores).

4.4.8 Valores faltantes

4.4.9 Exercícios

1. Crie um data frame chamado `estudantes` com as colunas: Nome (caracteres), Idade (números inteiros), Curso (caracteres) e Nota (números decimais). Adicione os dados de cinco estudantes fictícios e exiba o data frame.

2. Utilize o data frame `estudantes` criado no exercício anterior. Acesse a coluna Nota e aumente todas as notas em 0.5. Substitua o valor da coluna Curso para "Estatística" para todos os estudantes com nota superior a 8.0.

3. Dado o data frame `mtcars` embutido no R, filtre as linhas onde o Number of cylinders (`cyl`) é igual a 6 e a potência (`hp`) é maior que 100. Crie um novo data frame com essas informações.

4. Adicione uma nova coluna ao data frame `mtcars` chamada Peso_KG que converta o peso dos carros (`wt`) de mil libras para quilogramas (multiplicando por 453.592).

5. Utilizando o data frame `mtcars`, calcule a média, o mínimo e o máximo da potência (`hp`) para cada número diferente de cilindros (`cyl`). Utilize as funções `aggregate()` ou `dplyr` para realizar esta operação.

6. Transforme a coluna `am` do data frame `mtcars` em um fator com rótulos significativos: "Automático" para 0 e "Manual" para 1. Depois, conte quantos carros existem para cada tipo de transmissão.

7. Utilizando o data frame `mtcars`, aplique a função `sapply()` para calcular o desvio padrão de todas as colunas numéricas.

8. Ordene o data frame `mtcars` pela coluna `mpg` em ordem decrescente. Mostre os 5 carros mais econômicos e os 5 menos econômicos.

9. Crie dois data frames, `carros1` e `carros2`, que contenham diferentes subconjuntos de informações do data frame `mtcars`. Depois, use a função `merge()` para combinar esses data frames com base na coluna `car`.

4.5 Listas

Em R, uma **lista** é uma estrutura de dados versátil que pode armazenar elementos de diferentes tipos, como vetores, matrizes, data frames, funções e até outras listas. Essa flexibilidade torna as listas uma poderosa ferramenta para manipulação de dados complexos, permitindo armazenar uma coleção heterogênea de elementos em um único objeto.

- **Flexibilidade**: Ao contrário de vetores, que são homogêneos e podem conter apenas elementos de um único tipo, as listas podem conter elementos de diferentes tipos e tamanhos.
- **Indexação**: Os elementos de uma lista podem ser acessados de várias maneiras:
- **Colchetes duplos** [[ ]]: Usados para acessar elementos específicos de uma lista.
- **Operador $**: Usado para acessar elementos nomeados.
- **Colchetes simples** [ ]: Retornam uma sublista contendo os elementos especificados.

4.5.1 Criando e Manipulando Listas

Vamos criar uma lista que contém diferentes tipos de elementos, incluindo um vetor, um vetor de caracteres, uma matriz, e uma função:

```
# Criando uma lista com diferentes tipos de elementos
minha_lista <- list(
  nome = "Estudante",
  idade = 21,
  notas = c(85, 90, 92),
  disciplinas = c("Matemática", "Estatística", "Computação"),
  matriz_exemplo = matrix(1:9, nrow = 3, byrow = TRUE),
  media= function(x) mean(x)
)

# Visualizando a lista
print(minha_lista)
## $nome
## [1] "Estudante"
##
## $idade
## [1] 21
##
## $notas
## [1] 85 90 92
##
## $disciplinas
## [1] "Matemática"  "Estatística" "Computação"
##
## $matriz_exemplo
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    1    2    3
## [2,]    4    5    6
## [3,]    7    8    9
##
## $media
## function(x) mean(x)

# Acessando um elemento pelo nome usando $
print(minha_lista$nome)
## [1] "Estudante"

# Acessando um elemento pelo índice
print(minha_lista[[1]])
## [1] "Estudante"
```

```r
# Acessando uma sublista contendo os dois primeiros elementos
print(minha_lista[1:2])
## $nome
## [1] "Estudante"
##
## $idade
## [1] 21

# Acessando a segunda nota do vetor "notas" dentro da lista
print(minha_lista$notas[2])
## [1] 90
```

4.5.2 Por que usar listas?

Listas são extremamente úteis em R para:

- **Armazenar resultados de diferentes tipos**: Em análises estatísticas complexas, os resultados frequentemente consistem em diferentes tipos de dados (como números, tabelas, gráficos e modelos estatísticos).
- **Agrupar dados heterogêneos**: Quando você precisa manipular um conjunto de dados que inclui diversos tipos de informação (por exemplo, dados brutos, estatísticas resumidas, e resultados de modelos).
- **Passar múltiplos argumentos para funções**: Listas são usadas para agrupar múltiplos parâmetros para funções, tornando-as uma ferramenta poderosa para programação funcional.

4.5.3 Exercícios

1. Crie uma lista em R chamada `dados_estudante` que contenha as seguintes informações sobre um estudante:

- Nome: "João"
- Idade: 21
- Notas: Um vetor com as notas em Estatística (85), Matemática (90), e Computação (95).

Depois de criar a lista, acesse e imprima:

1. O nome do estudante.
2. A idade do estudante.
3. A nota em Computação.

2. Considere a lista `dados_estudante` criada no exercício anterior. Adicione um novo elemento à lista que contenha o status de aprovação do estudante, com valor "Aprovado". Em seguida, substitua a nota de Estatística para 88. Por fim, imprima a lista completa.

3. Crie duas listas chamadas `estudante1` e `estudante2` com as mesmas estruturas da lista `dados_estudante`. Em `estudante1`, use os valores:

- Nome: "Maria"
- Idade: 22
- Notas: 78, 85, 90
- Status: "Aprovado"

Em `estudante2`, use os valores:

- Nome: "Carlos"
- Idade: 23
- Notas: 70, 75, 80
- Status: "Aprovado"

Agora, combine `estudante1` e `estudante2` em uma nova lista chamada `turma`, e imprima a lista `turma`.

4. Utilizando a lista `turma` criada no exercício anterior, faça as seguintes operações:

(a) Extraia e imprima o nome do segundo estudante.
(b) Calcule a média das notas do primeiro estudante.
(c) Altere o status do segundo estudante para "Reprovado" e imprima a lista atualizada.

5. Crie uma lista chamada `estatistica_aplicada` que contenha duas listas internas: `turma1` e `turma2`. Cada uma dessas listas internas deve conter as informações de dois estudantes (com as mesmas estruturas utilizadas anteriormente). Por exemplo:

- `turma1`: Contendo `estudante1` e `estudante2`.
- `turma2`: Contendo dois novos estudantes de sua escolha.

Acesse e imprima:

(a) O nome do primeiro estudante da `turma2`.
(b) A média das notas do segundo estudante da `turma1`.
(c) A lista completa `estatistica_aplicada`.

Chapter 5

Estruturas de Seleção

Em R, as estruturas de seleção ou decisão são usadas para controlar o fluxo de execução do código com base em condições específicas. Essas estruturas permitem executar diferentes blocos de código dependendo de valores ou condições lógicas. As estruturas de seleção mais comuns em R são `if`, `else`, e `else if`.

5.1 Condicional `if`

A instrução `if` executa um bloco de código somente se uma condição for verdadeira. Caso contrário, o bloco de código dentro do `if` é ignorado.

```
# Sintaxe
if (condição) {
      # Código a ser executado se a condição for TRUE
}
```

Exemplo 1:

```
x <- 10

if (x > 5) {
      print("x é maior que 5")
}
## [1] "x é maior que 5"
```

Neste exemplo, a condição `x > 5` é verdadeira, então o código dentro do bloco `if` é executado.

5.2 Condicional `if...else`

A estrutura `if...else` permite executar um bloco de código quando a condição é verdadeira e outro bloco de código quando a condição é falsa.

```
# Sintaxe
if (condição) {
      # Código a ser executado se a condição for TRUE
} else {
      # Código a ser executado se a condição for FALSE
}
```

Exemplo 2:

```
x <- 3

if (x > 5) {
      print("x é maior que 5")
} else {
    print("x não é maior que 5")
}
## [1] "x não é maior que 5"
```

Aqui, a condição `x > 5` é falsa, então o bloco de código dentro de `else` é executado.

5.3 Condicional `if...else if...else`

A estrutura `if...else if...else` permite testar múltiplas condições em sequência. Executa o bloco de código do primeiro teste que resulta em verdadeiro.

```
# Sintaxe
if (condição1) {
      # Código se condição1 for TRUE
} else if (condição2) {
      # Código se condição2 for TRUE
} else {
      # Código se nenhuma condição anterior for TRUE
}
```

Exemplo 3:

```r
x <- 7

if (x > 10) {
      print("x é maior que 10")
} else if (x > 5) {
        print("x é maior que 5, mas não maior que 10")
} else {
        print("x não é maior que 5")
}
## [1] "x é maior que 5, mas não maior que 10"
```

Neste caso, a primeira condição `x > 10` é falsa, mas a segunda `x > 5` é verdadeira, então o segundo bloco de código é executado.

5.4 A função `ifelse()`

A função `ifelse` é uma versão vetorizada de if...else que retorna valores dependendo de uma condição. É especialmente útil para aplicar condições a vetores ou data frames.

```r
# Sintaxe
resultado <- ifelse(condição, valor_se_true, valor_se_false)
```

Exemplo 4:

```r
valores <- c(4, 6, 9, 3)
resultado <- ifelse(valores > 5, "maior que 5", "não é maior que 5")
print(resultado)
## [1] "não é maior que 5" "maior que 5"       "maior que 5"
## [4] "não é maior que 5"
```

Aqui, `ifelse()` aplica a condição `valores > 5` a cada elemento do vetor valores e retorna "maior que 5" se a condição for verdadeira ou "não é maior que 5" caso contrário.

5.5 Exemplos

Exemplo 5: Indique o(os) erro(os) no código abaixo

```
if (x%%2 = 0){
      print("Par")
} else {
    print("Ímpar")
}
```

Código correto

```
if (x%%2 == 0){
  print("Par")
} else {
    print("Ímpar")
}
```

Exemplo 6: Indique o(os) erro(os) no código abaixo

```
if (a>0) {
  print("Positivo")
  if (a%%5 = 0)
    print("Divisível por 5")
} else if (a==0)
    print("Zero")
  else if {
    print("Negativo")
}
```

Código correto

```
if (a>0) {
  print("Positivo")
  if (a%%5 == 0) {
    print("Divisível por 5")
  }
} else if (a==0) {
    print("Zero")
} else {
    print("Negativo")
}
```

Exemplo 7: Quais os valores de `x` e `y` no final da execução

```
x = 1
y = 0
if (x == 1){
```

```
  y = y - 1
}
if (y == 1){
  x = x + 1
}
```

Exemplo 8:

- Se `x=1` qual será o valor de `x` no final da execução?
- Qual teria de ser o valor de `x` para que no final da execução fosse -1?
- Há uma parte do programa que nunca é executada: qual é e porquê?

```
if (x == 1){
  x = x + 1
  if (x == 1){
    x = x + 1
  } else {
      x = x - 1
  }
} else {
    x = x - 1
}
```

5.6 Exercícios

1. Escreva um programa em R que leia um número do usuário e exiba "O número é positivo" se for maior que zero.

2. Crie um programa em R que leia um número inteiro do usuário e imprima "Par" se o número for par e "Ímpar" caso contrário.

3. Escreva um programa em R que leia um número e exiba se ele está no intervalo [0, 10], [11, 20], ou maior que 20. Considere que os intervalos [0, 10] e [11, 20] são inclusivos. Por exemplo, para o número 15, o programa deve exibir "O número está no intervalo [11, 20]".

4. Exercício 4: Escreva um programa em R que leia a idade de uma pessoa e classifique-a como "Criança", "Adolescente", "Adulto" ou "Idoso". Considere: * Criança: 0-12 anos * Adolescente: 13-17 anos * Adulto: 18-64 anos * Idoso: 65 anos ou mais

Se a idade inserida for negativa, o programa deve exibir "Idade inválida". Exemplo de entrada: 25; Saída esperada: "Adulto".

5. Escreva um programa em R que leia o preço original de um produto e aplique um desconto com base no seguinte critério: * Desconto de 5% se o preço for inferior a $100 * Desconto de 10% se o preço estiver entre $100 e $500 (inclusive) * Desconto de 15% se o preço for superior a $500

Se o preço inserido for negativo, o programa deve exibir "Preço inválido". Exemplo de entrada: 350; Saída esperada: "O preço com desconto é $315".

6. Exercício 6: Escreva um programa em R que leia as coordenadas (x, y) de um ponto e determine em qual quadrante o ponto está localizado. Se o ponto estiver em um dos eixos, o programa deve especificar "Eixo X" ou "Eixo Y". Exemplo de entrada: (x = -3, y = 2); Saída esperada: "Segundo quadrante".

7. Escreva um programa em R que leia um ano e determine se é um ano bissexto. Um ano é bissexto se: * É divisível por 4, mas não divisível por 100, exceto quando divisível por 400.

Se o ano inserido for negativo, o programa deve exibir "Ano inválido". Exemplo de entrada: 2000; Saída esperada: "Ano bissexto".

8. Escreva um programa que leia um número inteiro entre 0 e 999, e o descreva em termos do número de centenas, dezenas e unidades. Por exemplo, para 304, o programa deve exibir "3 centenas 0 dezenas e 4 unidades". Caso o número inteiro não pertença ao intervalo [0;999], deverá imprimir um aviso "Número fora do intervalo". Exemplo de entrada: 256; Saída esperada: "2 centenas 5 dezenas e 6 unidades".

9. Escreva um programa em R que leia um número inteiro positivo (menor ou igual a 5) e escreva no ecrã a sua representação em numeração romana. Se o número inserido for maior que 5 ou menor que 1, o programa deve exibir "Número fora do intervalo". Exemplo de entrada: 3; Saída esperada: "III".

10. Escreva um programa em R que leia quatro números inteiros (um de cada vez) e escreva após cada interação qual o menor número lido até ao momento. Segue-se um exemplo da interação com o computador.

```
Introduza um numero inteiro: 4


`O menor numero introduzido até agora é 4.`

`Introduza um numero inteiro: 6`

`O menor numero introduzido até agora é 4.`

`Introduza um numero inteiro: 2`

`O menor numero introduzido até agora é 2.`
```

Chapter 6

Funções

- Uma **função** é um bloco de código que realiza tarefas específicas e que só é executado quando é chamada.
- São reutilizáveis e podem ser chamadas várias vezes dentro de um script.
- Podem ser passados dados para uma função, conhecidos como parâmetros ou argumentos.

```
# Sintaxe
nome_da_funcao <- function(argumentos) {
  # Código da função
  resultado <- ... # Cálculos ou operações
  return(resultado) # Retorno do valor
}
```

- **Nome da Função**: Identificador da função.
- **Argumentos**: Valores de entrada para a função.
- **Corpo da Função**: Bloco de código que realiza operações.
- **Return**: Valor que a função devolve.

As funções têm como objetivo principal a modularização (dividir o código em partes menores e gerenciáveis) e a reutilização de código, facilitando a organização e a legibilidade dos scripts. Ao encapsular um bloco de código em uma função, podemos executá-lo múltiplas vezes com diferentes parâmetros, reduzindo a redundância e o tempo de desenvolvimento.

Exemplo: Função para calcular a área de um objeto retangular

```
calcula_area <- function(largura, altura) {
  area <- largura * altura
  return(area)
}

largura_obj <- as.numeric(readline("Insira a largura (em cm): "))
altura_obj <- as.numeric(readline("Insira a altura (em cm): "))

# Chamada da função
area_obj <- calcula_area(largura_obj, altura_obj)

print(area_obj)
```

- **Variáveis locais**: As variáveis `largura` e `altura` são locais. Estas variáveis só existem quando a função está a ser executada. Quando a execução da função termina, as variáveis locais são destruídas.
- **Variáveis globais**: As variáveis `largura_obj` e `altura_obj` são variáveis globais. Estas variáveis são acessíveis a todo o script e representam a largura e altura do objeto inserido pelo utilizador.
- As variáveis locais e globais devem ter nomes **diferentes** para que o código seja mais legível.

Passagem de argumento: valores de argumentos por omissão (default)

```
calcula_area <- function(largura, altura=2) {
  area <- largura * altura
  return(area)
}
# Chamada da função

area_obj <- calcula_area(4)

print(area_obj)
## [1] 8
```

- Caso a altura seja omitida é considerada por definição o valor 2.
- Como a altura foi omitida o cálculo da área será 4*2

```
calcula_area <- function(largura, altura=2) {
        area <- largura * altura
        return(area)
}
```

```r
# Chamada da função
area_obj <- calcula_area(altura=4,largura=3)

print(area_obj)
## [1] 12
```

- Se os argumentos forem passados por palavra chave, a ordem dos argumentos pode ser trocada.

Exemplo:

```r
f <- function(x) {
  if (x < 0) {
    stop("Erro: x não pode ser negativo")  # Interrompe a função com uma mensagem de erro
  }
  return(sqrt(x))
}

f(-2)
```

- O `stop` é usado para interromper a execução de uma função ou de um script, gerando um erro.
- Ele pode ser usado em qualquer lugar do código, dentro ou fora de loops, para gerar um erro e parar a execução do código.
- Quando `stop` é chamado, ele pode exibir uma mensagem de erro personalizada, e a execução do script ou função é completamente interrompida.

Exercício 1: Qual será o output do script abaixo?

```r
x <- 10

minha_funcao <- function() {
    x <- 5
    return(x)
}

print(minha_funcao())
print(x)
```

Exercício 2: Qual é o resultado da chamada da função `dados_estudante`?

```
dados_estudante <- function(nome, altura=167){
  print(paste("O(A) estudante",nome,"tem",altura,"centímetros de altura."))
}

dados_estudante("Joana",160)
```

Exercício 3: Qual é a sintaxe correta para definir uma função em R que soma dois números?

(a) `sum <- function(x, y) {return(x + y)}`

(b) `function sum(x, y) {return(x + y)}`

(c) `def sum(x, y) {return(x + y)}`

(d) `sum(x, y) = function {return(x + y)}`

Exercício 4: Qual das seguintes chamadas à função estão corretas?

```
dados_estudante <- function(nome, altura=167) {
  print(paste("O(A) estudante",nome,"tem",altura,"centímetros de altura."))
}

dados_estudante("Joana",160)
dados_estudante(altura=160, nome="Joana")
dados_estudante(nome = "Joana", 160)
dados_estudante(altura=160, "Joana")
dados_estudante(160)
```

`dados_estudante(160)` - Esta chamada está errada porque 160 será interpretado como nome, e altura usará seu valor padrão, 167. Isso resultará na impressão: `"O(A) estudante 160 tem 167 centímetros de altura."` A chamada está tecnicamente correta no sentido de sintaxe, mas o resultado não faz sentido lógico, já que 160 não é um nome válido para um estudante.

Exercício 5: Qual o resultado do seguinte programa?

```
adi <- function(a,b) {
  return(c(a+5, b+5))
}

resultado <- adi(3,2)
```

6.1 Exercícios

1. Crie uma função chamada `quadrado()` que recebe um único argumento numérico `x` e retorna o quadrado de `x`. Em seguida, teste a função com os valores 3, 5 e 7.

2. Implemente uma função chamada `hipotenusa()` que calcula a hipotenusa de um triângulo retângulo dado os comprimentos dos dois catetos, a e b. A função deve retornar o comprimento da hipotenusa usando o Teorema de Pitágoras. Teste a função com os catetos de comprimentos 3 e 4.

3. Escreva uma função chamada `divisao_segura()` que aceita dois argumentos numéricos, numerador e denominador, e retorna o resultado da divisão. A função deve verificar se o denominador é zero e retornar uma mensagem de erro apropriada em vez de tentar realizar a divisão. Teste a função com os valores 10 e 2, e novamente com 10 e 0.

4. Escreva uma função que receba dois inteiros e devolva o maior deles. Teste a função escrevendo um programa que recebe dois números inteiros do utilizador e imprime o resultado de chamada à função. Como teria de fazer para determinar o menor de dois números com uma segunda função que tirasse partido de chamar a primeira?

5. Escreva uma função que devolva o maior de três números inteiros, recorrendo à função implementada no exercício anterior. Teste a função escrevendo um programa que recebe três números inteiros do utilizador e imprime o resultado de chamada à função.

6. Crie uma função chamada `analise_vetor()` que recebe um vetor numérico e retorna outro vetor contendo a soma, a média, o desvio padrão e o valor máximo do vetor. Use a função para analisar o vetor `c(4, 8, 15, 16, 23, 42)`. Funções auxiliares `sum(),mean(),sd(),max()`.

7. Implemente uma função chamada `classificar_numero()` que aceita um número inteiro e retorna "positivo", "negativo", ou "zero" com base no valor do número fornecido. Teste a função com os valores -5, 0, e 7.

8. Escreva uma função que calcule o IMC (Índice de Massa Corporal) com base no peso (kg) e altura (m) fornecidos como argumentos. Teste a função e escreva um programa que receba a altura e o peso do utilizador e imprima a classificação de acordo com a seguinte tabela:

IMC (kg/m^2)	**Classificação**
Menor que 18.5	Baixo peso
De 18.5 a 24.9	Peso normal
De 25 a 29.9	Sobrepeso
De 30 a 34.9	Obesidade grau I
De 35 a 39.9	Obesidade grau II

IMC (kg/m^2)	**Classificação**
Igual ou maior que 40	Obesidade grau III

Lembre que IMC = $\frac{\text{Peso}}{\text{Altura}^2}$.

9. Crie funções em R para converter valores entre diferentes moedas com base em taxas de câmbio. Implemente e teste as funções, e escreva um programa que solicite ao utilizador um valor em euros e imprima a conversão desse valor para algumas das principais moedas, como dólar, libra, iene e real.

Chapter 7

Scripts

Um **script** é um ficheiro que contém um conjunto de definições (variáveis, funções e blocos de código) que podem ser reutilizadas noutros programas R.

Criação do scrip: Para criar um script, basta guardar o seu código num ficheiro R com a extensão ".R"

Exemplo: Guarde o seguinte código no ficheiro `meu_script.R`

```
produto function(x,y){
  return(x*y)
}
```

Utilização do script

Para executar o script, use a função `source()` no console do R ou dentro de outro script:

```
source("meu_script.R")
```

Se o ficheiro `meu_script.R` não estiver no diretório de trabalho atual, você pode fornecer o caminho completo:

```
source("/caminho/para/seu/script/meu_script.R")
```

Resultado:

Quando você executa o comando `source()`, o R lê e executa todas as linhas do script, e os resultados (por exemplo, impressões de mensagens, funções...) serão exibidos no console. Qualquer função ou variável definida no script ficará disponível no ambiente de trabalho após a execução do `source()`.

```r
# Faça agora
produto(2,3)
```

Observações

- **Diretório de trabalho**: Para verificar ou alterar o diretório de trabalho em R, você pode usar as funções `getwd()` para ver o diretório atual e `setwd("caminho/do/diretorio")` para definir um novo diretório de trabalho.

7.1 Exercícios

1. Construa o seguinte:

(a) Um script `quadrado.R` que disponibiliza funções que permitem calcular o perímetro e a área do quadrado dado o comprimento do lado. Use `quadrado.R` num outro script qualquer.

(b) Um script `estatistica.R` que disponibiliza funções que permitem ordenar uma amostra e calcular a média, calcular a variância e o desvio padrão.

(c) Um programa que recorrendo ao script anterior, calcula a mediana, variância e o desvio padrão da amostra `amostra <- c(1,2,3,4,5,6,7)`

Chapter 8

Leitura de dados

R é uma linguagem poderosa para análise de dados e oferece várias funções para importar dados de diferentes formatos. Independentemente do formato, o processo básico de leitura de dados em R consiste em:

- Especificar o caminho do arquivo.
- Indicar as características do arquivo (como delimitador, presença de cabeçalhos, etc.).
- Ler os dados e armazená-los em um objeto (geralmente um data frame).

8.1 Leitura de dados da entrada do usuário

A função `scan()` lê dados de entrada de um arquivo ou da entrada padrão e retorna um vetor. Um uso básico do `scan()` é para entrada de dados manual:

```
# Solicita ao usuário para digitar números
numeros <- scan()
```

Após digitar `scan()`, o usuário pode inserir uma série de números separados por espaços e pressionar Enter para concluir.

8.2 Diretório de trabalho

O working directory (diretório de trabalho) em R é o diretório atual onde o R está configurado para ler e gravar arquivos. Quando você importa dados de um arquivo ou salva um gráfico, por exemplo, o R usa o diretório de trabalho como o ponto de referência para encontrar ou salvar esses arquivos. Ter um diretório

de trabalho configurado corretamente é crucial para garantir que você consiga acessar arquivos de dados e salvar saídas de forma eficiente.

Funções principais: `getwd()` e `setwd()`

- `getwd()`: Retorna o caminho do diretório atual de trabalho.
- `setwd()`: Define o diretório de trabalho para um diretório especificado.

Para saber qual é o diretório de trabalho atual, você pode usar a função `getwd()`:

```
getwd()
```

A saída esperada (por exemplo, em um sistema Windows (Mac)) seria:

```
# Windows
## [1] "C:/Users/Usuario/Documents"

# Mac
## [1] "/Users/Usuario/Documents"
```

Suponha que você queira alterar o diretório de trabalho para uma pasta chamada `"ProjetosR"` localizada em `"C:/Users/Usuario/Documents/ProjetosR"`. Você pode usar a função `setwd()` para fazer isso:

```
# Define o diretório de trabalho para "C:/Users/Usuario/Documents/ProjetosR"
setwd("C:/Users/Usuario/Documents/ProjetosR")

# Verifica se o diretório de trabalho foi alterado
print(getwd())

# Saída Esperada
## [1] "C:/Users/Usuario/Documents/ProjetosR"
```

Ao definir corretamente o diretório de trabalho, você pode importar arquivos sem precisar especificar o caminho completo. Por exemplo, se você tiver um arquivo `"dados.csv"` na pasta de `"ProjetosR"`, você pode lê-lo diretamente:

```
# Lê o arquivo "dados.csv" no diretório de trabalho atual
dados <- read.csv("dados.csv")

# Exibe as primeiras linhas do conjunto de dados
head(dados)
```

8.3 A Função `read.table()`

`read.table()` é uma das funções mais versáteis em R para leitura de arquivos de texto. Esta função permite importar arquivos tabulares e configurá-los de acordo com as características do arquivo. Faça o download do arquivo `dados.txt` em link

```r
# Leitura de arquivo txt com read.table()
dados <- read.table(file = "dados.txt", header = TRUE, sep = "")
print(dados)
```

- `file = "dados.txt"`: Estamos especificando o arquivo `"data.txt"` para leitura.
- `header = TRUE`: Indicamos que a primeira linha do arquivo é o cabeçalho, contendo os nomes das colunas.

`sep = ""`: Como os dados são separados por espaço, definimos o separador como " ".

A função `read.table()` tem várias opções de argumentos.

```r
args(read.table)
```

```
## function (file, header = FALSE, sep = "", quote = "\"'", dec = ".",
##     numerals = c("allow.loss", "warn.loss", "no.loss"), row.names,
##     col.names, as.is = !stringsAsFactors, tryLogical = TRUE,
##     na.strings = "NA", colClasses = NA, nrows = -1, skip = 0,
##     check.names = TRUE, fill = !blank.lines.skip, strip.white = FALSE,
##     blank.lines.skip = TRUE, comment.char = "#", allowEscapes = FALSE,
##     flush = FALSE, stringsAsFactors = FALSE, fileEncoding = "",
##     encoding = "unknown", text, skipNul = FALSE)
## NULL
```

Alguns importantes são:

- `header`: Especifica se a primeira linha do arquivo contém nomes de coluna (cabeçalho). Se `header = TRUE`, a primeira linha é considerada como cabeçalho e os nomes das colunas são extraídos dessa linha. Se `header = FALSE`, a primeira linha é tratada como dados.
- `sep`: Define o caractere usado para separar os campos (colunas) no arquivo. Por padrão, é uma vírgula (`,`), mas você pode especificar outros caracteres, como ponto e vírgula (`;`).

- `dec`: Define o caractere usado para representar o separador decimal nos valores numéricos. Por exemplo, em alguns países, usa-se a vírgula (`,`), enquanto em outros, o ponto (`.`).
- `nrows`: Permite especificar o número máximo de linhas a serem lidas do arquivo. Útil quando você deseja ler apenas uma parte do arquivo.
- `na.strings`: Define os valores que devem ser tratados como NA (valores ausentes). Por exemplo, se você tiver "N/A" ou "NA" no arquivo, pode especificá-los aqui.
- `skip`: Indica quantas linhas devem ser ignoradas no início do arquivo antes de começar a leitura. Útil para pular cabeçalhos ou linhas de comentário.
- `comment.char`: Define o caractere usado para indicar comentários no arquivo. Linhas começando com esse caractere serão ignoradas.

Se o arquivo fosse um CSV (valores separados por vírgula), poderíamos usar:

```
dados_csv <- read.table("dados.csv", header = TRUE, sep = ",")
```

8.4 A função `read.csv()`

A função `read.csv()` é otimizada para a leitura de arquivos CSV (Comma-Separated Values). A principal diferença entre `read.table()` e `read.csv()` é que esta última tem o separador padrão como vírgula.

```
# Leitura de arquivo CSV com read.csv
dados_csv <- read.csv("dados.csv", header = TRUE)
```

Os argumentos adicionais são semelhantes aos da função `read.table()`.

8.5 A função `read.csv2()`

A função `read.csv2()` é semelhante à `read.csv()`, mas o separador padrão é um ponto e vírgula.

```
# Leitura de CSV com separador ponto e vírgula
dados_csv2 <- read.csv2("dados.csv2", header = TRUE)
```

8.6 A Função `read_excel()` do pacote `readxl`

Para ler arquivos Excel (.xls e .xlsx), utilizamos a função `read_excel()` do pacote `readxl`.

```
library(readxl)
# Sintaxe básica
read_excel(path, sheet = NULL, range = NULL, col_names = TRUE,
           col_types = NULL, na = "", trim_ws = TRUE, skip = 0, n_max = Inf,
           guess_max = min(1000, n_max), progress = readxl_progress())
```

Principais parâmetros

- `path`: O caminho do arquivo Excel a ser lido. Este é um argumento obrigatório. Pode ser um caminho local ou uma URL.
- `sheet`: O nome ou o índice da aba (planilha) do Excel a ser lida. Se não especificado, a função lerá a primeira aba.
- `range`: Um intervalo específico a ser lido, como "A1:D10". Se `NULL` (padrão), a função lê toda a aba.
- `col_names`: Um argumento lógico (`TRUE` ou `FALSE`) que indica se a primeira linha da planilha deve ser usada como nomes das colunas no data frame. O padrão é `TRUE`.
- `col_types`: Um vetor de tipos de colunas que podem ser `"blank"`, `"numeric"`, `"date"`, `"text"`, ou `"guess"`. O padrão é `NULL`, o que permite que a função adivinhe os tipos de coluna automaticamente.
- `na`: Um vetor de strings que devem ser interpretadas como valores ausentes (`NA`). O padrão é " " (string vazia).
- `trim_ws`: Um argumento lógico (`TRUE` ou `FALSE`) que indica se os espaços em branco devem ser removidos do início e do fim dos valores de texto. O padrão é `TRUE`.
- `skip`: Número de linhas a serem ignoradas antes de começar a leitura. O padrão é 0.
- `n_max`: Número máximo de linhas a serem lidas. O padrão é `Inf`, o que significa que todas as linhas são lidas.

Vamos considerar um exemplo em que temos um arquivo Excel chamado `"instragram.xlsx"` com três planilhas: `"Sheet1"`, `"Sheet2"` e `"Sheet3"`. Este arquivo pode ser baixado em link. Vamos ler a primeira planilha (`Sheet1`):

```
dados <- read_excel(path = "instagram.xlsx",
                    sheet = "Sheet1",
                    col_names = TRUE,
                    trim_ws = TRUE)
```

8.7 Leitura de Dados Online

É possível ler diretamente dados hospedados em URLs usando funções como `read.table()`.

```r
# Leitura de dados online com read.table
url <- "https://example.com/data.csv"
dados_online <- read.table(url, header = TRUE, sep = ",")
```

Chapter 9

Pipe

9.1 O operador pipe

O operador pipe (`%>%`) em R é uma ferramenta essencial para escrever código de maneira mais limpa e legível, permitindo que os resultados de uma função sejam passados diretamente como entrada para a próxima função, sem a necessidade de criar variáveis intermediárias.

O operador pipe foi popularizado pelo pacote `magrittr`, desenvolvido por Stefan Milton Bache e lançado em 2014. O nome "magrittr" é uma referência ao artista surrealista René Magritte, famoso pela pintura "Ceci n'est pas une pipe" (Isto não é um cachimbo), que inspirou a ideia de que o operador pipe permite que dados fluam através de uma sequência de operações de maneira intuitiva e sem a necessidade de variáveis temporárias.

Para começar a utilizar o pipe, instale e carregue o pacote `magrittr`.

```
install.packages("magrittr")
library(magrittr)
```

O operador pipe `%>%` permite que o valor de uma expressão à esquerda seja passado como o primeiro argumento para a função à direita. Isto permite que o código seja lido de cima para baixo, em vez de dentro para fora, facilitando a compreensão e o fluxo de dados. Por exemplo:

```
library(magrittr)
x <- c(1, 2, 3, 4)
sqrt(sum(x))
## [1] 3.16
```

```
# Com o pipe
x %>% sum() %>% sqrt()
## [1] 3.16
```

Outro exemplo

```
resultado <- sqrt(sum(log(abs(x))))
```

Com o operador pipe, o mesmo código pode ser reescrito de forma mais clara:

```
resultado <- x %>%
  abs() %>%
  log() %>%
  sum() %>%
  sqrt()
```

Às vezes, desejamos que o resultado do lado esquerdo do operador pipe seja inserido em um argumento diferente do primeiro na função do lado direito. Nesses casos, usamos um ponto (`.`) como um marcador para indicar onde o valor deve ser colocado.

```
# Queremos que o dataset seja recebido pelo segundo argumento (data=) da função "lm".

airquality %>%
  na.omit() %>%
  lm(Ozone ~ Wind + Temp + Solar.R, data = .) %>%
  summary()
##
## Call:
## lm(formula = Ozone ~ Wind + Temp + Solar.R, data = .)
##
## Residuals:
##     Min      1Q  Median      3Q     Max
## -40.48 -14.22  -3.55  10.10  95.62
##
## Coefficients:
##             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) -64.3421    23.0547   -2.79   0.0062 **
## Wind         -3.3336     0.6544   -5.09  1.5e-06 ***
## Temp          1.6521     0.2535    6.52  2.4e-09 ***
## Solar.R       0.0598     0.0232    2.58   0.0112 *
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
```

```
## Residual standard error: 21.2 on 107 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.606,  Adjusted R-squared:  0.595
## F-statistic: 54.8 on 3 and 107 DF,  p-value: <2e-16
```

9.2 Exercícios

1. Reescreva a expressão abaixo utilizando o %>%,

```
round(mean(sum(1:10)/3), digits = 1)
```

Dica: utilize a função `magrittr::divide_by()`, Veja o help da função para mais informações.

```
1:10 %>%
  sum() %>%
  magrittr::divide_by(3) %>%
  mean() %>%
  round(digits=1)
## [1] 18.3
```

2. Reescreva o código abaixo utilizando o %>%.

```
x <- rnorm(100)

x.pos <- x[x>0]

media <- mean(x.pos)

saida <- round(media, 2)
```

Dica: utilize a função `magrittr::extract()`. Veja o help da função para mais informações.

```
set.seed(123)
rnorm(100) %>%
  magrittr::extract(.>0) %>%
  mean() %>%
  round(digits = 2)
## [1] 0.79
```

3. Sem rodar, diga qual a saída do código abaixo. Consulte o help das funções caso precise.

```
2 %>%
  add(2) %>%
  c(6, NA) %>%
  mean(na.rm = T) %>%
  equals(5)
```

- Primeiro, somamos 2 com 2, gerando o valor 4.
- Então colocamos esse valor em um vetor com os valores 6 e `NA`.
- Em seguida, tiramos a média desse vetor, desconsiderando o `NA`, obtendo o valor 5.
- Por fim, testemos se o valor é igual a 5, obtendo o valor `TRUE`.

Chapter 10

Loop while

A instrução `while` em R é uma estrutura de controle de fluxo que permite executar um bloco de código repetidamente, enquanto uma condição especificada for verdadeira. É particularmente útil para situações em que o número de repetições não é conhecido antecipadamente, mas depende de alguma condição lógica.

```
# Sintaxe
while (condição) {
  # Bloco de código a ser executado
}
```

- **condição**: Uma expressão lógica que é avaliada antes de cada iteração do loop. Enquanto essa condição for `TRUE`, o bloco de código dentro do while será executado.
- **Bloco de código**: As instruções que devem ser repetidamente executadas enquanto a condição for verdadeira.

Como funciona o while

- **Avaliação da Condição**: Antes de cada execução do bloco de código, a condição é avaliada.
- **Execução do Bloco de Código**: Se a condição for `TRUE`, o bloco de código dentro do `while` é executado.
- **Reavaliação**: Após a execução do bloco de código, a condição é reavaliada. Se continuar a ser `TRUE`, o ciclo se repete. Se a condição for `FALSE`, o loop termina e o controle do programa continua com a próxima instrução após o `while`.

Exemplo 1: Somando números até um limite.

```
limite <- 10
soma <- 0
contador <- 1

while (contador <= limite) {
  soma <- soma + contador
  contador <- contador + 1
}

print(paste("A soma dos números de 1 a", limite, "é:", soma))
## [1] "A soma dos números de 1 a 10 é: 55"
```

Exemplo 2: Escrevendo a tabuada de um número inteiro

```
n <- as.numeric(readline("Digite um número inteiro: "))

print(paste("Tabuada do",n, ":"))
i=1
while (i <= 10){
  print(paste(n,"x",i, "=", n*i))
  i + 1
}
```

Explique porque o programa acima não termina. Qual o erro no nosso código?

Exemplo 3:

```
limite <- 10
soma <- 0
contador <- 1

while (contador <= limite) {
  soma <- soma + contador
  print(contador)
  if (contador == 3){
    break
  }
  contador <- contador + 1
}
## [1] 1
## [1] 2
## [1] 3
```

- **break** é uma instrução utilizada em ciclos para interromper a sua execução (sair de um ciclo antes de ter sido percorrido completamente). Quando o `break` é chamado, o loop é imediatamente interrompido, e o fluxo de execução continua na próxima linha de código após o loop.

Considerações importantes sobre o uso do `while()`

- **Condição de Parada**: É crucial garantir que a condição do `while` se torne `FALSE` em algum ponto para evitar loops infinitos que podem fazer o programa parar de responder.
- **Incremento/Decremento**: Certifique-se de que a variável que controla a condição seja atualizada adequadamente dentro do loop para evitar loops infinitos.
- **Desempenho**: Loops `while` podem ser menos eficientes do que loops vetorizados em R, portanto, para grandes conjuntos de dados, considere outras abordagens, como aplicar funções vetorizadas (`apply`, `lapply`, etc.).

10.1 Exercícios

1. Escreva um programa em R que peça ao utilizador um número inteiro n e escreva no ecrã os números inteiros de 0 a n, um por linha.

2. Escreva um programa em R que peça ao utilizador um número inteiro e escreva no ecrã o seu quadrado, perguntando em seguida se o utilizador quer terminar a utilização do programa.

3. Escreva um programa em R que peça ao utilizador um número inteiro n e escreva no ecrã o resultado do somatório dos primeiros n inteiros.

4. Escreva um programa em R que peça ao utilizador um número inteiro n e escreva no ecrã o número de pares no intervalo de 0 a n.

5. Usar um loop `while` para somar números inteiros positivos até que um número negativo seja inserido.

Escreva um programa em R que leia números do utilizador e some-os. O loop deve terminar quando o usuário inserir um número negativo. O programa deve então imprimir a soma dos números positivos inseridos.

6. Usar um loop while para implementar uma contagem regressiva.

Crie um programa em R que peça ao utilizador para inserir um número positivo e, em seguida, conte regressivamente até zero, imprimindo cada número no console.

7. Crie um programa em R que peça ao utilizador para inserir um número negativo e, em seguida, conte progressivamente até zero, imprimindo cada número no console.

8. Crie um programa em R que peça ao utilizador para inserir um número e, em seguida, contar regressivamente até zero, se o número for positivo e progressivamente se o número for negativo, imprimindo cada número no console.

9. Escreva um programa em R que leia um número inteiro não negativo do utilizador e calcule seu fatorial usando um loop `while`. Lembre que $0! = 1$ e que $4! = 4 \cdot 3 \cdot 2 \cdot 1$.

10. Escreva um programa em R que leia um número inteiro positivo e calcule a soma de seus dígitos usando um loop `while`. Por exemplo, $23 \rightarrow 2 + 3 = 5$.

11. Crie um programa em R que gere e imprima os números da sequência de Fibonacci até um valor máximo especificado pelo utilizador. 1 1 2 3 5 8 13…

Chapter 11

Loop for

A instrução `for` em R é uma estrutura de controle de fluxo que permite executar repetidamente um bloco de código para cada elemento em um conjunto de elementos. É especialmente útil para situações em que se conhece o número de iterações a serem realizadas com antecedência. A instrução for é amplamente utilizada em R para iterar sobre vetores, listas, data frames e outras estruturas de dados.

```
# Sintaxe
for (variável in sequência) {
  # Bloco de código a ser executado
}
```

- **variável**: Uma variável que assume o valor de cada elemento na sequência em cada iteração do loop.
- **sequência**: Um vetor, lista ou qualquer estrutura de dados sobre a qual se deseja iterar.
- **bloco de código**: O conjunto de instruções que serão executadas para cada elemento da sequência.

Como funciona o `for()`

- **Inicialização**: Antes do loop começar, a variável de controle é inicializada com o primeiro elemento da sequência.
- **Iteração**: Em cada iteração do loop, a variável de controle assume o próximo valor da sequência.
- **Execução do Bloco de Código**: O bloco de código dentro do loop é executado uma vez para cada elemento da sequência.

- **Finalização**: O loop termina quando todos os elementos da sequência forem processados.

Exemplo 1: Imprima os números de 0 a 10 no ecrã.

```
for (i in 0:10) {
  print(i)
}
## [1] 0
## [1] 1
## [1] 2
## [1] 3
## [1] 4
## [1] 5
## [1] 6
## [1] 7
## [1] 8
## [1] 9
## [1] 10
```

Exemplo 2: Soma dos elementos de um vetor

```
numeros <- c(1, 2, 3, 4, 5)
soma <- 0

for (num in numeros) {
  soma <- soma + num
}

print(paste("A soma dos números é:", soma))
## [1] "A soma dos números é: 15"
```

Exemplo 3: Uso do `for` com índices. Você também pode usar o loop for para iterar sobre índices de vetores ou listas, o que pode ser útil quando se deseja acessar ou modificar elementos em posições específicas. Multiplique por 2 os elementos do vetor.

```
numeros <- c(10, 20, 30, 40, 50)

for (i in 1:length(numeros)) {
  numeros[i] <- numeros[i] * 2
}

print("Elementos do vetor multiplicados por 2:")
## [1] "Elementos do vetor multiplicados por 2:"
```

```r
print(numeros)
## [1]  20  40  60  80 100
```

Exemplo 4: Exemplo com matrizes. O loop for também pode ser usado para iterar sobre elementos de uma matriz, seja por linha ou por coluna.

```r
matriz <- matrix(1:9, nrow=3, ncol=3)
soma_linhas <- numeric(nrow(matriz))

for (i in 1:nrow(matriz)) {
  soma_linhas[i] <- sum(matriz[i, ])
}

print("Soma dos elementos de cada linha:")
## [1] "Soma dos elementos de cada linha:"

print(soma_linhas)
## [1] 12 15 18
```

Exemplo 5: Cálculo de Médias de Colunas em um Data Frame

```r
dados <- data.frame(
A = c(1, 2, 3),
B = c(4, 5, 6),
C = c(7, 8, 9)
)

medias <- numeric(ncol(dados))

for (col in 1:ncol(dados)) {
  medias[col] <- mean(dados[, col])
}

print("Médias das colunas do data frame:")
## [1] "Médias das colunas do data frame:"

print(medias)
## [1] 2 5 8
```

11.1 Exercícios

1. Escreva um programa em R que use um loop `for` para imprimir todos os números de 1 a 10.

2. Escreva um programa em R que use um loop `for` para imprimir o quadrado de cada número de 1 a 5.

3. Escreva um programa em R que some todos os elementos do vetor `numeros <- c(2, 4, 6, 8, 10)` usando um loop `for`.

4. Escreva um programa em R que calcule a média das notas no vetor `notas <- c(85, 90, 78, 92, 88)` usando um loop `for`.

5. Escreva um programa em R que imprima todos os números ímpares do vetor `valores <- c(1, 3, 4, 6, 9, 11, 14)`. Utilize um loop `for`.

6. Escreva um programa em R que leia um número inteiro e use um loop `for` para imprimir sua tabuada de 1 a 10.

7. Escreva um programa em R que leia um número inteiro e use um loop `for` para dizer se o número é perfeito ou não. Um número perfeito é aquele cuja soma de seus divisores próprios é igual ao próprio número. Exemplo: 6 tem 1,2,3 como divisores próprios e 1+2+3=6.

8. Escreva um programa em R que use um loop `for` para encontrar e imprimir todos os números perfeitos entre 1 e 1000.

9. Escreva um programa em R que leia um inteiro n e um inteiro m e escreva os números entre 0 e n, inclusive, de m em m. Utilize um ciclo `for` para o efeito.

10. Escreva um programa que calcule a média de um conjunto de notas fornecidas pelo utilizador. O número de notas que irão ser inseridas são previamente indicadas pelo utilizador. Utilize um loop `for` para o efeito. Segue-se um exemplo da interação com o computador.

```
Digite o número de notas que serão inseridas: 4

Digite a nota: 12

Digite a nota: 13

Digite a nota: 15.5

Digite a nota: 16

A média das notas é 14.125
```

11. Crie uma matriz 4×4 com números de 1 a 16. Utilizando o comando de repetição `for` calcule:

(a) a média da terceira coluna da matriz.

(b) a média da terceira linha da matriz.

(c) a média de cada coluna da matriz.

(d) a média de cada linha da matriz.

(e) a média dos números pares de cada coluna da matriz.

(f) a média dos números ímpares de cada linha da matriz.

Obs: Use comandos de decisão (`if…else…`) sempre que necessário.

Chapter 12

Família `Xapply()`

A família `Xapply()` no R refere-se a um conjunto de funções que são usadas para iterar sobre objetos de forma eficiente, substituindo a necessidade de ciclos explícitos como `for`. Essas funções são muito úteis para realizar operações repetitivas em listas, vetores, matrizes, data frames e outros objetos, de maneira concisa e muitas vezes mais rápida.

Função	**Argumentos**	**Objetivo**	**Input**	**Output**
`apply`	`apply(x, MARGIN, FUN)`	Aplica uma função às linhas ou colunas ou a ambas	Data frame ou matriz	vetor, lista, array
`lapply`	`lapply(x, FUN)`	Aplica uma função a todos os elementos da entrada	Lista, vetor ou data frame	lista
`sapply`	`sapply(x, FUN)`	Aplica uma função a todos os elementos da entrada	Lista, vetor ou data frame	vetor ou matriz
`tapply`	`tapply(x, INDEX, FUN)`	Aplica uma função a cada fator	Vetor ou data frame	array

12.1 Função apply()

Aplica uma função a margens (linhas ou colunas) de uma matriz ou data frame e fornece saída em vetor, lista ou array. É usada para evitar loops (ciclos).

```
# Sintaxe
apply(X, MARGIN, FUN)
```

- X: A matriz ou data frame.
- MARGIN: Indica se a função deve ser aplicada a linha (1) ou coluna (2).
- FUN: A função a ser aplicada.

Exemplo: Calcular a soma, a média e a raíz quadrada de cada coluna de uma matriz.

```
matriz <- matrix(1:9, nrow = 3)

apply(matriz, 2, sum)
## [1]  6 15 24

apply(matriz, 2, mean)
## [1] 2 5 8

f <- function(x) sqrt(x)
apply(matriz, 2, f)
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,] 1.00 2.00 2.65
## [2,] 1.41 2.24 2.83
## [3,] 1.73 2.45 3.00
```

12.2 Função lapply()

Aplica uma função a cada elemento de uma lista ou vetor e retorna uma lista. É útil quando você precisa manter a estrutura de saída como uma lista.

```
# Sintaxe
lapply(X, FUN, ...)
```

- X: A lista ou vetor.
- FUN: A função a ser aplicada.

Exemplo 1:

```
nomes <- c("ANA", "JOAO", "PAULO", "FILIPA")
(nomes_minusc <- lapply(nomes, tolower))
## [[1]]
## [1] "ana"
##
## [[2]]
## [1] "joao"
##
## [[3]]
## [1] "paulo"
##
## [[4]]
## [1] "filipa"

str(nomes_minusc)
## List of 4
##  $ : chr "ana"
##  $ : chr "joao"
##  $ : chr "paulo"
##  $ : chr "filipa"
```

Exemplo 2:

```
# Aplicar a função sqrt a cada elemento de uma lista
vetor_dados <- list(a = 1:4, b = 5:8)
lapply(vetor_dados, sqrt)
## $a
## [1] 1.00 1.41 1.73 2.00
##
## $b
## [1] 2.24 2.45 2.65 2.83
```

12.3 Função `sapply()`

Similar ao `lapply()`, aplica uma função a cada elemento de uma lista, vetor ou data frame, mas tenta simplificar o resultado(saída) para um vetor ou matriz.

```
# Sintaxe
sapply(X, FUN, ...)
```

Exemplo

```r
dados <- 1:5
f <- function(x) x^2

lapply(dados, f)
## [[1]]
## [1] 1
##
## [[2]]
## [1] 4
##
## [[3]]
## [1] 9
##
## [[4]]
## [1] 16
##
## [[5]]
## [1] 25

sapply(dados, f)
## [1]  1  4  9 16 25
```

12.4 Função `tapply()`

Aplica uma função a grupos de valores em um vetor. É ideal para operações em subconjuntos de dados categorizados.

```r
# Sintaxe
tapply(X, INDEX, FUN, ...)
```

- `X`: O vetor de dados
- `INDEX`: Um fator ou lista de fatores que definem os grupos.
- `FUN`: A função a ser aplicada

Exemplo: O dataset `iris` no R é um dos conjuntos de dados mais conhecidos e frequentemente utilizados para exemplificar análises estatísticas e técnicas de aprendizado de máquina. Foi introduzido por Ronald A. Fisher em 1936 em seu artigo sobre a utilização de modelos estatísticos para discriminação de espécies de plantas. O objetivo deste conjunto de dados é prever a classe de cada uma das três espécies de flores (fatores): Setosa, Versicolor, Virginica. O conjunto de dados coleta informações para cada espécie sobre seu comprimento e largura.

```
iris
##     Sepal.Length Sepal.Width Petal.Length Petal.Width    Species
## 1            5.1         3.5          1.4         0.2     setosa
## 2            4.9         3.0          1.4         0.2     setosa
## 3            4.7         3.2          1.3         0.2     setosa
## 4            4.6         3.1          1.5         0.2     setosa
## 5            5.0         3.6          1.4         0.2     setosa
## 6            5.4         3.9          1.7         0.4     setosa
## 7            4.6         3.4          1.4         0.3     setosa
## 8            5.0         3.4          1.5         0.2     setosa
## 9            4.4         2.9          1.4         0.2     setosa
## 10           4.9         3.1          1.5         0.1     setosa
## 11           5.4         3.7          1.5         0.2     setosa
## 12           4.8         3.4          1.6         0.2     setosa
## 13           4.8         3.0          1.4         0.1     setosa
## 14           4.3         3.0          1.1         0.1     setosa
## 15           5.8         4.0          1.2         0.2     setosa
## 16           5.7         4.4          1.5         0.4     setosa
## 17           5.4         3.9          1.3         0.4     setosa
## 18           5.1         3.5          1.4         0.3     setosa
## 19           5.7         3.8          1.7         0.3     setosa
## 20           5.1         3.8          1.5         0.3     setosa
## 21           5.4         3.4          1.7         0.2     setosa
## 22           5.1         3.7          1.5         0.4     setosa
## 23           4.6         3.6          1.0         0.2     setosa
## 24           5.1         3.3          1.7         0.5     setosa
## 25           4.8         3.4          1.9         0.2     setosa
## 26           5.0         3.0          1.6         0.2     setosa
## 27           5.0         3.4          1.6         0.4     setosa
## 28           5.2         3.5          1.5         0.2     setosa
## 29           5.2         3.4          1.4         0.2     setosa
## 30           4.7         3.2          1.6         0.2     setosa
## 31           4.8         3.1          1.6         0.2     setosa
## 32           5.4         3.4          1.5         0.4     setosa
## 33           5.2         4.1          1.5         0.1     setosa
## 34           5.5         4.2          1.4         0.2     setosa
## 35           4.9         3.1          1.5         0.2     setosa
## 36           5.0         3.2          1.2         0.2     setosa
## 37           5.5         3.5          1.3         0.2     setosa
## 38           4.9         3.6          1.4         0.1     setosa
## 39           4.4         3.0          1.3         0.2     setosa
## 40           5.1         3.4          1.5         0.2     setosa
## 41           5.0         3.5          1.3         0.3     setosa
## 42           4.5         2.3          1.3         0.3     setosa
## 43           4.4         3.2          1.3         0.2     setosa
```

```
## 44          5.0         3.5          1.6         0.6     setosa
## 45          5.1         3.8          1.9         0.4     setosa
## 46          4.8         3.0          1.4         0.3     setosa
## 47          5.1         3.8          1.6         0.2     setosa
## 48          4.6         3.2          1.4         0.2     setosa
## 49          5.3         3.7          1.5         0.2     setosa
## 50          5.0         3.3          1.4         0.2     setosa
## 51          7.0         3.2          4.7         1.4 versicolor
## 52          6.4         3.2          4.5         1.5 versicolor
## 53          6.9         3.1          4.9         1.5 versicolor
## 54          5.5         2.3          4.0         1.3 versicolor
## 55          6.5         2.8          4.6         1.5 versicolor
## 56          5.7         2.8          4.5         1.3 versicolor
## 57          6.3         3.3          4.7         1.6 versicolor
## 58          4.9         2.4          3.3         1.0 versicolor
## 59          6.6         2.9          4.6         1.3 versicolor
## 60          5.2         2.7          3.9         1.4 versicolor
## 61          5.0         2.0          3.5         1.0 versicolor
## 62          5.9         3.0          4.2         1.5 versicolor
## 63          6.0         2.2          4.0         1.0 versicolor
## 64          6.1         2.9          4.7         1.4 versicolor
## 65          5.6         2.9          3.6         1.3 versicolor
## 66          6.7         3.1          4.4         1.4 versicolor
## 67          5.6         3.0          4.5         1.5 versicolor
## 68          5.8         2.7          4.1         1.0 versicolor
## 69          6.2         2.2          4.5         1.5 versicolor
## 70          5.6         2.5          3.9         1.1 versicolor
## 71          5.9         3.2          4.8         1.8 versicolor
## 72          6.1         2.8          4.0         1.3 versicolor
## 73          6.3         2.5          4.9         1.5 versicolor
## 74          6.1         2.8          4.7         1.2 versicolor
## 75          6.4         2.9          4.3         1.3 versicolor
## 76          6.6         3.0          4.4         1.4 versicolor
## 77          6.8         2.8          4.8         1.4 versicolor
## 78          6.7         3.0          5.0         1.7 versicolor
## 79          6.0         2.9          4.5         1.5 versicolor
## 80          5.7         2.6          3.5         1.0 versicolor
## 81          5.5         2.4          3.8         1.1 versicolor
## 82          5.5         2.4          3.7         1.0 versicolor
## 83          5.8         2.7          3.9         1.2 versicolor
## 84          6.0         2.7          5.1         1.6 versicolor
## 85          5.4         3.0          4.5         1.5 versicolor
## 86          6.0         3.4          4.5         1.6 versicolor
## 87          6.7         3.1          4.7         1.5 versicolor
## 88          6.3         2.3          4.4         1.3 versicolor
```

```
## 89          5.6         3.0          4.1         1.3 versicolor
## 90          5.5         2.5          4.0         1.3 versicolor
## 91          5.5         2.6          4.4         1.2 versicolor
## 92          6.1         3.0          4.6         1.4 versicolor
## 93          5.8         2.6          4.0         1.2 versicolor
## 94          5.0         2.3          3.3         1.0 versicolor
## 95          5.6         2.7          4.2         1.3 versicolor
## 96          5.7         3.0          4.2         1.2 versicolor
## 97          5.7         2.9          4.2         1.3 versicolor
## 98          6.2         2.9          4.3         1.3 versicolor
## 99          5.1         2.5          3.0         1.1 versicolor
## 100         5.7         2.8          4.1         1.3 versicolor
## 101         6.3         3.3          6.0         2.5  virginica
## 102         5.8         2.7          5.1         1.9  virginica
## 103         7.1         3.0          5.9         2.1  virginica
## 104         6.3         2.9          5.6         1.8  virginica
## 105         6.5         3.0          5.8         2.2  virginica
## 106         7.6         3.0          6.6         2.1  virginica
## 107         4.9         2.5          4.5         1.7  virginica
## 108         7.3         2.9          6.3         1.8  virginica
## 109         6.7         2.5          5.8         1.8  virginica
## 110         7.2         3.6          6.1         2.5  virginica
## 111         6.5         3.2          5.1         2.0  virginica
## 112         6.4         2.7          5.3         1.9  virginica
## 113         6.8         3.0          5.5         2.1  virginica
## 114         5.7         2.5          5.0         2.0  virginica
## 115         5.8         2.8          5.1         2.4  virginica
## 116         6.4         3.2          5.3         2.3  virginica
## 117         6.5         3.0          5.5         1.8  virginica
## 118         7.7         3.8          6.7         2.2  virginica
## 119         7.7         2.6          6.9         2.3  virginica
## 120         6.0         2.2          5.0         1.5  virginica
## 121         6.9         3.2          5.7         2.3  virginica
## 122         5.6         2.8          4.9         2.0  virginica
## 123         7.7         2.8          6.7         2.0  virginica
## 124         6.3         2.7          4.9         1.8  virginica
## 125         6.7         3.3          5.7         2.1  virginica
## 126         7.2         3.2          6.0         1.8  virginica
## 127         6.2         2.8          4.8         1.8  virginica
## 128         6.1         3.0          4.9         1.8  virginica
## 129         6.4         2.8          5.6         2.1  virginica
## 130         7.2         3.0          5.8         1.6  virginica
## 131         7.4         2.8          6.1         1.9  virginica
## 132         7.9         3.8          6.4         2.0  virginica
## 133         6.4         2.8          5.6         2.2  virginica
```

```
## 134          6.3         2.8          5.1         1.5  virginica
## 135          6.1         2.6          5.6         1.4  virginica
## 136          7.7         3.0          6.1         2.3  virginica
## 137          6.3         3.4          5.6         2.4  virginica
## 138          6.4         3.1          5.5         1.8  virginica
## 139          6.0         3.0          4.8         1.8  virginica
## 140          6.9         3.1          5.4         2.1  virginica
## 141          6.7         3.1          5.6         2.4  virginica
## 142          6.9         3.1          5.1         2.3  virginica
## 143          5.8         2.7          5.1         1.9  virginica
## 144          6.8         3.2          5.9         2.3  virginica
## 145          6.7         3.3          5.7         2.5  virginica
## 146          6.7         3.0          5.2         2.3  virginica
## 147          6.3         2.5          5.0         1.9  virginica
## 148          6.5         3.0          5.2         2.0  virginica
## 149          6.2         3.4          5.4         2.3  virginica
## 150          5.9         3.0          5.1         1.8  virginica

tapply(iris$Petal.Length, iris$Species, mean)
##     setosa versicolor  virginica
##       1.46       4.26       5.55
```

12.5 Exercícios

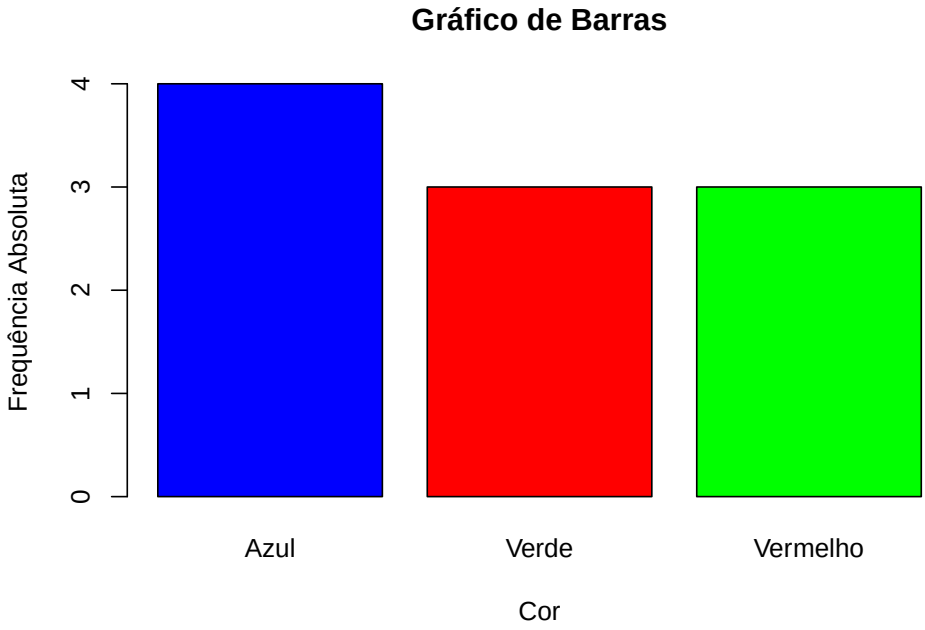
Chapter 13

Gráficos (R base)

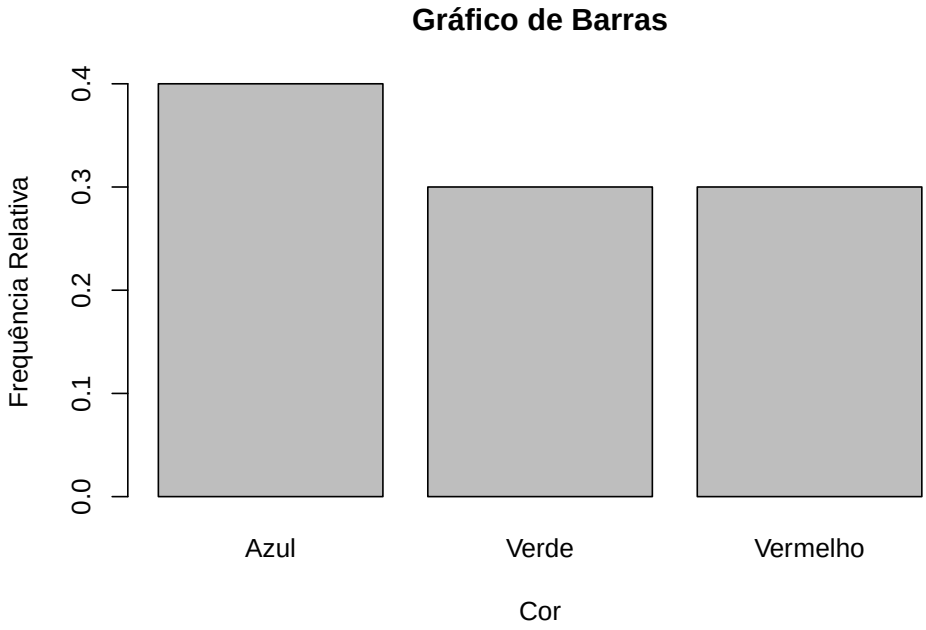
13.1 Gráfico de Barras

Gráfico de barras: Conjunto de barras verticais ou horizontais. Cada barra representa uma categoria, e a altura da barra mostra a frequência sbsoluta ou relativa dessa categoria. A largura das barras não tem significado.

```r
# Dados de exemplo: cores favoritas
cores <- c("Azul", "Vermelho", "Verde", "Azul", "Verde",
"Vermelho", "Azul", "Verde", "Azul", "Vermelho")

# Calcular as frequências absolutas
frequencia_absoluta <- table(cores)

# Criar o gráfico de barras com frequências absolutas
barplot(frequencia_absoluta,
  main = "Gráfico de Barras",
  xlab = "Cor",
  ylab = "Frequência Absoluta",
  col = c("blue", "red", "green"))
```



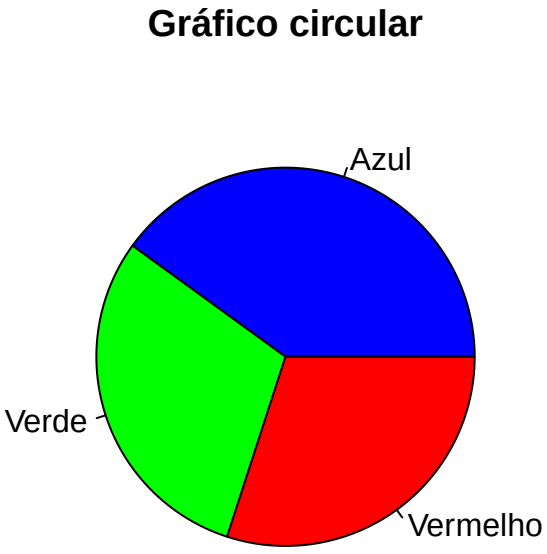

```r
# Calcular as frequências relativas
frequencia_relativa <- frequencia_absoluta / length(cores)

# Criar o gráfico de barras com frequências relativas
barplot(frequencia_relativa,
  main = "Gráfico de Barras",
  xlab = "Cor",
  ylab = "Frequência Relativa")
```



13.2 Gráfico circular (pizza)

Gráfico circular: Exibe as proporções ou percentagens de diferentes categorias de dados em relação a um todo. Cada categoria é representada como uma "fatia" do círculo, e o tamanho de cada fatia é proporcional à sua contribuição para o total.

```
# Criar gráfico circular
pie(frequencia_relativa, main="Gráfico circular",
  col=c("blue","green","red"))
```



13.3 Histograma

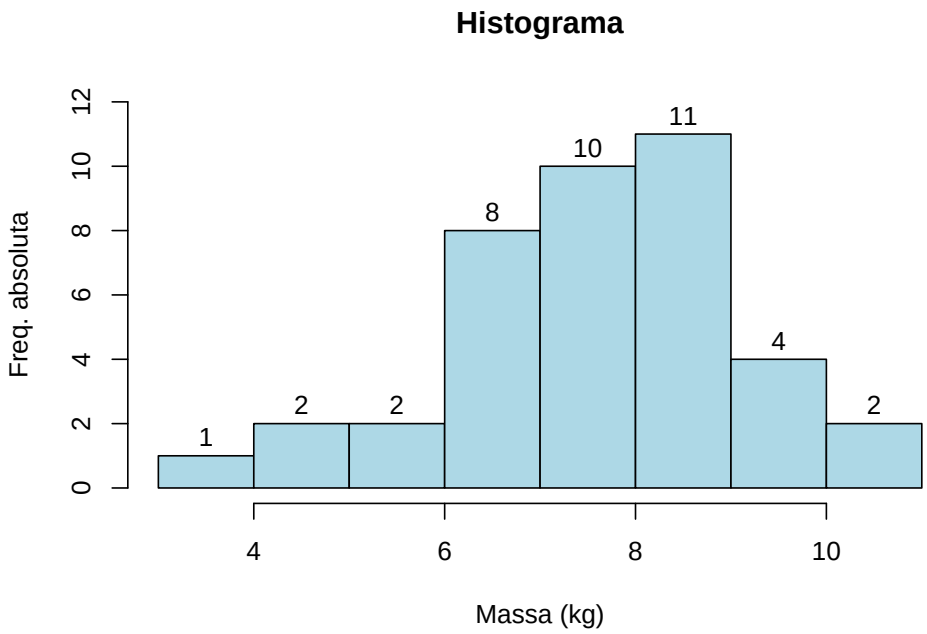
Histograma é uma representação gráfica dos dados em que se marcam as classes (intervalos) no eixo horizontal e as frequências (absuluta ou relativa) no eixo vertical.

- Cada retângulo corresponde a uma classe.
- A largura de cada retângulo é igual à amplitude da classe
- Se as classes tiverem todas a mesma amplitude, a altura do retângulo é proporcional à frequência.

Por default, o R utiliza a frequência absoluta para construir o histograma. Se tiver interesse em representar as frequências relativas, utilize a opção `freq=FALSE` nos argumentos da função `hist()`. O padrão de intervalo de classe no R é $(a, b]$.

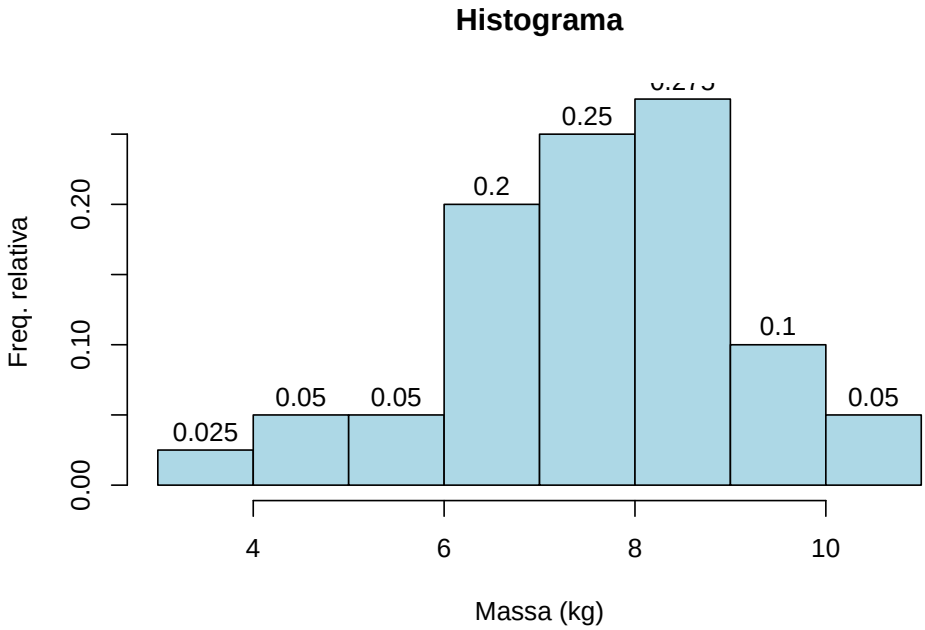
```
# Considere os dados referentes à massa (em kg) de 40 bicicletas

bicicletas <- c(4.3,6.8,9.2,7.2,8.7,8.6,6.6,5.2,8.1,10.9,7.4,4.5,3.8,7.6,6.8,7.8,8.4,7

h <- hist(bicicletas,
  main = "Histograma",
  xlab = "Massa (kg)",
  ylab = "Freq. absoluta",
```

```
  ylim = c(0,12),
  labels = TRUE,
  col = "lightblue")
```



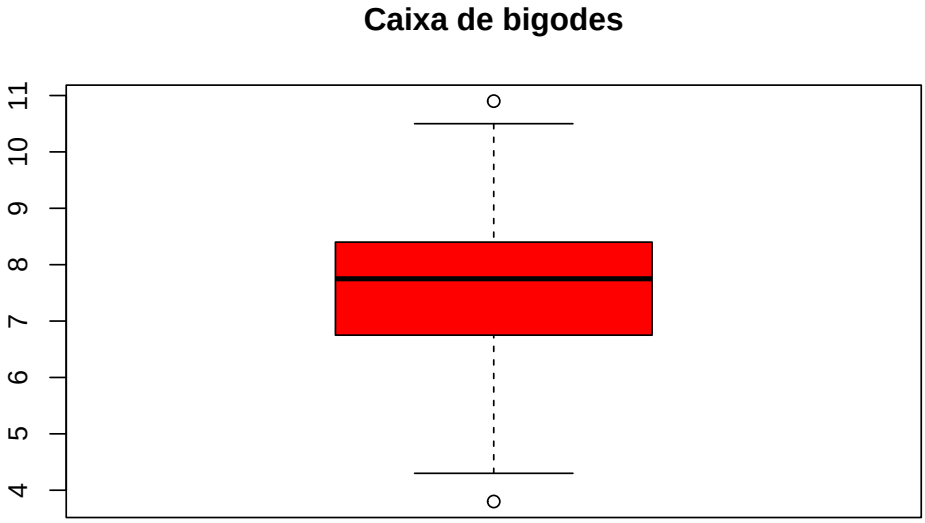

```
# Pontos limites das classes
h$breaks
## [1]  3  4  5  6  7  8  9 10 11

# O comando h$counts retorna um vetor com as frequências absolutas dentro de cada classe
h$counts
## [1]  1  2  2  8 10 11  4  2
```

```
# Histograma com frequência relativa
hist(bicicletas,
  main = "Histograma",
  xlab = "Massa (kg)",
  ylab = "Freq. relativa",
  freq = FALSE,
  labels = TRUE,
  col = "lightblue")
```

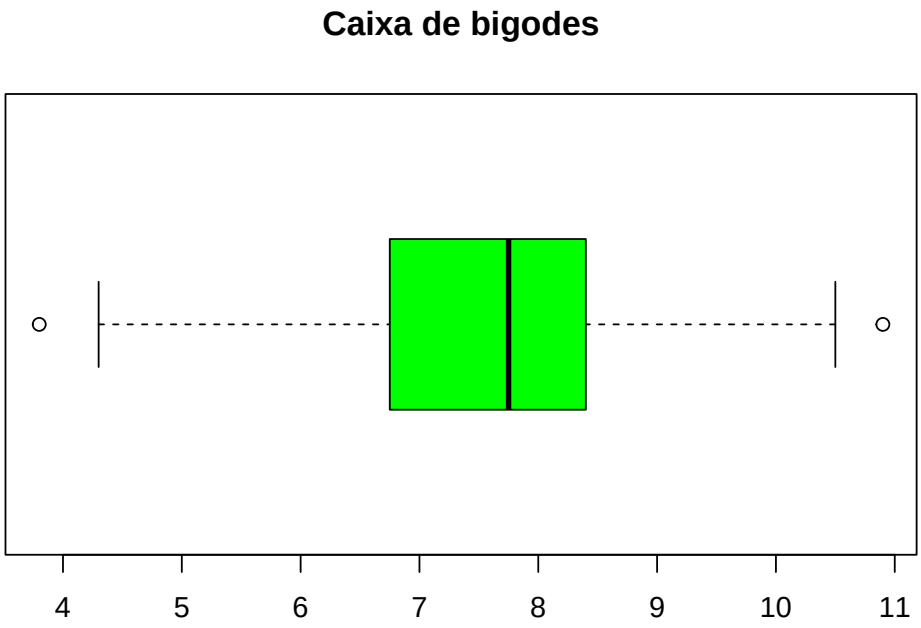


13.4 Box-plot

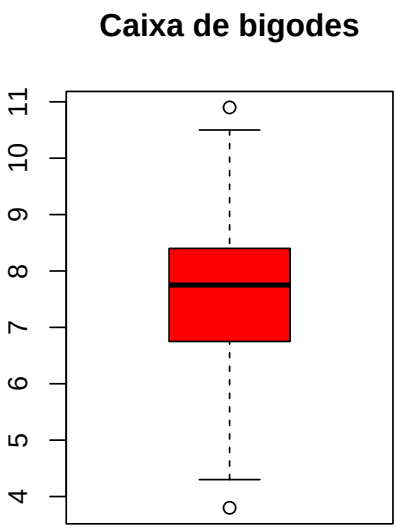
```
# Caixa de bigodes vertical
boxplot(bicicletas, main = "Caixa de bigodes", col="red")
```

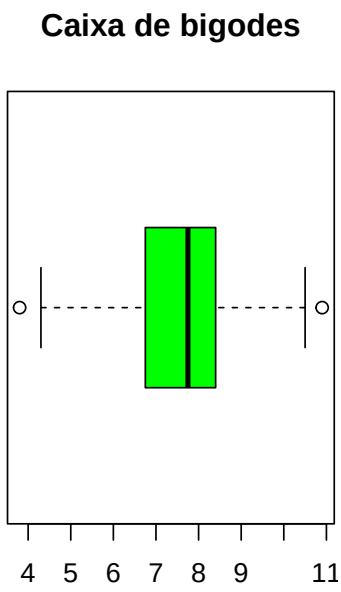


```
# Caixa de bigodes horizontal
boxplot(bicicletas, main = "Caixa de bigodes", col="green", horizontal = TRUE)
```




```
# Caixa de bigodes lado a lado
par(mfrow=c(1,2))

# Caixa de bigodes vertical
boxplot(bicicletas,main = "Caixa de bigodes",col = "red")

# Caixa de bigodes horizontal
boxplot(bicicletas,main = "Caixa de bigodes",col = "green",horizontal = TRUE)
```






```
dev.off()
```

```
## null device
##           1
```

Chapter 14

Manipulação de dados

14.1 Tibbles

Tibbles são uma versão aprimorada dos data frames no R, introduzida pelo pacote `tibble`, que faz parte do `tidyverse`, um conjunto de pacotes projetados para a ciência de dados. Um tibble fornece uma estrutura de dados mais moderna e amigável, melhorando a experiência de manipulação de dados no R.

Diferenças Principais entre Tibble e Data Frame

Característica	Data Frame	Tibble
Impressão no Console	Exibe todos os dados	Exibe um resumo com 10 linhas e colunas visíveis
Conversão de Strings	Converte strings para fatores por padrão	Mantém strings como caracteres
Manuseio de Colunas	Apenas vetores, listas podem ser problemáticas	Permite listas, funções, outros tibbles
Nomes de Colunas	Nomes devem ser únicos e sem espaços	Nomes podem ter espaços, ser duplicados, etc.
Retorno de Subsetting (`[`)	Pode retornar um vetor ou data frame	Sempre retorna um tibble
Compatibilidade e Integração	Totalmente compatível com base R	Compatível, mas otimizado para uso com tidyverse
Manipulação de Dados	Pode ser menos intuitivo para algumas operações	Mais amigável e intuitivo, especialmente com pipes

```r
library(tibble)

# Criando um tibble
tb <- tibble(
  x = 1:5,
  y = c("A", "B", "C", "D", "E"),
  z = x * 2
)

print(tb)
## # A tibble: 5 × 3
##       x y         z
##   <int> <chr> <dbl>
## 1     1 A         2
## 2     2 B         4
## 3     3 C         6
## 4     4 D         8
## 5     5 E        10
```

Conversão de data frame pra tibble:

```r
# Criando um data frame
df <- data.frame(
  x = 1:5,
  y = c("A", "B", "C", "D", "E")
)

# Convertendo para tibble
tb <- as_tibble(df)

print(tb)
## # A tibble: 5 × 2
##       x y
##   <int> <chr>
## 1     1 A
## 2     2 B
## 3     3 C
## 4     4 D
## 5     5 E
```

14.2 O pacote `dplyr`

O `dplyr` é um dos pacotes mais populares e amplamente utilizados no R para manipulação e transformação de dados. Ele faz parte do conjunto de pacotes

"tidyverse," que são projetados para simplificar o trabalho com dados no R. O `dplyr` oferece uma interface intuitiva e de fácil uso para realizar operações comuns em data frames, como seleção de colunas, filtragem de linhas, ordenação, resumo de dados e junção de data frames.

As principais funções do `dplyr` são:

- `select()` - seleciona colunas
- `arrange()` - ordena a base
- `filter()` - filtra linhas
- `mutate()` - cria/modifica colunas
- `group_by()` - agrupa a base
- `summarise()` - sumariza a base

Neste capítulo, vamos trabalhar com uma base de dados do Star Wars. Essa base está disponível dentro do pacote `dplyr` no R e pode ser acessada através do comando `starwars`.

Assim, utilizaremos o objeto `sw` para acessar os dados.

```
library(dplyr)
```

```
##
## Attaching package: 'dplyr'
```

```
## The following objects are masked from 'package:stats':
##
##     filter, lag
```

```
## The following objects are masked from 'package:base':
##
##     intersect, setdiff, setequal, union
```

```
sw <- starwars
sw
```

```
## # A tibble: 87 x 14
##    name     height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
##    <chr>     <int> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
##  1 Luke Sk~    172    77 blond      fair       blue            19   male  mascu~
##  2 C-3PO       167    75 <NA>       gold       yellow         112   none  mascu~
##  3 R2-D2        96    32 <NA>       white, bl~ red             33   none  mascu~
##  4 Darth V~    202   136 none       white      yellow          41.9 male  mascu~
##  5 Leia Or~    150    49 brown      light      brown           19   fema~ femin~
```

```
##  6 Owen La~    178   120 brown, gr~ light      blue            52   male  mascu~
##  7 Beru Wh~    165    75 brown      light      blue            47   fema~ femin~
##  8 R5-D4        97    32 <NA>       white, red red             NA   none  mascu~
##  9 Biggs D~    183    84 black      light      brown           24   male  mascu~
## 10 Obi-Wan~    182    77 auburn, w~ fair       blue-gray       57   male  mascu~
## # i 77 more rows
## # i 5 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
## #   vehicles <list>, starships <list>
```

14.2.1 Selecionando colunas

Para selecionar colunas, utilizamos a função `select()`. Repare que não precisamos colocar o nome da coluna entre aspas.

```
select(sw, name)
```

```
## # A tibble: 87 x 1
##    name
##    <chr>
##  1 Luke Skywalker
##  2 C-3PO
##  3 R2-D2
##  4 Darth Vader
##  5 Leia Organa
##  6 Owen Lars
##  7 Beru Whitesun Lars
##  8 R5-D4
##  9 Biggs Darklighter
## 10 Obi-Wan Kenobi
## # i 77 more rows
```

Também podemos selecionar várias colunas

```
select(sw, name, mass, hair_color)
```

```
## # A tibble: 87 x 3
##    name               mass hair_color
##    <chr>             <dbl> <chr>
##  1 Luke Skywalker       77 blond
##  2 C-3PO                75 <NA>
##  3 R2-D2                32 <NA>
##  4 Darth Vader         136 none
##  5 Leia Organa          49 brown
```

```
##  6 Owen Lars            120 brown, grey
##  7 Beru Whitesun Lars    75 brown
##  8 R5-D4                 32 <NA>
##  9 Biggs Darklighter     84 black
## 10 Obi-Wan Kenobi        77 auburn, white
## # i 77 more rows
```

Podemos usar o operador `:` para selecionar colunas consecutivas.

```
select(sw, name:hair_color)
```

```
## # A tibble: 87 x 4
##    name               height  mass hair_color
##    <chr>               <int> <dbl> <chr>
##  1 Luke Skywalker        172    77 blond
##  2 C-3PO                 167    75 <NA>
##  3 R2-D2                  96    32 <NA>
##  4 Darth Vader           202   136 none
##  5 Leia Organa           150    49 brown
##  6 Owen Lars             178   120 brown, grey
##  7 Beru Whitesun Lars    165    75 brown
##  8 R5-D4                  97    32 <NA>
##  9 Biggs Darklighter     183    84 black
## 10 Obi-Wan Kenobi        182    77 auburn, white
## # i 77 more rows
```

O `dplyr` possui um conjunto de funções auxiliares muito úteis para seleção de colunas. As principais são:

- `starts_with()`: para colunas que começam com um texto padrão
- `ends_with()`: para colunas que terminam com um texto padrão
- `contains()`: para colunas que contêm um texto padrão

```
select(sw, ends_with("color"))
```

```
## # A tibble: 87 x 3
##    hair_color    skin_color  eye_color
##    <chr>         <chr>       <chr>
##  1 blond         fair        blue
##  2 <NA>          gold        yellow
##  3 <NA>          white, blue red
##  4 none          white       yellow
##  5 brown         light       brown
```

```
##  6 brown, grey   light       blue
##  7 brown         light       blue
##  8 <NA>          white, red  red
##  9 black         light       brown
## 10 auburn, white fair        blue-gray
## # i 77 more rows
```

Para remover colunas basta acrescentar um - antes da seleção.

```
select(sw, -name, -hair_color)
```

```
## # A tibble: 87 x 12
##    height  mass skin_color  eye_color birth_year sex    gender homeworld species
##     <int> <dbl> <chr>       <chr>          <dbl> <chr>  <chr>  <chr>     <chr>
##  1    172    77 fair        blue            19   male   mascu~ Tatooine  Human
##  2    167    75 gold        yellow         112   none   mascu~ Tatooine  Droid
##  3     96    32 white, blue red             33   none   mascu~ Naboo     Droid
##  4    202   136 white       yellow          41.9 male   mascu~ Tatooine  Human
##  5    150    49 light       brown           19   female femin~ Alderaan  Human
##  6    178   120 light       blue            52   male   mascu~ Tatooine  Human
##  7    165    75 light       blue            47   female femin~ Tatooine  Human
##  8     97    32 white, red  red             NA   none   mascu~ Tatooine  Droid
##  9    183    84 light       brown           24   male   mascu~ Tatooine  Human
## 10    182    77 fair        blue-gray       57   male   mascu~ Stewjon   Human
## # i 77 more rows
## # i 3 more variables: films <list>, vehicles <list>, starships <list>
```

```
select(sw, -ends_with("color"))
```

```
## # A tibble: 87 x 11
##    name    height  mass birth_year sex   gender homeworld species films vehicles
##    <chr>    <int> <dbl>      <dbl> <chr> <chr>  <chr>     <chr>   <lis> <list>
##  1 Luke S~    172    77       19   male  mascu~ Tatooine  Human   <chr> <chr>
##  2 C-3PO      167    75      112   none  mascu~ Tatooine  Droid   <chr> <chr>
##  3 R2-D2       96    32       33   none  mascu~ Naboo     Droid   <chr> <chr>
##  4 Darth ~    202   136       41.9 male  mascu~ Tatooine  Human   <chr> <chr>
##  5 Leia O~    150    49       19   fema~ femin~ Alderaan  Human   <chr> <chr>
##  6 Owen L~    178   120       52   male  mascu~ Tatooine  Human   <chr> <chr>
##  7 Beru W~    165    75       47   fema~ femin~ Tatooine  Human   <chr> <chr>
##  8 R5-D4       97    32       NA   none  mascu~ Tatooine  Droid   <chr> <chr>
##  9 Biggs ~    183    84       24   male  mascu~ Tatooine  Human   <chr> <chr>
## 10 Obi-Wa~    182    77       57   male  mascu~ Stewjon   Human   <chr> <chr>
## # i 77 more rows
## # i 1 more variable: starships <list>
```

14.2.2 Exercícios

Utilize a base `sw` nos exercícios a seguir.

1. Teste aplicar a função `glimpse()` do pacote 'dplyr à base `sw`. O que ela faz?

2. Crie uma tabela com apenas as colunas `name`, `gender`, e `films`. Salve em um objeto chamado `sw_simples`.

3. Selecione apenas as colunas `hair_color`, `skin_color` e `eye_color` usando a função auxiliar `contains()`.

4. Usando a função `select()` (e suas funções auxiliares), escreva códigos que retornem a base `sw` sem as colunas `hair_color`, `skin_color` e `eye_color`. Escreva todas as soluções diferentes que você conseguir pensar.

14.2.3 Ordenando a base

Para ordenar linhas, utilizamos a função `arrange()`. O primeiro argumento é a base de dados. Os demais argumentos são as colunas pelas quais queremos ordenar as linhas.

```
arrange(sw, mass)
```

```
## # A tibble: 87 x 14
##    name     height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
##    <chr>     <int> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
##  1 Ratts T~     79    15 none       grey, blue unknown           NA male  mascu~
##  2 Yoda         66    17 white      green      brown            896 male  mascu~
##  3 Wicket ~     88    20 brown      brown      brown              8 male  mascu~
##  4 R2-D2        96    32 <NA>       white, bl~ red               33 none  mascu~
##  5 R5-D4        97    32 <NA>       white, red red               NA none  mascu~
##  6 Sebulba     112    40 none       grey, red  orange            NA male  mascu~
##  7 Padmé A~    185    45 brown      light      brown             46 fema~ femin~
##  8 Dud Bolt     94    45 none       blue, grey yellow            NA male  mascu~
##  9 Wat Tam~    193    48 none       green, gr~ unknown           NA male  mascu~
## 10 Sly Moo~    178    48 none       pale       white             NA <NA>  <NA>
## # i 77 more rows
## # i 5 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
## #   vehicles <list>, starships <list>
```

Também podemos ordenar de forma decrescente usando a função `desc()`.

```
arrange(sw, desc(mass))
```

```
## # A tibble: 87 x 14
##    name     height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
##    <chr>     <int> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
##  1 Jabba D~    175  1358 <NA>       green-tan~ orange         600   herm~ mascu~
##  2 Grievous    216   159 none       brown, wh~ green, y~       NA   male  mascu~
##  3 IG-88       200   140 none       metal      red             15   none  mascu~
##  4 Darth V~    202   136 none       white      yellow          41.9 male  mascu~
##  5 Tarfful     234   136 brown      brown      blue            NA   male  mascu~
##  6 Owen La~    178   120 brown, gr~ light      blue            52   male  mascu~
##  7 Bossk       190   113 none       green      red             53   male  mascu~
##  8 Chewbac~    228   112 brown      unknown    blue           200   male  mascu~
##  9 Jek Ton~    180   110 brown      fair       blue            NA   <NA>  <NA>
## 10 Dexter ~    198   102 none       brown      yellow          NA   male  mascu~
## # i 77 more rows
## # i 5 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
## #   vehicles <list>, starships <list>
```

Ordenar segundo duas ou mais colunas.

```
arrange(sw, desc(height), desc(mass))
```

```
## # A tibble: 87 x 14
##    name     height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
##    <chr>     <int> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
##  1 Yarael ~    264    NA none       white      yellow          NA   male  mascu~
##  2 Tarfful     234   136 brown      brown      blue            NA   male  mascu~
##  3 Lama Su     229    88 none       grey       black           NA   male  mascu~
##  4 Chewbac~    228   112 brown      unknown    blue           200   male  mascu~
##  5 Roos Ta~    224    82 none       grey       orange          NA   male  mascu~
##  6 Grievous    216   159 none       brown, wh~ green, y~       NA   male  mascu~
##  7 Taun We     213    NA none       grey       black           NA   fema~ femin~
##  8 Tion Me~    206    80 none       grey       black           NA   male  mascu~
##  9 Rugor N~    206    NA none       green      orange          NA   male  mascu~
## 10 Darth V~    202   136 none       white      yellow          41.9 male  mascu~
## # i 77 more rows
## # i 5 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
## #   vehicles <list>, starships <list>
```

14.2.4 Exercícios

1. Ordene `mass` em ordem crescente e `birth_year` em ordem decrescente e salve em um objeto chamado `sw_ordenados`.

```
sw_ordenados <- arrange(sw, mass, desc(birth_year))
sw_ordenados
```

2. Selecione apenas as colunas `name` e `birth_year` e então ordene de forma decrescente pelo `birth_year`.

```
# Aninhando funções
arrange(select(sw, name, birth_year), desc(birth_year))

# Criando um objeto intermediário
sw_aux <- select(sw, name, birth_year)
arrange(sw_aux, desc(birth_year))

# Pipe
sw %>%
  select(name, birth_year) %>%
  arrange(desc(birth_year))
```

14.2.5 Filtrando linhas

Para filtrar valores de uma coluna da base, utilizamos a função `filter()`.

```
# filter(sw, height > 170)
# Ou
sw %>% filter(height > 170)
```

```
## # A tibble: 55 x 14
##    name     height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
##    <chr>     <int> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
##  1 Luke Sk~    172    77 blond      fair       blue            19   male  mascu~
##  2 Darth V~    202   136 none       white      yellow          41.9 male  mascu~
##  3 Owen La~    178   120 brown, gr~ light      blue            52   male  mascu~
##  4 Biggs D~    183    84 black      light      brown           24   male  mascu~
##  5 Obi-Wan~    182    77 auburn, w~ fair       blue-gray       57   male  mascu~
##  6 Anakin ~    188    84 blond      fair       blue            41.9 male  mascu~
##  7 Wilhuff~    180    NA auburn, g~ fair       blue            64   male  mascu~
##  8 Chewbac~    228   112 brown      unknown    blue           200   male  mascu~
##  9 Han Solo    180    80 brown      fair       brown           29   male  mascu~
## 10 Greedo      173    74 <NA>       green      black           44   male  mascu~
## # i 45 more rows
## # i 5 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
## #   vehicles <list>, starships <list>
```

Podemos selecionar apenas as colunas `name` e `height` para visualizarmos as alturas:

```
sw %>%
  filter(height > 170) %>%
  select(name, height)
```

```
## # A tibble: 55 x 2
##    name               height
##    <chr>               <int>
##  1 Luke Skywalker        172
##  2 Darth Vader           202
##  3 Owen Lars             178
##  4 Biggs Darklighter     183
##  5 Obi-Wan Kenobi        182
##  6 Anakin Skywalker      188
##  7 Wilhuff Tarkin        180
##  8 Chewbacca             228
##  9 Han Solo              180
## 10 Greedo                173
## # i 45 more rows
```

Podemos estender o filtro para duas ou mais colunas.

```
filter(sw, height>170, mass>80)
```

```
## # A tibble: 21 x 14
##    name     height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
##    <chr>     <int> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
##  1 Darth V~    202   136 none       white      yellow          41.9 male  mascu~
##  2 Owen La~    178   120 brown, gr~ light      blue            52   male  mascu~
##  3 Biggs D~    183    84 black      light      brown           24   male  mascu~
##  4 Anakin ~    188    84 blond      fair       blue            41.9 male  mascu~
##  5 Chewbac~    228   112 brown      unknown    blue           200   male  mascu~
##  6 Jabba D~    175  1358 <NA>       green-tan~ orange         600   herm~ mascu~
##  7 Jek Ton~    180   110 brown      fair       blue            NA   <NA>  <NA>
##  8 IG-88       200   140 none       metal      red             15   none  mascu~
##  9 Bossk       190   113 none       green      red             53   male  mascu~
## 10 Ackbar      180    83 none       brown mot~ orange          41   male  mascu~
## # i 11 more rows
## # i 5 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
## #   vehicles <list>, starships <list>
```

```
sw %>% filter(height > 170, mass > 80)
```

```
## # A tibble: 21 x 14
##    name     height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
##    <chr>     <int> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
##  1 Darth V~    202   136 none       white      yellow          41.9 male  mascu~
##  2 Owen La~    178   120 brown, gr~ light      blue            52   male  mascu~
##  3 Biggs D~    183    84 black      light      brown           24   male  mascu~
##  4 Anakin ~    188    84 blond      fair       blue            41.9 male  mascu~
##  5 Chewbac~    228   112 brown      unknown    blue           200   male  mascu~
##  6 Jabba D~    175  1358 <NA>       green-tan~ orange         600   herm~ mascu~
##  7 Jek Ton~    180   110 brown      fair       blue            NA   <NA>  <NA>
##  8 IG-88       200   140 none       metal      red             15   none  mascu~
##  9 Bossk       190   113 none       green      red             53   male  mascu~
## 10 Ackbar      180    83 none       brown mot~ orange          41   male  mascu~
## # i 11 more rows
## # i 5 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
## #   vehicles <list>, starships <list>
```

Podemos filtrar colunas categóricas. O exemplo abaixo retorna uma tabela apenas com os personagens com cabelo preto ou castanho.

```
filter(sw, hair_color == "black" | hair_color == "brown")
```

```
## # A tibble: 31 x 14
##    name     height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
##    <chr>     <int> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
##  1 Leia Or~    150  49   brown      light      brown           19   fema~ femin~
##  2 Beru Wh~    165  75   brown      light      blue            47   fema~ femin~
##  3 Biggs D~    183  84   black      light      brown           24   male  mascu~
##  4 Chewbac~    228 112   brown      unknown    blue           200   male  mascu~
##  5 Han Solo    180  80   brown      fair       brown           29   male  mascu~
##  6 Wedge A~    170  77   brown      fair       hazel           21   male  mascu~
##  7 Jek Ton~    180 110   brown      fair       blue            NA   <NA>  <NA>
##  8 Boba Fe~    183  78.2 black      fair       brown           31.5 male  mascu~
##  9 Lando C~    177  79   black      dark       brown           31   male  mascu~
## 10 Arvel C~     NA  NA   brown      fair       brown           NA   male  mascu~
## # i 21 more rows
## # i 5 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
## #   vehicles <list>, starships <list>
```

```
sw %>% filter(hair_color %in% c("black","brown"))
```

```
## # A tibble: 31 x 14
##    name     height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
##    <chr>     <int> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
##  1 Leia Or~    150  49   brown      light      brown           19   fema~ femin~
##  2 Beru Wh~    165  75   brown      light      blue            47   fema~ femin~
##  3 Biggs D~    183  84   black      light      brown           24   male  mascu~
##  4 Chewbac~    228 112   brown      unknown    blue           200   male  mascu~
##  5 Han Solo    180  80   brown      fair       brown           29   male  mascu~
##  6 Wedge A~    170  77   brown      fair       hazel           21   male  mascu~
##  7 Jek Ton~    180 110   brown      fair       blue            NA   <NA>  <NA>
##  8 Boba Fe~    183  78.2 black      fair       brown           31.5 male  mascu~
##  9 Lando C~    177  79   black      dark       brown           31   male  mascu~
## 10 Arvel C~     NA  NA   brown      fair       brown           NA   male  mascu~
## # i 21 more rows
## # i 5 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
## #   vehicles <list>, starships <list>
```

Para filtrar textos sem correspondência exata, podemos utilizar a função auxiliar `str_detect()` do pacote `{stringr}`. Ela serve para verificar se cada string de um vetor contém um determinado padrão de texto.

```
library(stringr)

str_detect(
  string = c("a", "aa","abc", "bc", "A", NA),
  pattern = "a"
)
```

```
## [1]  TRUE  TRUE  TRUE FALSE FALSE    NA
```

Podemos utilizá-la para filtrar apenas os personagens com cabelo `grey`.

```
# Podemos detectar se o cabelo grey aparece na string
str_detect(
  string = sw$hair_color,
  pattern = "grey"
)
```

```
##  [1] FALSE    NA    NA FALSE FALSE  TRUE FALSE    NA FALSE FALSE FALSE  TRUE
## [13] FALSE FALSE    NA    NA FALSE FALSE FALSE  TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE
## [25] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
## [37] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
## [49] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
## [61] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
## [73] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
## [85] FALSE FALSE FALSE
```

```
library(stringr)
sw %>% filter(str_detect(hair_color,"grey"))
```

```
## # A tibble: 3 x 14
##   name      height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
##   <chr>      <int> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
## 1 Owen Lars    178   120 brown, gr~ light      blue              52 male  mascu~
## 2 Wilhuff ~    180    NA auburn, g~ fair       blue              64 male  mascu~
## 3 Palpatine    170    75 grey       pale       yellow            82 male  mascu~
## # i 5 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
## #   vehicles <list>, starships <list>
```

14.2.6 Exercícios

Utilize a base `sw` nos exercícios a seguir.

1. Crie um objeto chamado `humanos` apenas com personagens que sejam humanos.

2. Crie um objeto chamado `altos_fortes` com personagens que tenham mais de 200 cm de altura e peso maior que 100 kg.

3. Retorne tabelas (`tibbles`) apenas com:

a. Personagens humanos que nasceram antes de 100 anos antes da batalha de Yavin (`birth_year < 100`).

b. Personagens com cor `light` ou `red`.

c. Personagens com massa maior que 100 kg, ordenados de forma decrescente por altura, mostrando apenas as colunas `name`, `mass` e `height`.

d. Personagens que sejam "Humano" ou "Droid", e tenham uma altura maior que 170 cm.

e. Personagens que não possuem informação tanto de altura (height) quanto de massa (mass), ou seja, possuem NA em ambas as colunas.

14.2.7 Modificando e criando novas colunas

Para modificar uma coluna existente ou criar uma nova coluna, utilizamos a função `mutate()`. O código abaixo divide os valores da coluna `height` por 100, mudando a unidade de medida dessa variável de centímetros para metros.

```
sw %>% mutate(height = height/100)
```

```
## # A tibble: 87 x 14
##    name     height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
##    <chr>     <dbl> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
##  1 Luke Sk~   1.72    77 blond      fair       blue            19   male  mascu~
##  2 C-3PO      1.67    75 <NA>       gold       yellow         112   none  mascu~
##  3 R2-D2      0.96    32 <NA>       white, bl~ red             33   none  mascu~
##  4 Darth V~   2.02   136 none       white      yellow          41.9 male  mascu~
##  5 Leia Or~   1.5     49 brown      light      brown           19   fema~ femin~
##  6 Owen La~   1.78   120 brown, gr~ light      blue            52   male  mascu~
##  7 Beru Wh~   1.65    75 brown      light      blue            47   fema~ femin~
##  8 R5-D4      0.97    32 <NA>       white, red red             NA   none  mascu~
##  9 Biggs D~   1.83    84 black      light      brown           24   male  mascu~
## 10 Obi-Wan~   1.82    77 auburn, w~ fair       blue-gray       57   male  mascu~
## # i 77 more rows
## # i 5 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
## #   vehicles <list>, starships <list>
```

Também poderíamos ter criado essa variável em uma nova coluna. Repare que a nova coluna `height_meters` é colocada no final da tabela.

```
sw %>% mutate(height_meters = height/100)
```

```
## # A tibble: 87 x 15
##    name     height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
##    <chr>     <int> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
##  1 Luke Sk~    172    77 blond      fair       blue            19   male  mascu~
##  2 C-3PO       167    75 <NA>       gold       yellow         112   none  mascu~
##  3 R2-D2        96    32 <NA>       white, bl~ red             33   none  mascu~
##  4 Darth V~    202   136 none       white      yellow          41.9 male  mascu~
##  5 Leia Or~    150    49 brown      light      brown           19   fema~ femin~
##  6 Owen La~    178   120 brown, gr~ light      blue            52   male  mascu~
##  7 Beru Wh~    165    75 brown      light      blue            47   fema~ femin~
##  8 R5-D4        97    32 <NA>       white, red red             NA   none  mascu~
##  9 Biggs D~    183    84 black      light      brown           24   male  mascu~
## 10 Obi-Wan~    182    77 auburn, w~ fair       blue-gray       57   male  mascu~
## # i 77 more rows
## # i 6 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
## #   vehicles <list>, starships <list>, height_meters <dbl>
```

Podemos fazer qualquer operação com uma ou mais colunas. Abaixo vamos criar um tibble que contenha as colunas `name`, `height`, `mass`, e uma nova coluna `BMI`, que calcule o Índice de Massa Corporal (IMC) de cada personagem, usando a fórmula `mass / (height/100)^2`. Caso `height` ou `mass` seja `NA`, a coluna `BMI` deve ser `NA`.

```
sw %>%
  mutate(BMI = ifelse(!is.na(height) & !is.na(mass), mass / (height/100)^2, NA)) %>%
  select(name, height, mass, BMI)
```

```
## # A tibble: 87 x 4
##    name               height  mass   BMI
##    <chr>               <int> <dbl> <dbl>
##  1 Luke Skywalker        172    77  26.0
##  2 C-3PO                 167    75  26.9
##  3 R2-D2                  96    32  34.7
##  4 Darth Vader           202   136  33.3
##  5 Leia Organa           150    49  21.8
##  6 Owen Lars             178   120  37.9
##  7 Beru Whitesun Lars    165    75  27.5
##  8 R5-D4                  97    32  34.0
##  9 Biggs Darklighter     183    84  25.1
## 10 Obi-Wan Kenobi        182    77  23.2
## # i 77 more rows
```

14.2.8 Exercícios

1. Crie uma coluna chamada `dif_peso_altura` (diferença entre altura e peso) e salve a nova tabela em um objeto chamado `starwars_dif`. Em seguida, filtre apenas os personagens que têm altura maior que o peso e ordene a tabela por ordem crescente de `dif_peso_altura`.

a. `indice_massa_altura` = `mass` / `height`

b. `indice_massa_medio` = `mean(mass, na.rm = TRUE)`

c. `indice_relativo` = `(indice_massa_altura - indice_massa_medio) / indice_massa_medio`

d. `acima_media` = `ifelse(indice_massa_altura > indice_massa_medio, "sim", "não")`

3. Crie uma nova coluna que classifique o personagem em "recente" (nascido após 100 anos antes da batalha de Yavin) e "antigo" (nascido há 100 anos ou mais).

14.2.9 Sumarizando a base

A função `summarize()` no R é utilizada para criar resumos estatísticos de dados dentro de um data frame ou tibble. Ela é frequentemente usada para calcular estatísticas agregadas, como médias, somas, contagens, entre outras.

O código abaixo resume a coluna `mass` pela sua média.

```
sw %>% summarize(media_massa = mean(mass, na.rm = TRUE))
```

```
## # A tibble: 1 x 1
##   media_massa
##         <dbl>
## 1        97.3
```

Podemos calcular ao mesmo tempo sumarizações diferentes.

```
sw %>% summarize(
  media_massa = mean(mass, na.rm = TRUE),
  mediana_massa = median(mass, na.rm = TRUE),
  variancia_massa = var(mass, na.rm = TRUE)
)
```

```
## # A tibble: 1 x 3
##   media_massa mediana_massa variancia_massa
##         <dbl>         <dbl>           <dbl>
## 1        97.3            79          28716.
```

Podemos também sumarizar diversas colunas.

```
sw %>% summarize(
  media_massa = mean(mass, na.rm = TRUE),
  media_altura = mean(height, na.rm = TRUE),
  media_ano = mean(birth_year, na.rm = TRUE)
)
```

```
## # A tibble: 1 x 3
##   media_massa media_altura media_ano
##         <dbl>        <dbl>     <dbl>
## 1        97.3         175.      87.6
```

Para sumarizar uma coluna agrupada pelas categorias de uma segunda coluna usamos além do `summarize()` a função `group_by()`.

O código a abaixo calcula a altura média dos personagens para cada categoria da coluna `hair_color`.

```
sw %>%
  filter(!is.na(hair_color), !is.na(height)) %>%
  group_by(hair_color) %>%
  summarize(media_altura = mean(height, na.rm = TRUE))
```

```
## # A tibble: 11 x 2
##    hair_color    media_altura
##    <chr>                <dbl>
##  1 auburn                150
##  2 auburn, grey          180
##  3 auburn, white         182
##  4 black                 174.
##  5 blond                 177.
##  6 blonde                168
##  7 brown                 177.
##  8 brown, grey           178
##  9 grey                  170
## 10 none                  181.
## 11 white                 156
```

14.2.10 Exerícios

Utilize a base `sw` nos exercícios a seguir.

1. Calcule a altura média e mediana dos personagens.

2. Calcule a massa média dos personagens cuja altura é maior que 175 cm.

3. Apresente na mesma tabela a massa média dos personagens com altura menor que 175 cm e a massa média dos personagens com altura maior ou igual a 175 cm.

4. Retorne tabelas (`tibbles`) apenas com:

a. A altura média dos personagens por espécie. **b.** A massa média e mediana dos personagens por espécie. **c.** Apenas o nome dos personagens que participaram de mais de 2 filmes.

14.2.11 Juntando duas bases

Podemos juntar duas tabelas (data frame ou tibble) a partir de uma coluna utilizando as funções `left_join()`, `right_join()` ou `full_join()`.

- `left_join()`: Mantém todas as linhas da tabela à esquerda e adiciona colunas da tabela à direita onde existe uma correspondência.
- `right_join()`: Mantém todas as linhas da tabela à direita e adiciona colunas da tabela à esquerda onde existe uma correspondência.
- `full_join()`: Mantém todas as linhas de ambas as tabelas e adiciona `NA` onde não existe correspondência.

Para ilustrar o uso das funções de junção, vamos criar dois subconjuntos de dados da base `sw`:

1. Tabela de personagens altos (`personagens_altos`) - personagens com altura superior a 180 cm.
2. Tabela de personagens humanos (`personagens_humanos`).

```
# Criar subconjunto de personagens altos
personagens_altos <- sw %>%
  filter(height > 180) %>%
  select(name, height)

# Criar subconjunto de personagens humanos
personagens_humanos <- sw %>%
  filter(species == "Human") %>%
  select(name, species)
```

Agora, com essas duas tabelas, podemos usar as funções `left_join()`, `right_join()`, e `full_join()`.

A função `left_join()` junta duas tabelas, mantendo todas as linhas da tabela à esquerda (primeira tabela) e adicionando colunas da tabela à direita (segunda tabela) para as quais existe uma correspondência. Valores sem correspondência entre as bases receberão `NA` na nova base.

```
# Usar left_join para combinar os personagens altos com os humanos
humanos_altos_left_join <- left_join(personagens_altos, personagens_humanos, by = "name

# Visualizar o resultado
print(humanos_altos_left_join)
```

```
## # A tibble: 39 x 3
##    name              height species
##    <chr>              <int> <chr>
##  1 Darth Vader          202 Human
##  2 Biggs Darklighter    183 Human
##  3 Obi-Wan Kenobi       182 Human
##  4 Anakin Skywalker     188 Human
##  5 Chewbacca            228 <NA>
##  6 Boba Fett            183 Human
##  7 IG-88                200 <NA>
##  8 Bossk                190 <NA>
##  9 Qui-Gon Jinn         193 Human
## 10 Nute Gunray          191 <NA>
## # i 29 more rows
```

Neste exemplo, a tabela resultante `humanos_altos_left_join` mantém todas as linhas de `personagens_altos` e adiciona informações da tabela

`personagens_humanos` quando há uma correspondência pelo nome do personagem.

A função `right_join()` faz o oposto de `left_join()`: mantém todas as linhas da tabela à direita e adiciona colunas da tabela à esquerda para as quais existe uma correspondência.

```
# Usar right_join para combinar humanos com personagens altos
humanos_altos_right_join <- right_join(personagens_altos, personagens_humanos, by = "name")

# Visualizar o resultado
print(humanos_altos_right_join)
```

```
## # A tibble: 35 x 3
##    name              height species
##    <chr>              <int> <chr>
##  1 Darth Vader          202 Human
##  2 Biggs Darklighter    183 Human
##  3 Obi-Wan Kenobi       182 Human
##  4 Anakin Skywalker     188 Human
##  5 Boba Fett            183 Human
##  6 Qui-Gon Jinn         193 Human
##  7 Padmé Amidala        185 Human
##  8 Ric Olié             183 Human
##  9 Quarsh Panaka        183 Human
## 10 Mace Windu           188 Human
## # i 25 more rows
```

Aqui, a tabela resultante `humanos_altos_right_join` mantém todas as linhas de `personagens_humanos` e adiciona informações de `personagens_altos` quando há uma correspondência pelo nome.

A função `full_join()` junta as duas tabelas, mantendo todas as linhas de ambas as tabelas e adicionando `NA` (valores ausentes) para correspondências inexistentes.

```
# Usar full_join para combinar todas as informações de personagens altos e humanos
humanos_altos_full_join <- full_join(personagens_altos, personagens_humanos, by = "name")

# Visualizar o resultado
print(humanos_altos_full_join)
```

```
## # A tibble: 59 x 3
##    name              height species
##    <chr>              <int> <chr>
```

```
##  1 Darth Vader           202 Human
##  2 Biggs Darklighter     183 Human
##  3 Obi-Wan Kenobi        182 Human
##  4 Anakin Skywalker      188 Human
##  5 Chewbacca             228 <NA>
##  6 Boba Fett             183 Human
##  7 IG-88                 200 <NA>
##  8 Bossk                 190 <NA>
##  9 Qui-Gon Jinn          193 Human
## 10 Nute Gunray           191 <NA>
## # i 49 more rows
```

A tabela resultante `humanos_altos_full_join` contém todas as linhas de ambas as tabelas `personagens_altos` e `personagens_humanos`. Se um personagem é encontrado em apenas uma das tabelas, as colunas da tabela ausente serão preenchidas com `NA`.

14.2.12 Exercícios

1. Crie uma tabela `personagens_altos` que contenha apenas personagens com altura superior a 180 cm e uma outra tabela `personagens_leves` que contenha apenas personagens com massa inferior a 75 kg. Use `left_join()` para combinar as duas tabelas com base no nome do personagem.

```
personagens_altos <- sw %>%
  filter(height > 180) %>%
  select(name, height)

personagens_leves <- sw %>%
  filter(mass < 75) %>%
  select(name, mass)

left_join(personagens_altos, personagens_leves, by = "name")
```

2. Crie uma tabela `personagens_humanos` que contenha apenas personagens humanos e uma outra tabela `cor_cabelo` que contenha apenas personagens com cor de cabelo diferente de `NA`. Use `right_join()` para combinar `personagens_humanos` e `cor_cabelo` com base no nome do personagem.

```
personagens_humanos <- sw %>%
  filter(species == "Human") %>%
  select(name, species)

cor_cabelo <- sw %>%
```

```
  filter(!is.na(hair_color)) %>%
  select(name, hair_color,)

right_join(personagens_humanos, cor_cabelo, by = "name")
```

3. Crie uma tabela `especies_personagens` que contenha apenas personagens de espécies conhecidas (não `NA`) e uma outra tabela `cor_olhos` que contenha apenas personagens com cor de olho conhecida (não `NA`). Use `full_join()` para combinar as duas tabelas com base no nome do personagem.

```
especies_personagens <- sw %>%
  filter(!is.na(species)) %>%
  select(name, species)

cor_olhos <- sw %>%
  filter(!is.na(eye_color)) %>%
  select(name, eye_color)

full_join(especies_personagens, cor_olhos, by = "name")
```

Chapter 15

Visualização

Chapter 16

O pacote `ggplot2`

O `ggplot2` é um dos pacotes mais populares do R para criar gráficos. Ele implementa o conceito de *Grammar of Graphics*, que oferece uma maneira sistemática de descrever e construir gráficos. Este conceito está apresentado no livro The Grammar of graphics.

Para este capítulo vamos seguir o material disponível em link. O ficheiro com a base de filmes IMDB está disponível no fénix

Chapter 17

Simulação

A simulação é uma poderosa ferramenta que aproveita a capacidade dos computadores modernos para realizar cálculos que, de outra forma, seriam difíceis ou até impossíveis de serem feitos analiticamente. A Lei dos Grandes Números nos assegura que, ao observarmos uma grande amostra de variáveis aleatórias independentes e identicamente distribuídas (i.i.d.) com média finita, a média dessas observações tende a se aproximar da média real da distribuição. Em vez de nos esforçarmos para encontrar essa média através de métodos analíticos complexos, podemos utilizar o poder de processamento de um computador para gerar uma amostra suficientemente grande dessas variáveis aleatórias. A partir dessa amostra, calculamos a média observada, que serve como uma estimativa confiável da média verdadeira. No entanto, a eficácia desse método depende de três fatores cruciais: identificar corretamente os tipos de variáveis aleatórias necessárias para o problema em questão, garantir que o computador seja capaz de gerar essas variáveis de forma precisa, e determinar o tamanho adequado da amostra para que possamos confiar nos resultados obtidos. A simulação, portanto, não só simplifica o processo de resolução de problemas complexos, como também oferece uma abordagem prática e eficiente para explorar cenários onde o cálculo analítico tradicional é impraticável.

Iniciamos com alguns exemplos básicos de simulação para resolver questões cujas respostas já conhecemos de forma analítica, apenas para demonstrar que a simulação cumpre o que promete. Além disso, esses exemplos introdutórios ajudarão a destacar alguns pontos importantes que precisam ser considerados ao tentar resolver problemas mais complexos utilizando simulação.

Exemplo 1 (A média de uma distribuição): A média da distribuição uniforme no intervalo [0,1] é conhecida por ser 1/2. Se tivéssemos disponível um grande número de variáveis aleatórias i.i.d. uniformes no intervalo [0,1], digamos, $X_1, \ldots, X_n$, a Lei dos Grandes Números nos diz que $\overline{X} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} X_i$ deve estar próximo da média 1/2. A Tabela abaixo fornece as médias de várias

amostras simuladas diferentes de tamanho n a partir da distribuição uniforme em [0,1] para vários valores diferentes de n. Não é difícil ver que as médias estão próximas de 0.5 na maioria dos casos, mas há bastante variação, especialmente para $n = 100$. Parece haver menos variação para $n = 1000$, e ainda menos para os dois maiores valores de n.

n	Replicações da Simulação				
100	0.485	0.481	0.484	0.569	0.441
1.000	0.497	0.506	0.480	0.498	0.499
10.000	0.502	0.501	0.499	0.498	0.498
100.000	0.502	0.499	0.500	0.498	0.499

A maneira que obtemos a amostra aleatória uniforme foi usando a função `runif`

```
runif(100, 0, 1)
```

Como mencionamos anteriormente, não há necessidade de simulação no exemplo acima. Esta foi apenas para ilustrar que a simulação pode fazer o que afirma. Porém, é preciso estar ciente de que, por maior que seja a amostra simulada, a média de uma amostra de variáveis aleatórias i.i.d. não será necessariamente igual à sua média. É preciso ser capaz de levar em conta a variabilidade.

Exemplo onde a simulação pode ajudar

A seguir, apresentamos um exemplo em que as questões básicas são relativamente simples de descrever, mas a solução analítica seria, na melhor das hipóteses, entediante.

Esperando por uma pausa. Dois atendentes, A e B, em um restaurante fast-food começam a servir clientes ao mesmo tempo. Eles concordam em se encontrar para um intervalo depois que cada um deles atender 10 clientes. Presumivelmente, um deles terminará antes do outro e terá que esperar. Quanto tempo, em média, um dos atendentes terá que esperar pelo outro?

Suponha que modelemos todos os tempos de serviço, independentemente do atendente, como variáveis aleatórias i.i.d. tendo distribuição exponencial com parâmetro 0.3 clientes por minuto. Então, o tempo que um atendente leva para atender 10 clientes tem a distribuição gama com parâmetros 10 e 0.3. Seja X o tempo que A leva para atender 10 clientes e seja Y o tempo que B leva para atender 10 clientes. Somos solicitados a calcular a média de $|X - Y|$. A maneira mais direta de encontrar esta média analiticamente exigiria um integral bidimensional sobre a união de duas regiões não retangulares.

Por outro lado, suponha que um computador possa nos fornecer tantas variáveis aleatórias gama independentes quantas desejarmos. Podemos então obter um par (X, Y) e calcular $Z = |X - Y|$. Em seguida, repetimos esse processo

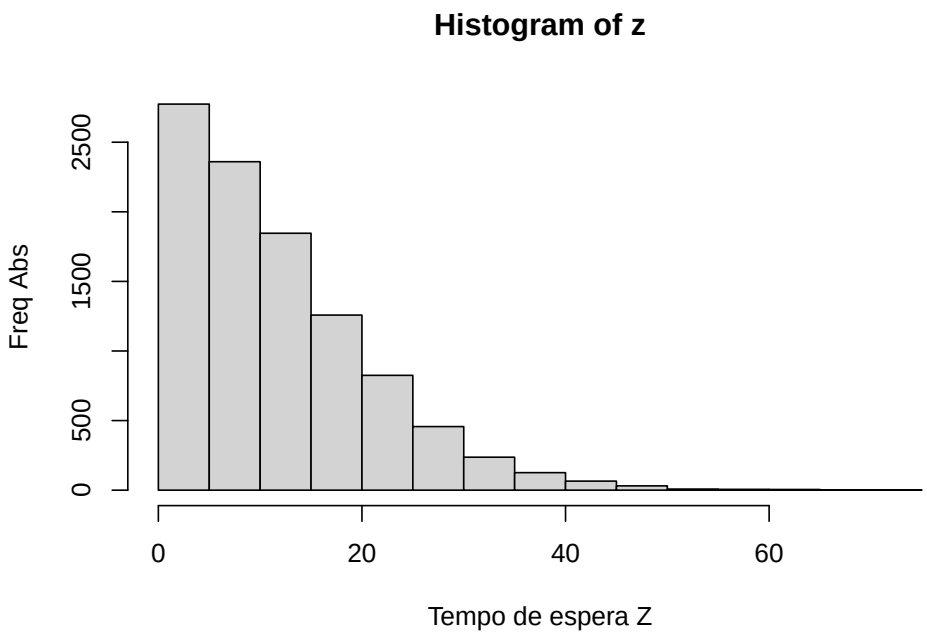
independentemente quantas vezes quisermos e calculamos a média de todos os valores Z observados. A média deve ficar próxima da média de Z.

```
set.seed(123)
x <- rgamma(10000, 10, 0.3)
y <- rgamma(10000, 10, 0.3)
z <- abs(x-y)
mean(z)
```

```
## [1] 11.75882
```

Temos então um tempo médio de 11.75 minutos.

```
hist(z, xlab = "Tempo de espera Z", ylab = "Freq Abs")
```



17.1 Geração de números pseudoaleatórios

Números Aleatórios

Números aleatórios são valores que são gerados de forma imprevisível e não seguem nenhum padrão determinado. Em outras palavras, cada número em uma sequência de números aleatórios é escolhido de maneira independente dos outros, sem qualquer correlação entre eles. Na prática, os números aleatórios

são usados em diversas áreas, como criptografia, simulações, estatísticas, jogos de azar, entre outros, onde é crucial que os números não possam ser antecipados.

A verdadeira aleatoriedade é geralmente derivada de processos físicos que são inerentemente imprevisíveis, como a radiação cósmica, ruído térmico em circuitos eletrônicos, ou o decaimento radioativo. Em computação, no entanto, obter números verdadeiramente aleatórios é difícil e muitas vezes desnecessário.

Números Pseudoaleatórios

Números pseudoaleatórios, por outro lado, são números que são gerados por algoritmos que produzem sequências que parecem aleatórias, mas são, na verdade, determinadas por um valor inicial chamado semente (ou "seed" em inglês). Se o algoritmo é iniciado com a mesma semente, ele produzirá exatamente a mesma sequência de números.

Embora sejam determinísticos, os números pseudoaleatórios são amplamente utilizados porque podem ser gerados rapidamente e, para muitas aplicações, eles são suficientemente aleatórios. A principal vantagem é que, ao usar a mesma semente, é possível replicar experimentos ou simulações, o que é útil em pesquisas e depurações.

Uma das aproximações mais comuns para gerar números pseudoaleatórios é o método *congruencial multiplicativo*:

- Considere um valor inicial x_0, chamado semente;
- Recursivamente calcule os valores sucessivos x_n, $n \geq 1$, usando:

  $$x_n = ax_{n-1} \bmod m,$$

  onde a e m são inteiros positivos dados. Ou seja, x_n é o resto da divisão inteira de ax_{n-1} por m;
- A quantidade x_n/m é chamada um número pseudoaleatório, ou seja, é uma aproximação para o valor de uma variável aleatória uniforme.

As constantes a e m a serem escolhidas devem satisfazer três critérios:

- Para qualquer semente inicial, a sequência resultante deve ter a "aparência" de uma sequência de variáveis aleatórias uniformes $(0, 1)$ independentes.
- Para qualquer semente inicial, o número de variáveis que podem ser geradas antes da repetição ocorrer deve ser grande.
- Os valores podem ser calculados eficientemente em um computador.

17.2 A função sample()

A função `sample()` em R é utilizada para gerar uma amostra aleatória a partir de um conjunto de dados ou uma sequência de números. Ela é extremamente flexível, permitindo que você defina o tamanho da amostra, se a amostragem é feita com ou sem reposição, e também se os elementos têm probabilidades diferentes de serem selecionados.

```
# Sintaxe

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

- **x**: Vetor de elementos a serem amostrados.
- **size**: Tamanho da amostra.
- **replace**: Indica se a amostragem é com reposição (`TRUE`) ou sem reposição (`FALSE`).
- **prob**: Um vetor de probabilidades associadas a cada elemento em

  x.

Exemplo 1: Amostragem Simples sem Reposição.

```
# Suponha que temos uma população de 1 a 10
pop <- 1:10

# Queremos uma amostra de 5 elementos
amostra <- sample(pop, size = 5, replace = FALSE)
print(amostra)
## [1]  5  2  4 10  8
```

Exemplo 2: Amostragem com Reposição.

```
# Amostra com reposição
amostra_repos <- sample(pop, size = 5, replace = TRUE)
print(amostra_repos)
## [1] 6 8 9 9 6
```

Exemplo 3: Amostragem com Probabilidades Diferentes.

```r
# Probabilidades associadas a cada elemento
prob <- c(0.1, 0.1, 0.1, 0.1, 0.1, 0.1, 0.1, 0.1, 0.05, 0.05)

# Amostra com probabilidades diferentes
amostra_prob <- sample(pop, size = 5, prob = prob)
print(amostra_prob)
## [1] 2 4 6 5 3
```

17.3 Exercícios

1. Crie um vetor com os números de 1 a 20. Utilize a função `sample()` para selecionar uma amostra aleatória de 5 elementos desse vetor. A amostragem deve ser feita sem reposição.

2. Suponha que você tem uma população representada pelos números de 1 a 10. Utilize a função `sample()` para selecionar uma amostra de 10 elementos com reposição.

3. Crie um vetor com as letras A, B, C, D, E. Aplique a função `sample()` para selecionar uma amostra de 3 letras, onde a probabilidade de cada letra ser selecionada é dada pelo vetor `c(0.1, 0.2, 0.3, 0.25, 0.15)`.

4. Crie um vetor com os números de 1 a 10. Utilize a função `sample()` para reordenar aleatoriamente os elementos desse vetor.

5. Crie um vetor com os nomes de cinco frutas: "Maçã", "Banana", "Laranja", "Uva", "Pera". Utilizando a função `sample()`, selecione aleatoriamente uma fruta desse vetor. Em seguida, selecione uma amostra de 3 frutas.

6. Você é responsável por realizar um teste de qualidade em uma fábrica. Há 1000 produtos fabricados, numerados de 1 a 1000. Selecione uma amostra aleatória de 50 produtos para inspeção, garantindo que não haja reposição na seleção.

7. Simule o lançamento de dois dados justos 10000 vezes e registre as somas das faces resultantes. Utilize a função `sample()` para realizar a simulação. Em seguida, crie um histograma das somas obtidas.

8. Você possui um vetor de 200 estudantes classificados em três turmas: A, B, e C. As turmas têm tamanhos diferentes (50, 100, e 50 alunos, respectivamente). Usando `sample()`, selecione uma amostra de 20 alunos, mantendo a proporção original das turmas.

9. Um cartão de Bingo contém 24 números aleatórios entre 1 e 75 (excluindo o número central "free"). Crie 5 cartões de Bingo únicos usando a função `sample()`.

10. Em um estudo clínico, 30 pacientes devem ser randomizados em dois grupos: tratamento e controle. O grupo de tratamento deve conter 20 pacientes e o grupo

de controle 10. Usando `sample()`, faça a randomização dos pacientes. Dica: use a função `setdiff()`.

Chapter 18

Método da transformada inversa

18.1 Variável aleatória discreta

Suponha que queremos gerar o valor de uma variável aleatória discreta X com função massa de probabilidade $P(X = x_i) = p_i$, $i = 0, 1, ...$, $\sum_i p_i = 1$. Para isso, basta gerar um número aleatório $U \sim U(0, 1)$ e considerar:

$$X = \begin{cases} x_0, & \text{se} \quad U < p_0 \\ x_1, & \text{se} \quad p_0 \leq U < p_0 + p_1 \\ \vdots & \\ x_i, & \text{se} \quad \sum_{j=0}^{i-1} p_j \leq U < \sum_{j=0}^{i} p_j \\ \vdots & \end{cases}$$

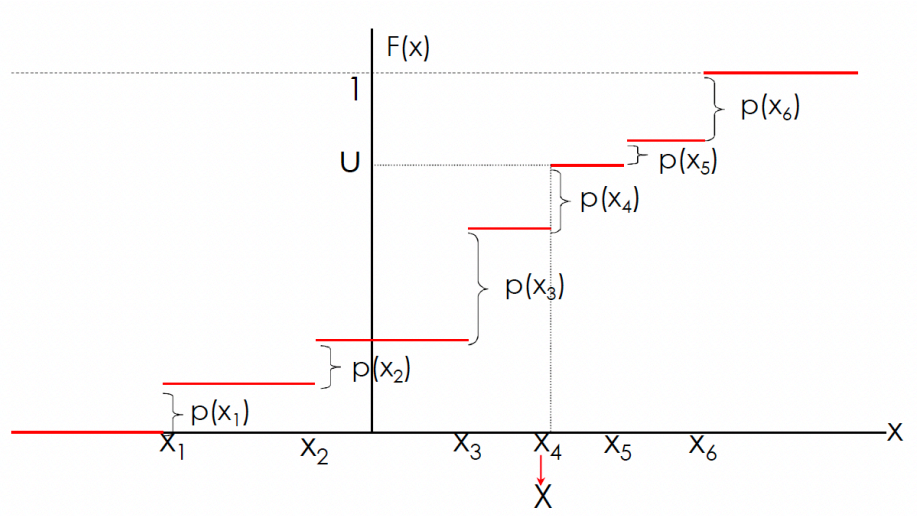
Como, para $0 < a < b < 1$, $P(a \leq U < b) = b - a$, temos que

$$P(X = x_i) = P\left(\sum_{j=0}^{i-1} p_j \leq U < \sum_{j=0}^{i} p_j\right) = p_i.$$

Se os x_i, $i \geq 0$, estão ordenados $x_0 < x_1 < \cdots$ e se denotarmos por F a função de distribuição de X, então $F(x_k) = \sum_{i=0}^{k} p_i$ e assim

$$X = x_i \quad \text{se} \quad F(x_{i-1}) \leq U < F(x_i)$$

Em outras palavras, depois de gerar um número aleatório U nós determinamos o valor de X encontrando o intervalo $[F(x_{i-1}), F(x_i)]$ no qual U pertence (ou, equivalentemente, encontrando a inversa de $F(U)$).



Exemplo 1: Seja X uma variável aleatória discreta tal que $p_1 = 0.20$, $p_2 = 0.15$, $p_3 = 0.25$, $p_4 = 0.40$ onde $p_j = P(X = j)$. Gere 1000 valores dessa variável aleatória.

Para a variável aleatória X, a função de distribuição acumulada é dada pela soma cumulativa das probabilidades:

$$F(x) = \begin{cases} 0, & \text{se } x < 1 \\ p_1, & \text{se } 1 \leq x < 2 \\ p_1 + p_2, & \text{se } 2 \leq x < 3 \\ p_1 + p_2 + p_3, & \text{se } 3 \leq x < 4 \\ 1, & \text{se } x \geq 4 \end{cases}$$

Com os valores fornecidos:

$$F(x) = \begin{cases} 0, & \text{se } x < 1 \\ 0.20, & \text{se } 1 \leq x < 2 \\ 0.35, & \text{se } 2 \leq x < 3 \\ 0.60, & \text{se } 3 \leq x < 4 \\ 1, & \text{se } x \geq 4 \end{cases}$$

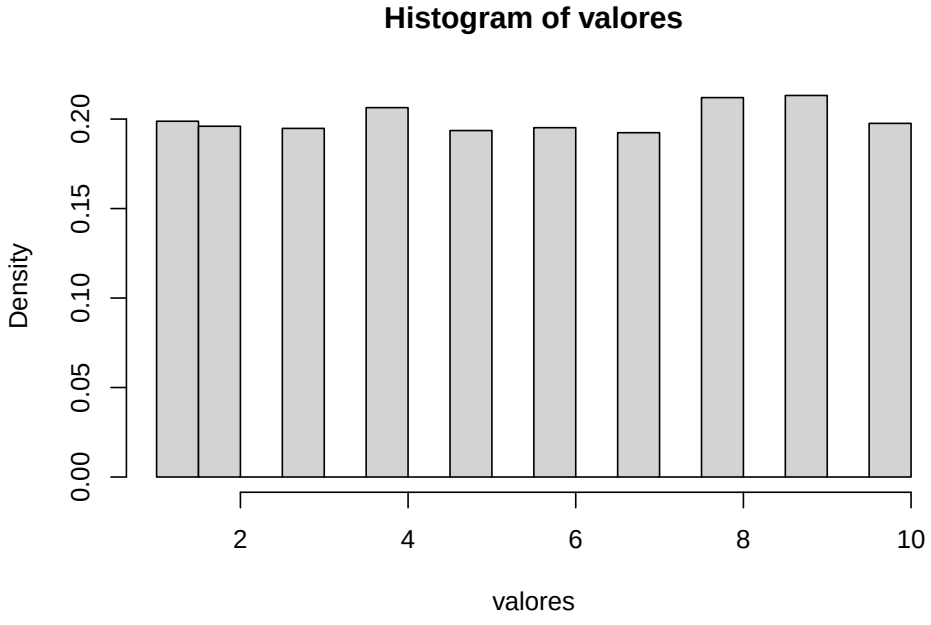
Gerar um número aleatório uniforme U no intervalo [0,1]. Para determinar o valor de X correspondente a U:

- Se $U < 0.20$, então $X = 1$
- Se $0.20 \leq U < 0.35$, então $X = 2$
- Se $0.35 \leq U < 0.60$, então $X = 3$

- Se $0.60 \leq U \leq 1$, então $X = 4$

Exemplo 2: Seja X uma variável aleatória discreta assumindo os valores: $1, 2, \ldots, 10$ com probabilidade $1/10$ para $x = 1, 2, \ldots, 10$. Gerar 5000 valores dessa variável aleatória. Representar graficamente e determinar: média, desvio padrão e mediana.

```
gerar_va_inversa <- function(){
  # Gerar número aleatório entre 0 e 1
  u <- runif(1,0,1)
  p <- 1/10 # primeira probabilidade P(X=1)
  F <- p # inicializar a função de distribuição acumulada
  X <- 1 # inicializar o valor da va X

  while(u > F){
    X <- X+1
    F <- F+p
  }
  return(X)
}
valores <- replicate(5000,gerar_va_inversa())
hist(valores, freq = FALSE)
```



```r
mean(valores)
```

```
## [1] 5.5388
```

```r
sd(valores)
```

```
## [1] 2.878985
```

```r
median(valores)
```

```
## [1] 6
```

Exemplo 3: Geração de uma variável aleatória com distribuição de Bernoulli. A variável aleatória X é de Bernoulli com parâmetro p se

$$P(X = x) = \begin{cases} 1 - p, & \text{se} \quad x = 0 \\ p, & \text{se} \quad x = 1 \end{cases}$$

Para gerar uma Bernoulli(p) podemos usar o seguinte algoritmo que é equivalente ao método da transformada inversa

1. Gerar um número aleatório U;
2. Se $U \leq p$ então $X = 1$ senão $X = 0$.

```r
# Gerando uma variável aleatória com distribuição de Bernoulli(p)
gerar_bernoulli_inversa <- function(p){
  U <- runif(1)
  if (U <= p){
    X <- 1
  } else {
    X <- 0
  }
  return(X)
}

valores <- replicate(100,gerar_bernoulli_inversa(0.8))
sum(valores)/100
```

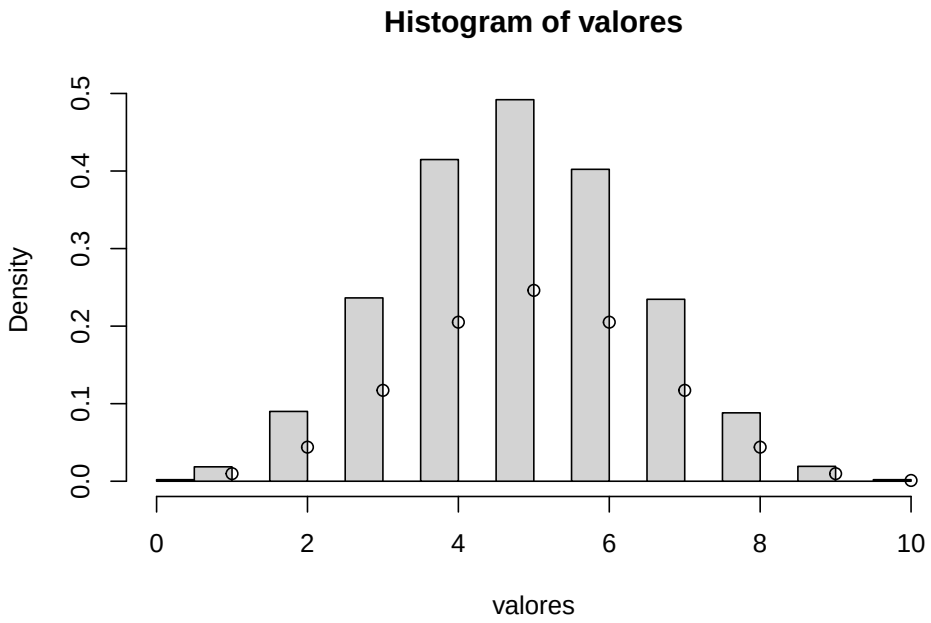
```
## [1] 0.73
```

Exemplo 4: Gerar uma variável aleatória com distribuição Binomial(n,p). Aqui podemos usar o facto de que se $X_1, X_2, \ldots, X_n$ são Bernoullis i.i.d., então

$$X = X_1 + X_2 + \ldots + X_n$$

é uma Binomial(n,p).

```
# Gerando uma variável aleatória com distribuição Binomial(n,p)

gerar_binomial_inversa <- function(n,p){
  X <- sum(replicate(n,gerar_bernoulli_inversa(p)))
  return(X)
}

valores <- replicate(10000,gerar_binomial_inversa(10,0.5))
hist(valores, freq = FALSE)
points(1:10, dbinom(1:10,10,0.5))
```



Exemplo 5: Geração de uma variável aleatória com distribuição Geométrica(p). Seja $X \sim Geometrica(p)$. Lembre que

$$P(X = x) = p(1-p)^{x-1}$$

e que

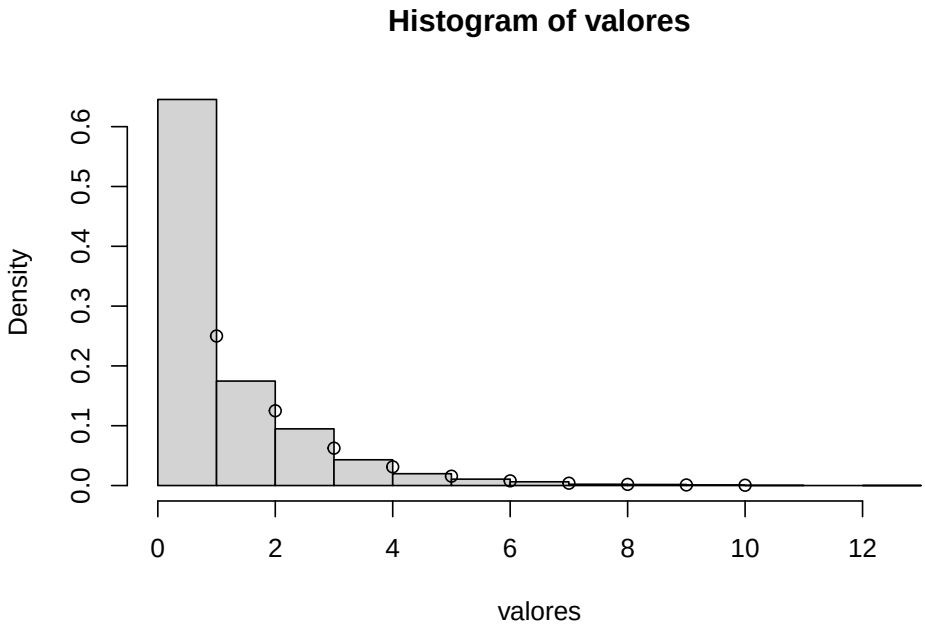
$$F(x) = P(X \leq x) = \begin{cases} 0, & \text{se} \quad x < 1 \\ 1 - (1-p)^x, & \text{se} \quad x \geq 1 \end{cases}$$

O seguinte algoritmo é equivalente ao método da transformada inversa:

1. Gerar um número aleatório U;
2. Fazer $X = \lfloor ln(U)/ln(1-p) \rfloor$

onde $\lfloor \rfloor$ = maior inteiro.

```
# Gerar uma variável aleatória com distribuição Geométrica(p)

gerar_geometrica_inversa <- function(p){
  U <- runif(1)
  X <- round(log(U)/log(1-p))
  return(X)
}

valores <- replicate(10000, gerar_geometrica_inversa(0.5))
hist(valores, freq = FALSE)
points(1:10, dgeom(1:10,0.5))
```



Exemplo 6: Geração de uma variável aleatória com distribuição de Poisson. A variável aleatória X é de Poisson com média λ se

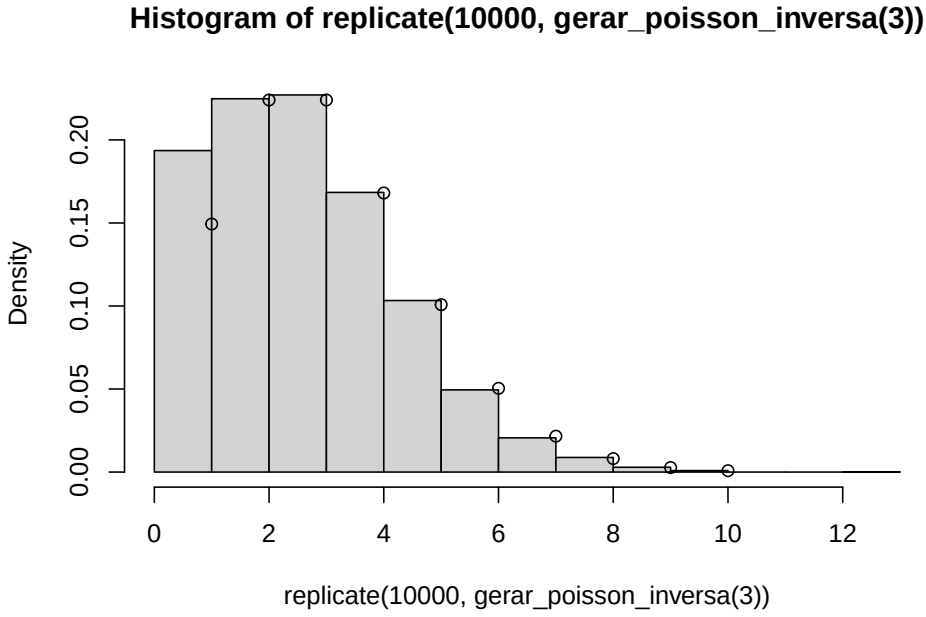
$$p_i = P(X = i) = \frac{e^{-\lambda}\lambda^i}{i!}, \quad i = 0, 1, ...$$

A chave para usar o método da transformada inversa para gerar uma tal variável aleatória é dada pela seguinte identidade:

$$p_{i+1} = \frac{\lambda}{i+1} p_i, \quad i \geq 0.$$

Ao utilizar a recursão acima para calcular as probabilidades de Poisson quando elas são necessárias, o algoritmo da transformada inversa para gerar uma variável aleatória de Poisson com média λ pode ser expresso como segue.

```
# Gerando uma va com distribuição de Poisson

lambda <- 3  # exemplo com lambda = 3

# Função para gerar uma variável aleatória de Poisson usando o método da transformada inversa
gerar_poisson_inversa <- function(lambda) {
  U <- runif(1)  # Gerar um número aleatório uniforme entre 0 e 1
  p <- exp(-lambda)  # Inicializar a primeira probabilidade P(X=0)
  F <- p  # Inicializar a função de distribuição acumulada (CDF)
  X <- 0  # Inicializar o valor da variável aleatória

  # Acumular probabilidades até que a CDF exceda U
  while (U > F) {
    X <- X + 1
    p <- p * lambda / X  # Atualizar a probabilidade P(X=k)
    F <- F + p  # Atualizar a CDF
  }

  return(X)
}

hist(replicate(10000,gerar_poisson_inversa(3)),freq = FALSE)
points(1:10,dpois(1:10,3))
```



18.2 Variável aleatória contínua

Uma variável aleatória X tem densidade $f(x) = 2x$, para $0 < x < 1$, e 0, caso contrário. Suponha que queremos simular observações de X. Nesta secção, apresentaremos um método simples e flexível para simulação de uma distribuição contínua.

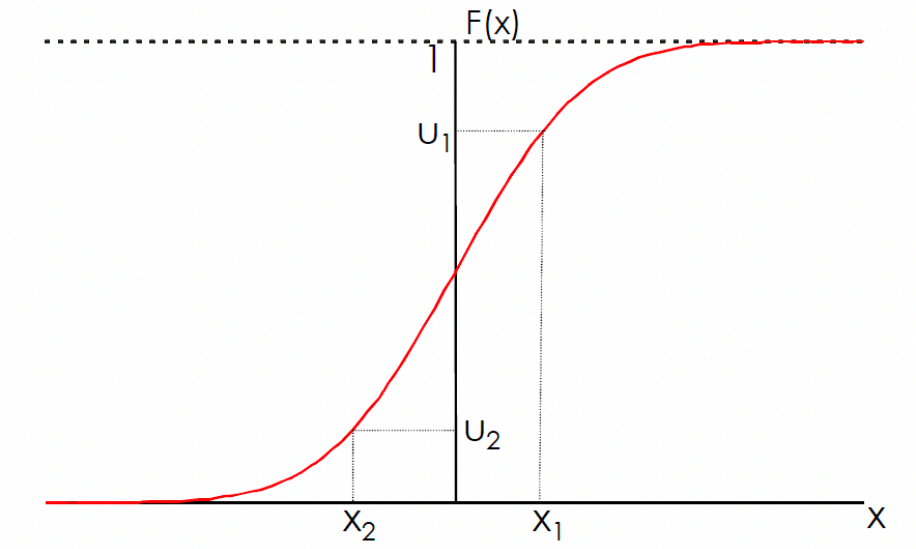
Proposição: Suponha que X é uma variável aleatória com função de distribuição F, onde F é invertível com função inversa F^{-1}. Seja U uma variável aleatória uniforme $(0, 1)$. Então a distribuição de $F^{-1}(U)$ é igual a distribuição de X, ou seja, a variável aleatória X definida por $X = F^{-1}(U)$ tem distribuição F.

A prova desta proposição é fácil e rápida. Precisamos mostrar que $F^{-1}(U)$ tem a mesma distribuição que X. Assim,

$$\begin{aligned} P(X \leq x) &= P(F^{-1}(U) \leq x) = P(FF^{-1}(U) \leq F(x)) \\ &= P(U \leq F(x)) = P(0 \leq U \leq F(x)) \\ &= F(x) - 0 \\ &= F(x). \end{aligned}$$

A última igualdade segue do facto de que $U \sim U(0, 1)$ e $0 \leq F(x) \leq 1$.

Essa proposição mostra que pode-se gerar uma variável aleatória X de uma função de distribuição contínua F gerando um número aleatório U e tomando $X = F^{-1}(U)$.

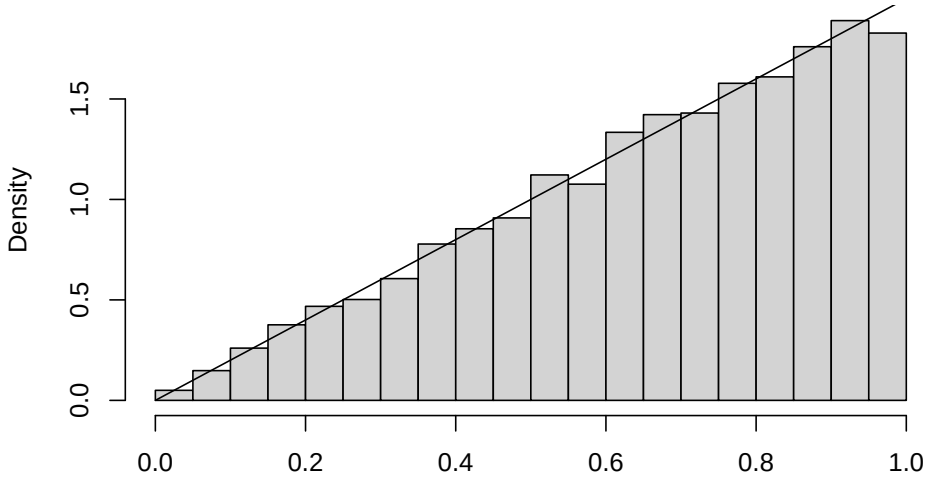


Exemplo 1: Considere nossa varíavel aleatória X com densidade $f(x) = 2x$. A função de distribuição de X é

$$F(x) = P(X \leq x) = \int_0^x 2t\,dt = x^2, \quad \text{para} \quad 0 < x < 1.$$

A função $F(x) = x^2$ é invertível no intervalo $(0, 1)$ e $F^{-1}(x) = \sqrt{x}$. O método da transformada inversa diz que se $U \sim U(0, 1)$, então $F^{-1}(U) = \sqrt{U}$ tem a mesma distribuição que X. Portanto para simular X, basta gerar $\sqrt{U}$.

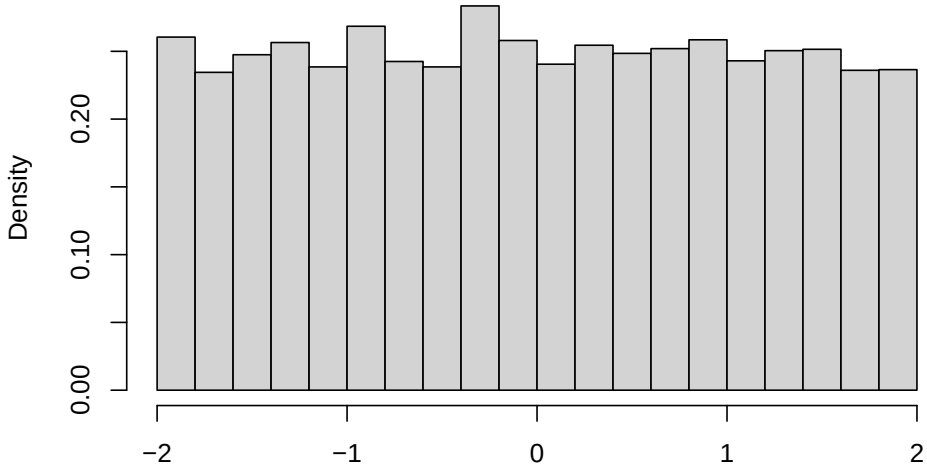
```
n <- 10000
set.seed(123)
simlist <- sqrt(runif(n))
hist(simlist, prob=T, main="", xlab="")
curve(2*x, 0,1, add=T)
```



Exemplo 2: Geração de uma variável aleatória uniforme(a,b). A geração é feita através de

$$X = a + (b - a)U.$$

```
# Geração de uma va uniforme(-2,2)
a <- -2
b <- 2
n <- 10000
set.seed(123)
simlist <- a+(b-a)*runif(n)
hist(simlist, prob=T, main="",xlab="")
```



Exemplo 3: Geração de uma variável aleatória exponencial. Seja X uma variável aleatória exponencial com taxa 1, então sua função de distribuição é

dada por

$$F(x) = 1 - e^x.$$

Como $0 \leq F(x) \leq 1$, tomando $F(x) = u$, onde $u \sim U(0,1)$ tem-se:

$$u = F(x) = 1 - e^x$$

ou

$$1 - u = e^{-x}$$

ou, aplicando o logaritmo

$$x = -ln(1-u).$$

Daí, pode-se gerar uma exponencial com parâmetro 1 gerando um número aleatório U e em seguida fazendo

$$X = F^{-1}(U) = -ln(1-U).$$

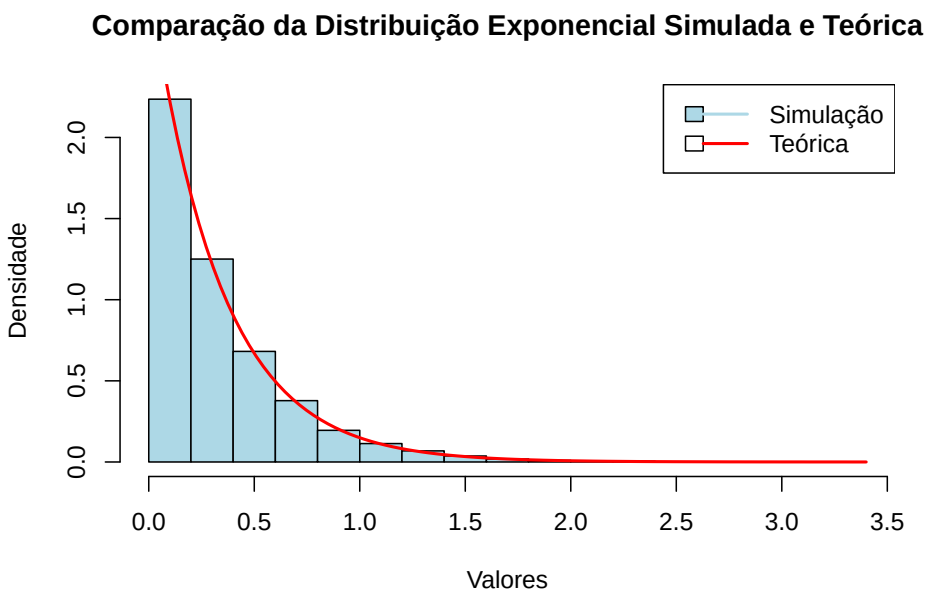
Uma pequena economia de tempo pode ser obtida notando que $1-U$ também é uniforme em $(0,1)$ e assim, $-ln(1-U)$ tem a mesma distribuição que $-ln(U)$. Isto é, o logaritmo negativo de um número aleatório é exponencialmente distribuído com taxa 1.

Além disso, note que se X é uma exponencial com média 1, então para qualquer constante c, cX é uma exponencial com média c. Assim, uma variável aleatória exponencial X com taxa λ (média $\frac{1}{\lambda}$) pode ser gerada através da geração de um número aleatório U e fazendo

$$X = -\frac{1}{\lambda} ln(U).$$

```r
# Definir a sequência de valores x
x <- seq(0,3, by = 0.02)

# Definir o parâmetro lambda da distribuição exponencial
lambda <- 3

# Número de simulação
n <- 10000

# Simular valores de uma distribuição exponencial
set.seed(123)
simlist <- -log(runif(n))/lambda

# Plotar o histograma da simulação com a densidade de probabilidade
hist(simlist, probability = TRUE, main = "Comparação da Distribuição Exponencial Simulada e Teóri
     xlab = "Valores", ylab = "Densidade", col = "lightblue", border = "black")

# Adicionar a curva de densidade teórica
```

```r
curve(dexp(x, rate = lambda), add = TRUE, col = "red", lwd = 2)

# Adicionar uma legenda
legend("topright", legend = c("Simulação", "Teórica"), col = c("lightblue", "red"), lwd
```



Exercício: Seja X uma variável aleatória com distribuição $W(\alpha, \beta)$. Assim a fdp de X é

$$f(x) = \begin{cases} \alpha\beta^{-\alpha}x^{\alpha-1}e^{-(x/\beta)^{\alpha}}, & \text{se} \quad x > 0 \\ 0, & \text{se} \quad x \leq 0 \end{cases}$$

A função de distribuição de X é:

$$F(x) = \int_0^x f(u)\,du = \begin{cases} 1 - e^{-(x/\beta)^{\alpha}}, & \text{se} \quad x > 0 \\ 0, & \text{se} \quad x \leq 0 \end{cases}$$

Mostre que $X = \beta[-ln(U)]^{1/\alpha}$. Gere 10000 valores de uma $W(2, 3)$. Represente graficamente a distribuição.

Chapter 19

Método da aceitação-rejeição

Chapter 20

Distribuições univariadas no R

No R temos acesso as mais comuns distribuições univariadas. Todas as funções tem as seguintes formas:

Função	Descrição
pnome(...)	função de distribuição
dnome(...)	função de probabilidade ou densidade de probabilidade
qnome(...)	inversa da função de distribuição
rnome(...)	geração de números aleatórios com a distribuição especificada

o **nome** é uma abreviatura do nome usual da distribuição (`binom`, `geom`, `pois`, `unif`, `exp`, `norm`, ...).

Exempo 1: Simule o lançamento de três moedas honestas e a contagem do número de caras X.

(a) Use a sua simulação para estimar $P(X = 1)$ e $E(X)$.

(b) Modifique a alínea anterior para permitir uma moeda viciada onde $P(cara) = 3/4$.

```
set.seed(123)
n <- 10000
sim1 <- numeric(n)
sim2 <- numeric(n)
for (i in 1:n) {
```

```
  moedas <- sample(0:1,3,replace=T)
  sim1[i] <- if (sum(moedas)==1) 1 else 0
  sim2[i] <- sum(moedas)
}
# P(X=1)
mean(sim1)
```

```
## [1] 0.3821
```

```
# E(X)
mean(sim2)
```

```
## [1] 1.4928
```

```
set.seed(123)
n <- 10000
sim1 <- numeric(n)
sim2 <- numeric(n)
for (i in 1:n) {
  moedas <- sample(c(0,1),3,prob=c(1/4,3/4),replace=T)
  sim1[i] <- if (sum(moedas)==1) 1 else 0
  sim2[i] <- sum(moedas)
}
# P(X=1)
mean(sim1)
```

```
## [1] 0.1384
```

```
# E(X)
mean(sim2)
```

```
## [1] 2.2503
```

Sabemos também que $X-$ número de caras no lançamneto de três moedas honestas tem distribuição $Binomial(n = 3, p = 0.5)$. Assim, podemos resolver a questão da seguinte maneira

```
set.seed(123)
valores <- rbinom(10000,3,0.5)
# P(X=1)
sum(valores == 1)/length(valores)
```

```
## [1] 0.383
```

```r
# E(X)
sum(valores)/length(valores)
```

```
## [1] 1.4897
```

```r
mean(valores)
```

```
## [1] 1.4897
```

No segundo caso teremos $X \sim Binomial(n = 3, p = 3/4)$.

```r
set.seed(123)
valores <- rbinom(10000,3,3/4)
# P(X=1)
sum(valores == 1)/length(valores)
```

```
## [1] 0.1365
```

```r
# E(X)
sum(valores)/length(valores)
```

```
## [1] 2.2558
```

```r
mean(valores)
```

```
## [1] 2.2558
```

Exemplo 2: O tempo até a chegada de um autocarro tem uma distribuição exponencial com média de 30 minutos.

(a) Use o comando `rexp()` para simular a probabilidade do autocarro chegar nos primeiros 20 minutos.

(b) Use o comando `pexp()` para comparar com a probabilidade exata.

```r
set.seed(123)
valores <- rexp(10000, 1/30)
# Probabilidade P(X <=20)
sum( valores < 20)/length(valores)
```

```
## [1] 0.4832
```

```
# Probabilidade exata
pexp(20, 1/30)
```

```
## [1] 0.4865829
```

Exemplo 3: As cartas são retiradas de um baralho padrão, com reposição, até que um ás apareça. Simule a média e a variância do número de cartas necessárias.

```
set.seed(123)
n <- 10000
# Denote os ases por 1,2,3,4
simlist <- numeric(n)

for (i in 1:n) {
  ct <- 0
  as <- 0
  while (as == 0) {
    carta <- sample(1:52,1,replace=T)
    ct <- ct + 1
    if (carta <= 4){
      as <- 1
    }
  }
  simlist[i] <- ct
}
mean(simlist)
```

```
## [1] 12.8081
```

```
var(simlist)
```

```
## [1] 147.5318
```

Podemos notar aqui tambném que $X-$ número de provas de Bernoulli até o primeiro sucesso (aparecer um ás), que tem distribuição $Geomtrica(p = 4/52)$. Lembre que o R trabalha com a geométrica como sendo $X-$ número de insucessos até o primeiro sucesso.

```
set.seed(123)

valores <- rgeom(10000, 4/52) + 1

# Média e variância
mean(valores)
```

```
## [1] 13.0108
```

```
var(valores)
```

```
## [1] 152.0335
```

20.1 Função de distribuição empírica

A função de distribuição empírica é uma função de distribuição acumulada que descreve a proporção ou contagem de observações em um conjunto de dados que são menores ou iguais a um determinado valor. É uma ferramenta útil para visualizar a distribuição de dados observados e comparar distribuições amostrais.

- É uma função definida para todo número real x e que para cada x dá a proporção de elementos da amostra menores ou iguais a x:

$$F_n(x) = \frac{\#\,\text{observações} \leq x}{n}$$

- Para construir a função de distribuição empírica precisamos primeiramente ordenar os dados em ordem crescente: $(x_{(1)}, \ldots, x_{(n)})$

- A definição da função de distribuição empírica é

$$F_n(x) = \begin{cases} 0, & x < x_{(1)} \\ \frac{i}{n}, & x_{(i)} \leq x < x_{(i+1)}, \quad i = 1, \ldots, n-1 \\ 1, & x \geq x_{(n)} \end{cases}$$

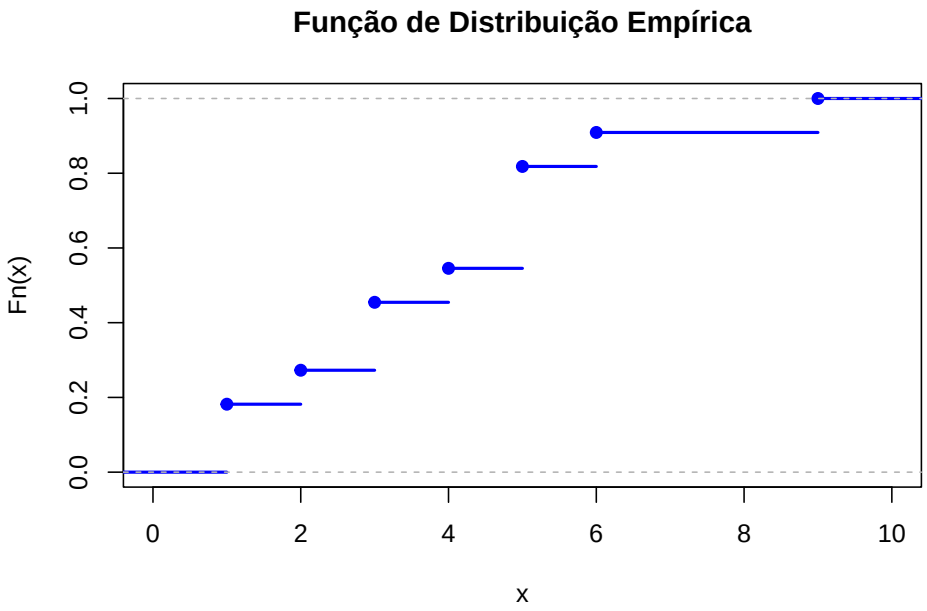
- Passo a passo para a construção da função

  - Inicie desenhando a função do valor mais à esquerda para o mais à direita.
  - Atribua o valor 0 para todos os valores menores que o menor valor da amostra, $x_{(1)}$.
  - Atribua o valor $\frac{1}{n}$ para o intervalo entre $x_{(1)}$ e $x_{(2)}$, o valor $\frac{2}{n}$ para o intervalo entre $x_{(2)}$ e $x_{(3)}$, e assim por diante, até atingir todos os valores da amostra.
  - Para valores iguais ou superiores ao maior valor da amostra, $x_{(n)}$, a função tomará o valor 1.
  - Se um valor na amostra se repetir k vezes, o salto da função para esse ponto será $\frac{k}{n}$, em vez de $\frac{1}{n}$.

20.1.1 Função de distribuição empírica no R, função `ecdf()`

A função `ecdf()` no R é usada para calcular a função de distribuição empírica (Empirical Cumulative Distribution Function - ECDF) de um conjunto de dados.

```
# Conjunto de dados
dados <- c(3, 1, 4, 1, 5, 9, 2, 6, 5, 3, 5)

# Calcular a ECDF usando a função ecdf()
Fn <- ecdf(dados)

# Plotar a ECDF usando a função ecdf()
plot(Fn, main = "Função de Distribuição Empírica", xlab = "x", ylab = "Fn(x)", col = "
```



Exemplo 1: Resolva o exemplo 1 usando a função de distribuição empírica.

```
valores <- rexp(10000, 1/30)
# Função de distribuição empírica
Fn <- ecdf(valores)
# Probabilidade P(X<=20)
Fn(20)
```

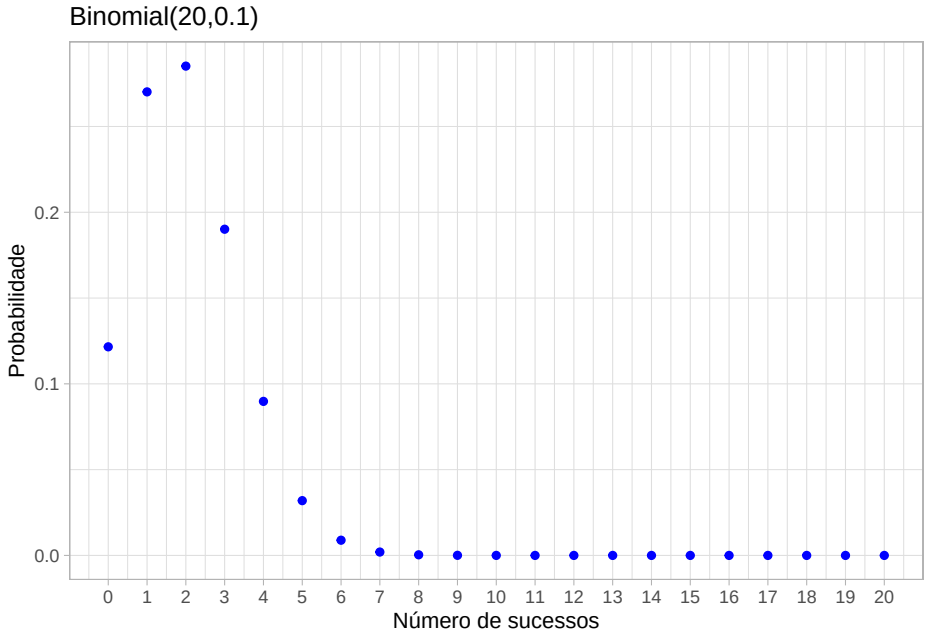
```
## [1] 0.4874
```

```r
# Probabilidade exata
pexp(20, 1/30)
```

```
## [1] 0.4865829
```

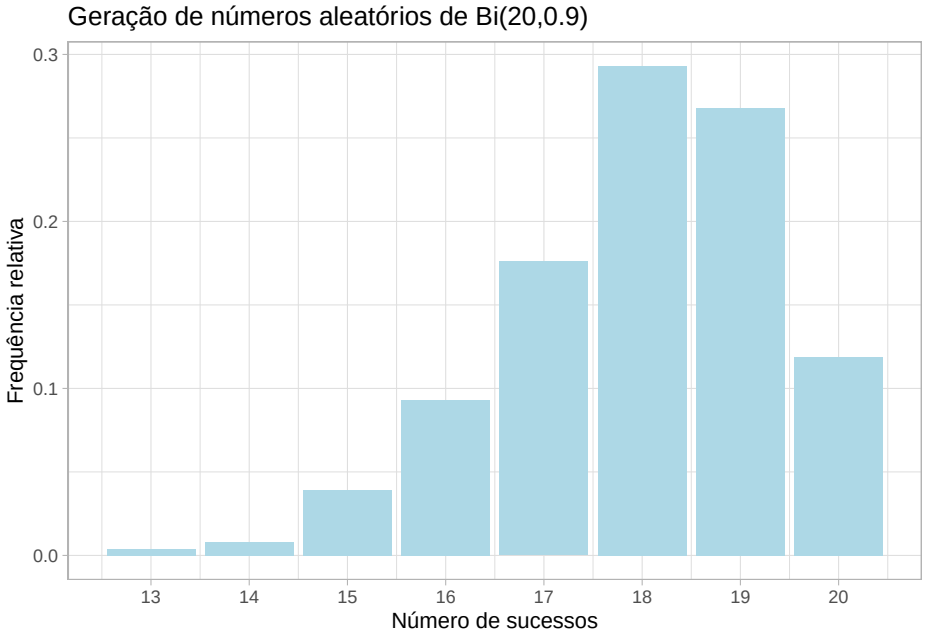
20.1.2 Função massa de probabilidade (teórica)

```r
# Simulação de Variáveis aleatórias

# Função massa de probabilidade Binomial(n,p)
n <- 20
p <- 0.1
x <- 0:20

teorico <- data.frame(x = x, y=dbinom(x, size = n, prob = p))

# Carregue o pacote ggplot2
library(ggplot2)

ggplot(teorico) +
  geom_point(aes(x = x, y=y), color = "blue") +
  scale_x_continuous(breaks = 0:n) +
  labs(title = "Binomial(20,0.1)", x = "Número de sucessos", y = "Probabilidade") +
  theme_light()
```



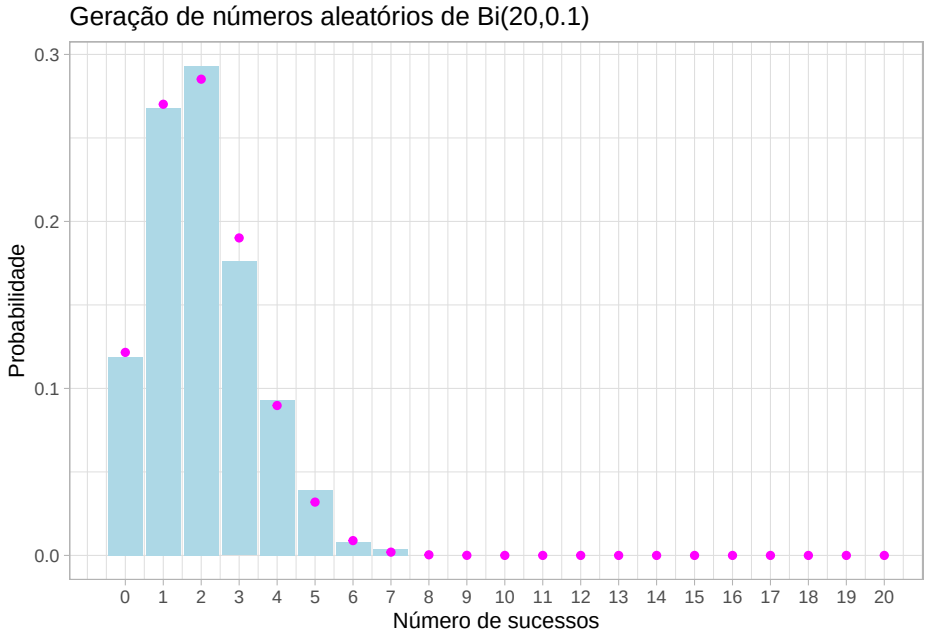
20.1.3 Função massa de probabilidade (simulação)

```
set.seed(1234)

n <- 20
p <- 0.9
k <- 1000 # número de simulações

dados <- data.frame(X = rbinom(k, size = n, prob = p))

# Carregue o pacote ggplot2library(ggplot2)

ggplot(dados) +
geom_bar(aes(x=X, y=after_stat(prop)), fill = "lightblue") +
  scale_x_continuous(breaks = 0:n) +
  labs(title = "Geração de números aleatórios de Bi(20,0.9)", x="Número de sucessos",
  y="Frequência relativa") +
  theme_light()
```



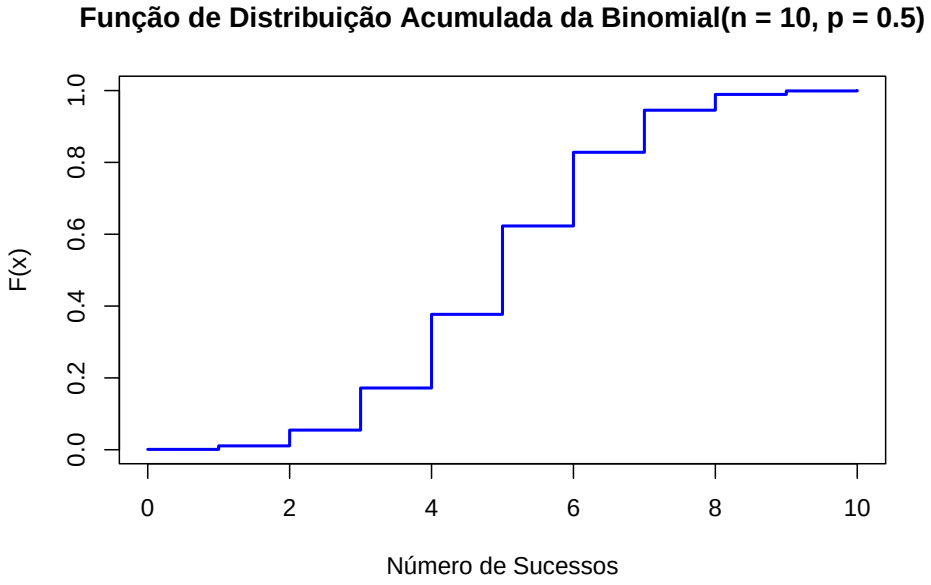
20.1.4 Comparação

```r
set.seed(1234)

n <- 20
p <- 0.1
k <- 1000 # número de simulações

dados <- data.frame(X = rbinom(k, size = n, prob = p))
teorico <- data.frame(x = 0:n, y=dbinom(0:n, size = n, prob = p))

# Carregue o pacote ggplot2
library(ggplot2)

ggplot(dados) +
  geom_bar(aes(x = X, y = after_stat(prop)), fill = "lightblue") +
  geom_point(data = teorico, aes(x, y), color = "magenta") +
  scale_x_continuous(breaks = 0:n) +
  labs(title = "Geração de números aleatórios de Bi(20,0.1)", x = "Número de sucessos",
  y = "Probabilidade") +
  theme_light()
```



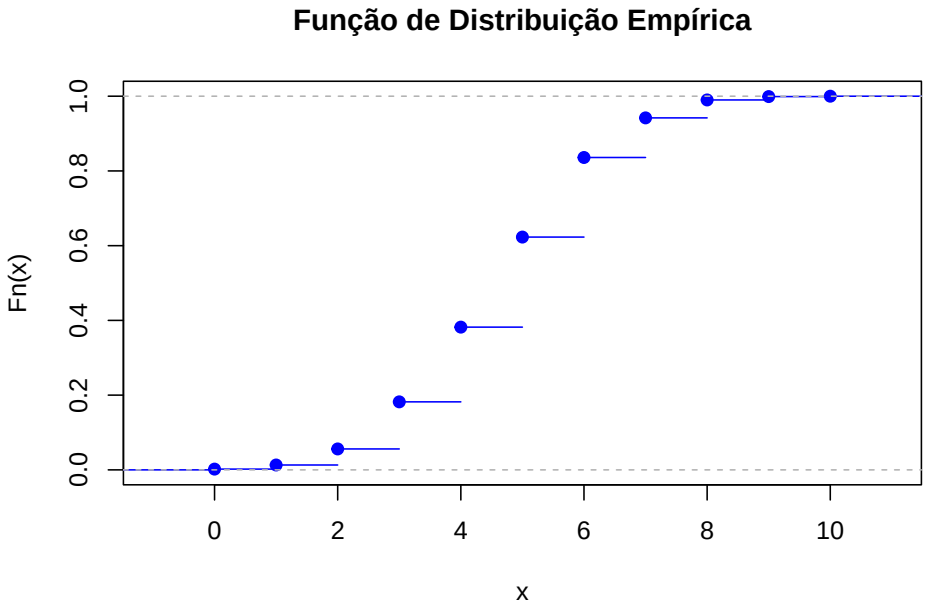
20.1.5 Função de distribuição

```r
# Definir os parâmetros da distribuição binomial
n <- 10 # Número de tentativas
p <- 0.5 # Probabilidade de sucesso

# Valores possíveis de sucessos (0 a n)
x <- 0:n

# Calcular a FD
cdf_values <- pbinom(x, size = n, prob = p)

# Plotar a FD
plot(x, cdf_values, type = "s", lwd = 2, col = "blue",
xlab = "Número de Sucessos", ylab = "F(x)",
main = "Função de Distribuição Acumulada da Binomial(n = 10, p = 0.5)")
```

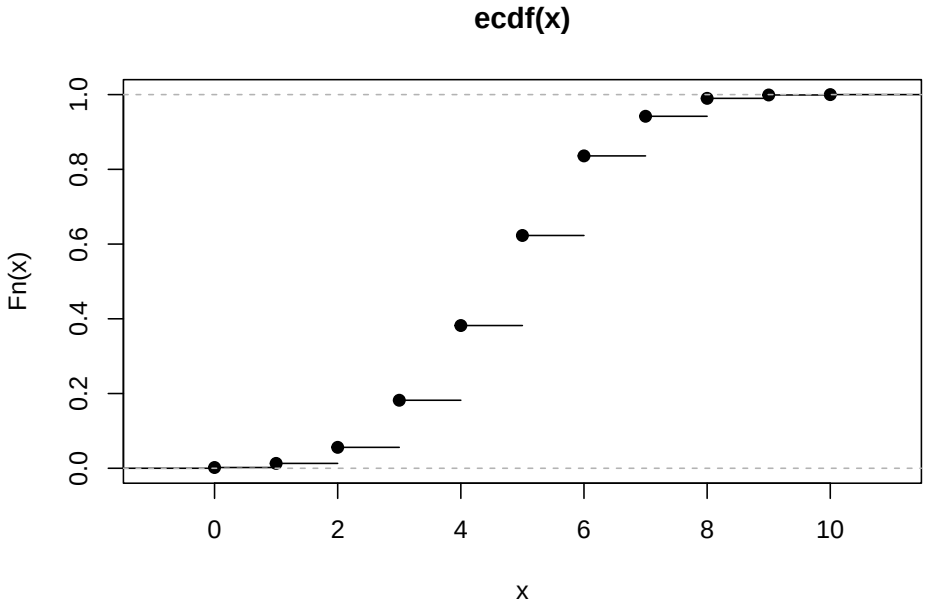


20.1.6 Função de distribuição empírica

```r
# Definir os parâmetros da distribuição binomial
n <- 10 # Número de tentativas
p <- 0.5 # Probabilidade de sucesso

set.seed(123)
# Amostra aleatória de dimensão 1000
amostra <- rbinom(1000,size = n, prob = p)

# Distribuição empírica
Fn <- ecdf(amostra)

# Plotar CDF
plot(Fn, main = "Função de Distribuição Empírica", xlab = "x",
ylab = "Fn(x)", col = "blue")
```




```
# OU
plot.ecdf(amostra)
```



Cálculo de probabilidade: Seja $X \sim \text{Binomial}(n = 10, p = 0.5)$.

$P(X \leq 4) =$ `pbinom(4,10,0.5)` $= 0.377$

$P(X \leq 4) \approx$ `Fn(4)` $= 0.382$

20.2 Gerando uma variável aleatória com distribuição de Poisson

20.2.1 Cálculo de probabilidades

Seja $X \sim \text{Poisson}(\lambda = 5)$.

$P(X = 4) \rightarrow$ `dpois(4,5)` $= 0.1755$

$P(X \leq 4) \rightarrow$ `ppois(4,5)` $= 0.4405$

$P(X > 4) \rightarrow$ `ppois(4,5,lower.tail=FALSE)`$= 0.5595$

20.2.2 Função massa de probabilidade (teórica)

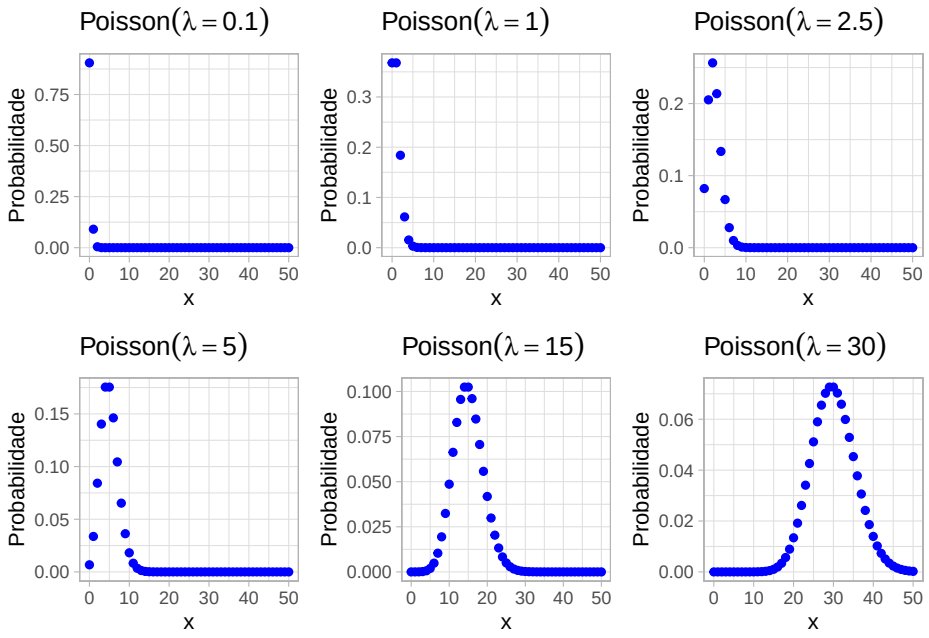
```r
# Definir os valores de lambda e x
p <- c(0.1, 1, 2.5, 5, 15, 30)
x <- 0:50

# Carregar os pacotes necessários
library(ggplot2)
library(latex2exp)
library(gridExtra)
```

```
##
## Attaching package: 'gridExtra'
```

```
## The following object is masked from 'package:dplyr':
##
##     combine
```

```r
# Inicializar uma lista para armazenar os gráficos
plots <- list()

# Loop para criar os data frames e gráficos
for (i in 1:length(p)) {
  teorico <- data.frame(x = x, y = dpois(x, lambda = p[i]))

  plots[[i]] <- ggplot(teorico) +
    geom_point(aes(x = x, y = y), color = "blue") +
    scale_x_continuous(breaks = seq(0, 50, by = 10)) +
    labs(title = TeX(paste0("$Poisson(lambda=", p[i], ")$")), x="x", y="Probabilidade") +
    theme_light()
```

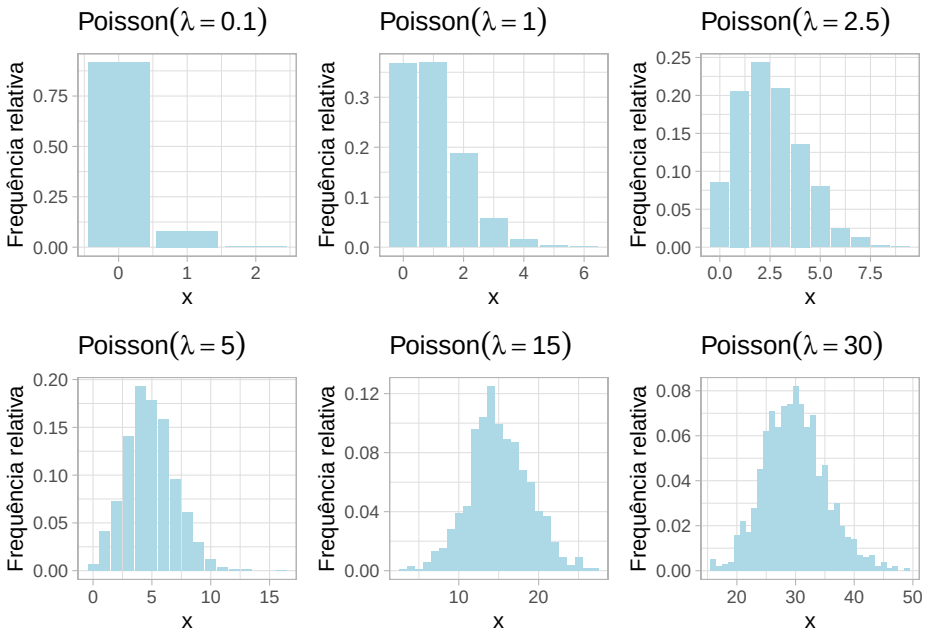
```
}

# Dispor os gráficos em uma grade 2x3
grid.arrange(grobs = plots, nrow = 2, ncol = 3)
```



20.2.3 Função massa de probabilidade (simulação)

```
p <- c(0.1, 1, 2.5, 5, 15, 30)
n <- 1000

# Carregar os pacotes necessários
library(ggplot2)
library(latex2exp)
library(gridExtra)

# Inicializar uma lista para armazenar os gráficos
plots <- list()

# Loop para criar os data frames e gráficos
for (i in 1:length(p)) {
  dados <- data.frame(X = rpois(n, lambda = p[i]))
```

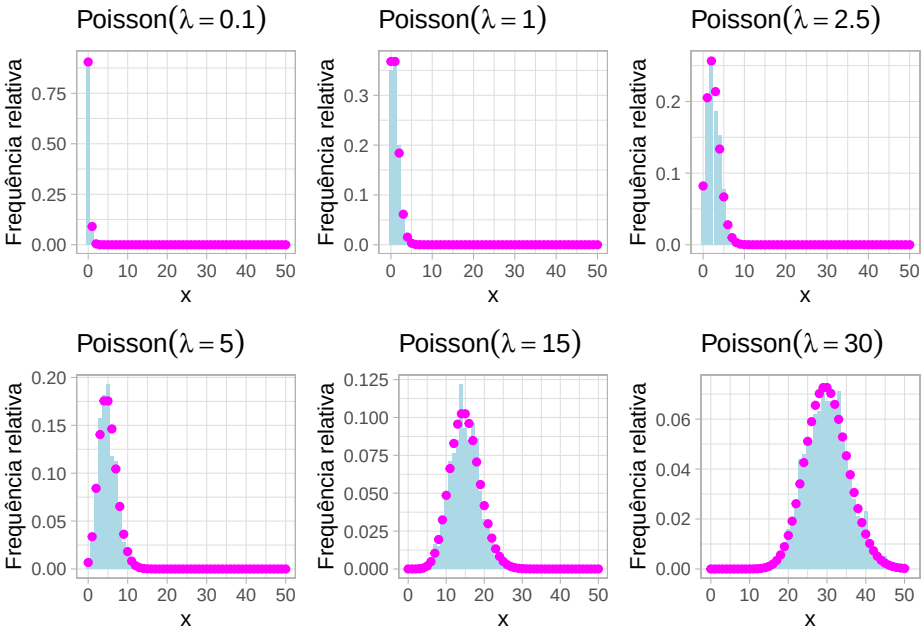
```
  plots[[i]] <- ggplot(dados) +
    geom_bar(aes(x = X, y =after_stat(prop)), fill="lightblue") +
    labs(title=TeX(paste("$Poisson(lambda=", p[i], ")$")),
    x = "x", y = "Frequência relativa") +
    theme_light()
}

# Dispor os gráficos em uma grade 2x3
grid.arrange(grobs = plots, nrow = 2, ncol = 3)
```



20.2.4 Comparação

```
p <- c(0.1, 1, 2.5, 5, 15, 30)
n <- 1000

# Carregar os pacotes necessários
library(ggplot2)
library(latex2exp)
library(gridExtra)

# Inicializar uma lista para armazenar os gráficos
plots <- list()
```

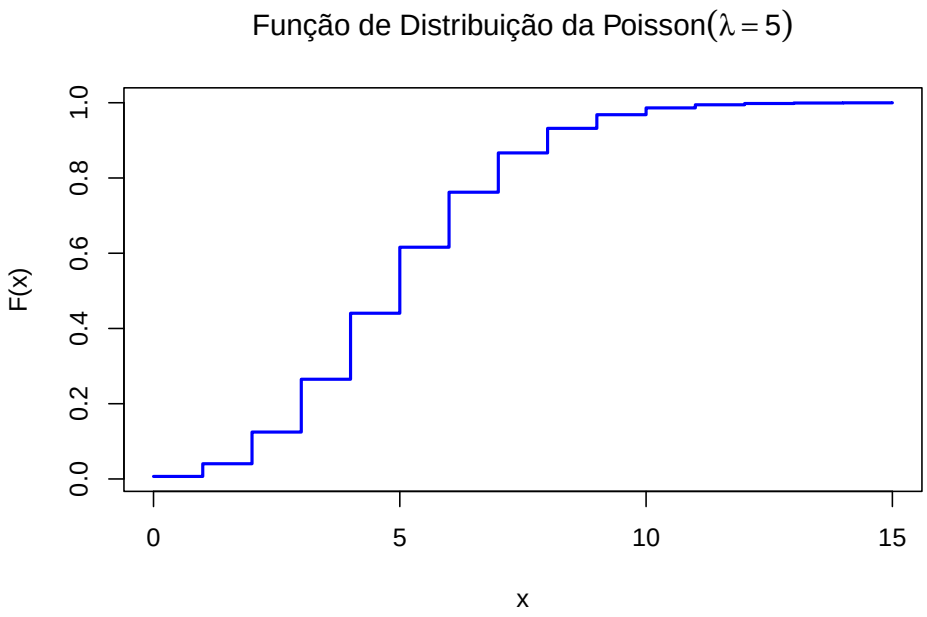
```
# Loop para criar os data frames e gráficos
for (i in 1:length(p)) {
  dados <- data.frame(X = rpois(n, lambda = p[i]))
  teorico <- data.frame(x=0:50, y=dpois(0:50,p[i]))

  plots[[i]] <- ggplot(dados) +
    geom_bar(aes(x = X, y =after_stat(prop)), fill="lightblue") +
    geom_point(data = teorico, aes(x, y), color = "magenta") +
    scale_x_continuous(breaks = seq(0, 50, by = 10)) +
    labs(title=TeX(paste("$Poisson(lambda=", p[i], ")$")),
    x = "x", y = "Frequência relativa") +
    theme_light()
}

# Dispor os gráficos em uma grade 2x3
grid.arrange(grobs = plots, nrow = 2, ncol = 3)
```



20.2.5 Função de distribuição

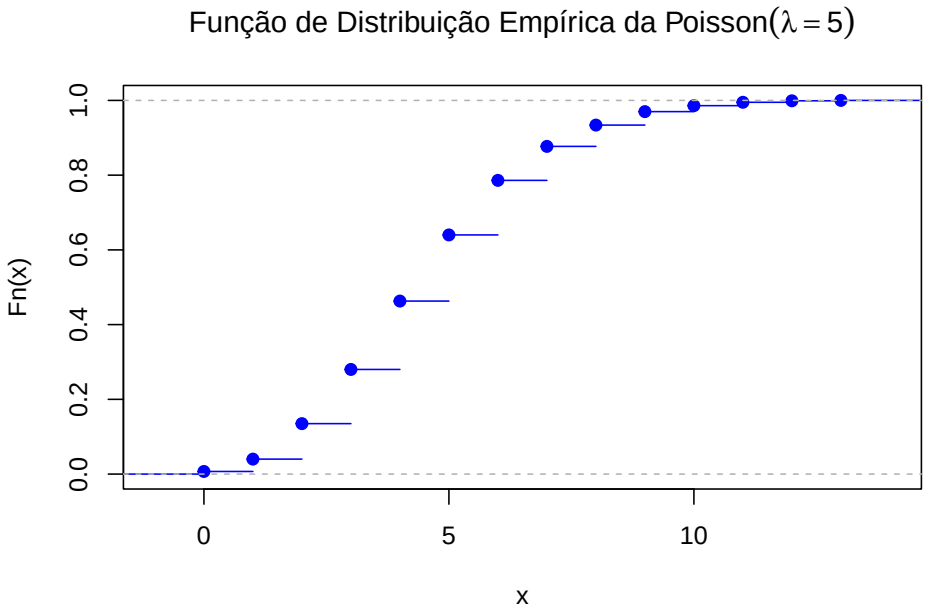
```
lambda <- 5  # Parâmetro da Poisson
x <- 0:15    # Valores de x para plotar a distribuição
```

```r
# Calcular a FD
y <- ppois(x, lambda = lambda)

# Plotar a FD
plot(x,y, type="s", lwd=2, col="blue",
  main=TeX(paste("Função de Distribuição da $Poisson (lambda =", lambda, ")$")),
  xlab = "x",
  ylab = "F(x)")
```

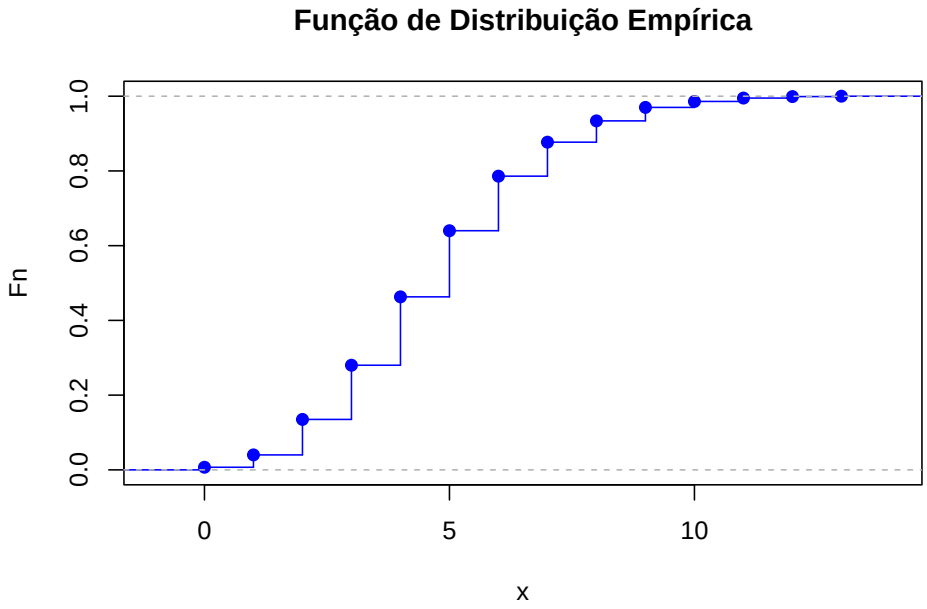


20.2.6 Função de distribuição empírica

```r
library(latex2exp)
# Definir os parâmetros da distribuição de Poisson
lambda <- 5

dados <- rpois(1000,lambda = lambda)
Fn <- ecdf(dados)

# Plotar CDF
plot(Fn, main=TeX("Função de Distribuição Empírica da $Poisson(lambda = 5)$"),
  xlab = "x",
  ylab = "Fn(x)",
  col = "blue")
```




```
# OU
#plot.ecdf(dados)

plot(Fn, main="Função de Distribuição Empírica",
     xlab="x",
     ylab="Fn",
     col="blue",
     verticals = TRUE)
```



Cálculo de probabilidades: Seja $X \sim \text{Poisson}(\lambda = 5)$.

$P(X \leq 4) \rightarrow$ `ppois(4,5)` $= 0.4405$

$P(X \leq 4) \rightarrow$ `Fn(4)` $= 0.433$

20.3 Gerando uma variável aleatória com distribuição de Uniforme

20.3.1 Cálculo de probabilidades

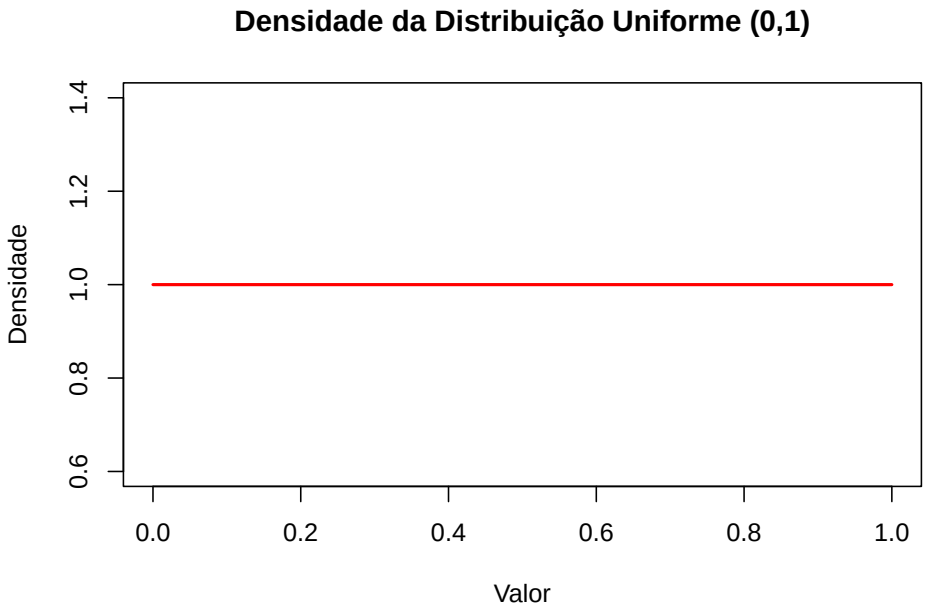
Seja $X \sim \text{Uniforme}(0, 1)$

- $P(X \leq 0.5) \rightarrow$ `punif(0.5, min = 0, max = 1)` $= 0.5$
- $P(X > 0.5) \rightarrow$ `punif(0.5, min = 0, max = 1, lower.tail = FALSE)` $= 0.5$

20.3.2 Função densidade de probabilidade

```r
# Gerar os valores x para a densidade teórica
x_vals <- seq(0, 1, length.out = 100)
```

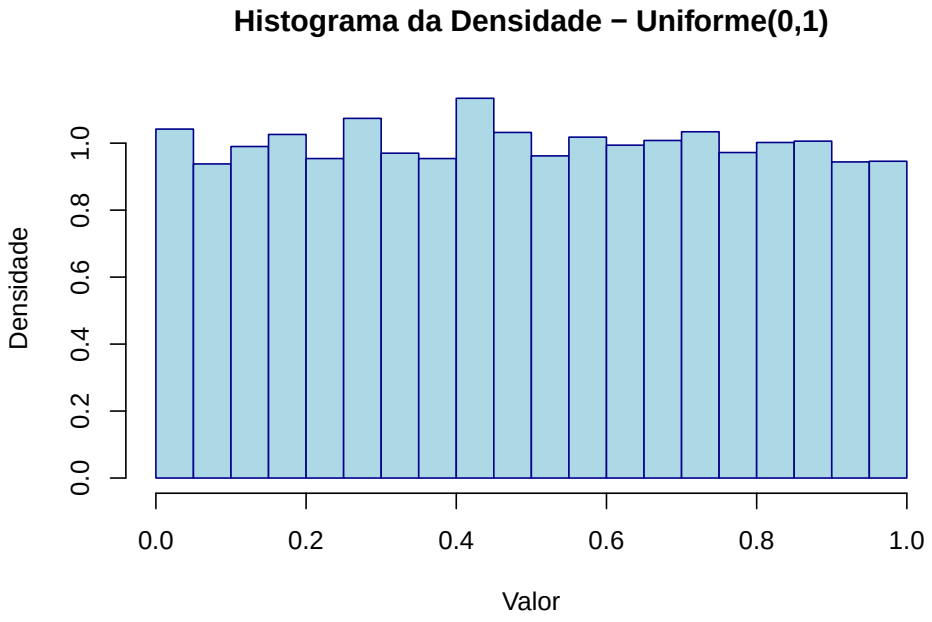
```r
# Calcular a densidade teórica para os valores x
y_vals <- dunif(x_vals, min = 0, max = 1)

# Desenhar o gráfico da função densidade de probabilidade
plot(x_vals, y_vals, type = "l",
     col = "red", lwd = 2,
     main = "Densidade da Distribuição Uniforme (0,1)",
     xlab = "Valor", ylab = "Densidade")
```



20.3.3 Função densidade de probabilidade (simulação)

```r
# Definir o tamanho da amostra
n <- 10000

# Fixar a semente para reprodutibilidade
set.seed(123)

# Gerar a variável aleatória com distribuição uniforme (0,1)
uniform_data <- runif(n, min = 0, max = 1)

# Criar um histograma da amostra
hist(uniform_data, probability = TRUE,
     main = "Histograma da Densidade - Uniforme(0,1)",
```

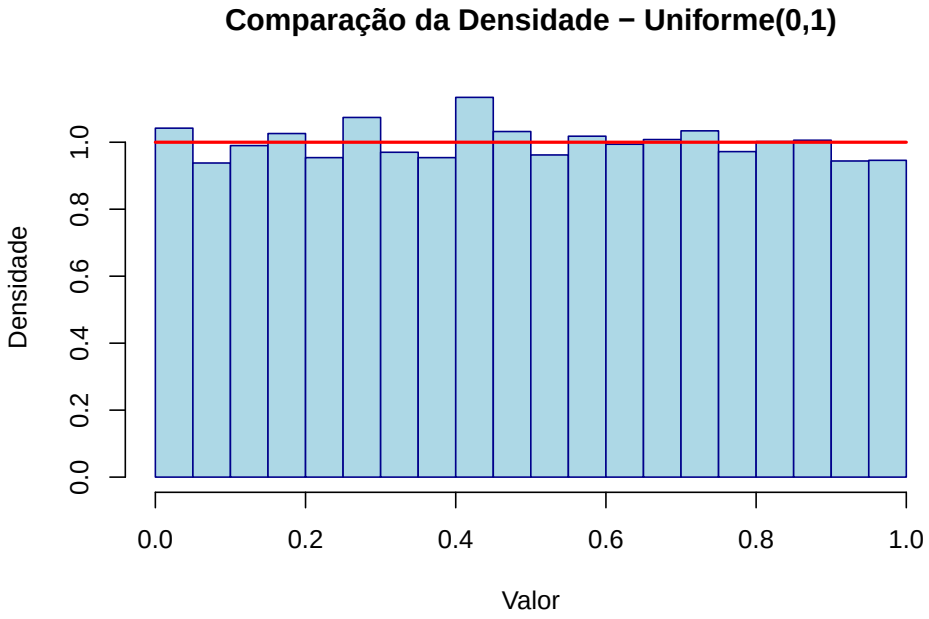
```
     xlab = "Valor",
     ylab = "Densidade",
     col = "lightblue",
     border = "darkblue")
```



20.3.4 Comparação

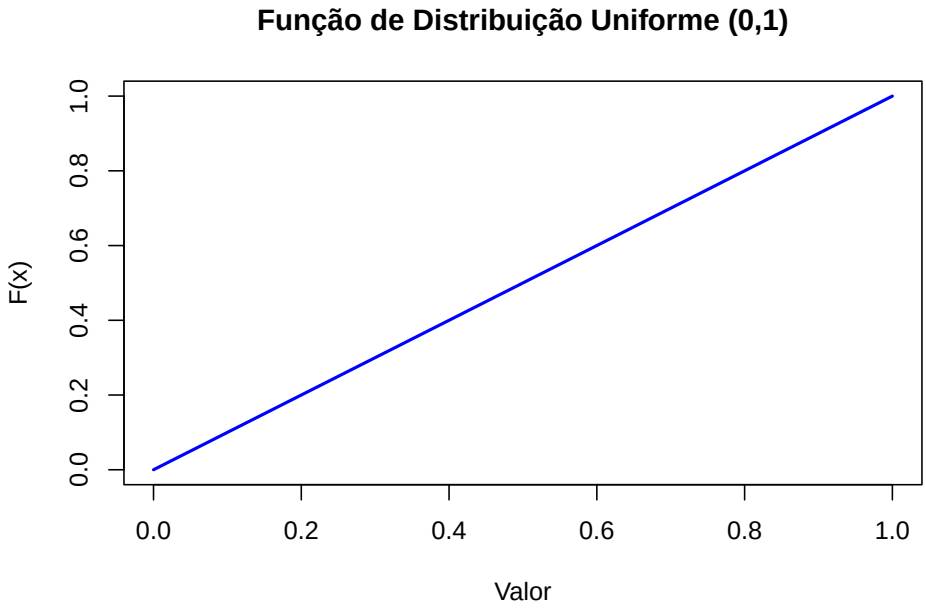
```
# Definir o tamanho da amostra
n <- 10000

# Fixar a semente para reprodutibilidade
set.seed(123)

# Gerar a variável aleatória com distribuição uniforme (0,1)
uniform_data <- runif(n, min = 0, max = 1)

# Criar um histograma da amostra com densidade
hist(uniform_data, probability = TRUE,
     main = "Comparação da Densidade - Uniforme(0,1)",
     xlab = "Valor",
     ylab = "Densidade",
     col = "lightblue",
     border = "darkblue")
```

```r
# Adicionar a curva da densidade teórica
curve(dunif(x, min = 0, max = 1),
      add = TRUE,
      col = "red",
      lwd = 2)
```



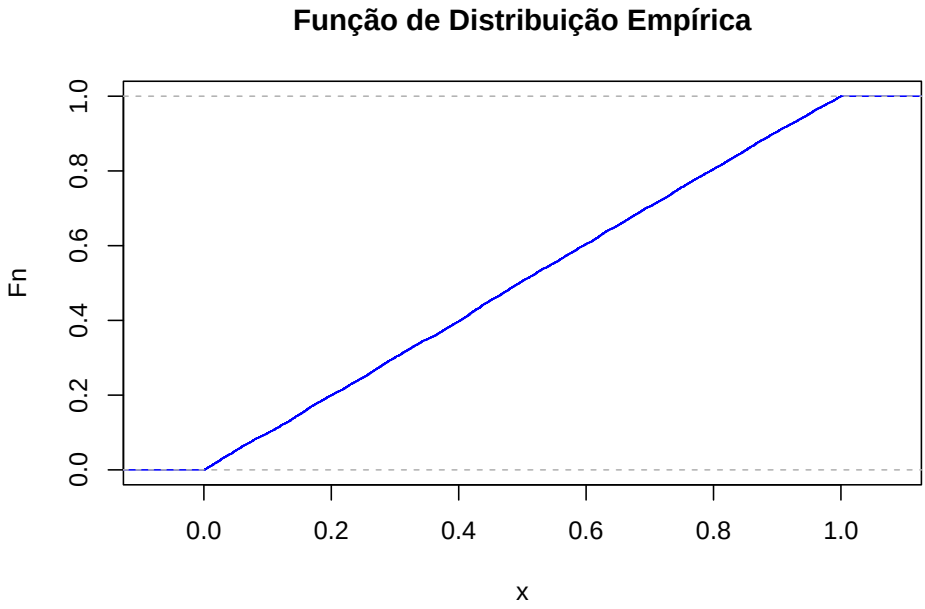
20.3.5 Função de distribuição

```r
# Gerar os valores x para a FD teórica
x_vals <- seq(0, 1, length.out = 100)

# Calcular a FD teórica para os valores x
y_vals <- punif(x_vals, min = 0, max = 1)

# Desenhar o gráfico da função de distribuição acumulada
plot(x_vals, y_vals, type = "l",
     col = "blue", lwd = 2,
     main = "Função de Distribuição Uniforme (0,1)",
     xlab = "Valor", ylab = "F(x)")
```



20.3.6 Função de distribuição empírica

```r
# Definir o tamanho da amostra
n <- 10000

# Fixar a semente para reprodutibilidade
set.seed(123)

# Gerar a variável aleatória com distribuição uniforme (0,1)
uniform_data <- runif(n, min = 0, max = 1)

# Função de distribuição empírica
Fn <- ecdf(uniform_data)

plot(Fn, main="Função de Distribuição Empírica",
     xlab="x",
     ylab="Fn",
     col="blue")
```




```
# OU
#plot.ecdf(uniform_data)
```

20.4 Gerando uma variável aleatória com distribuição Exponencial

20.4.1 Cálculo de probabilidades

Seja $X \sim \text{Exponencial}(\lambda = 1)$.

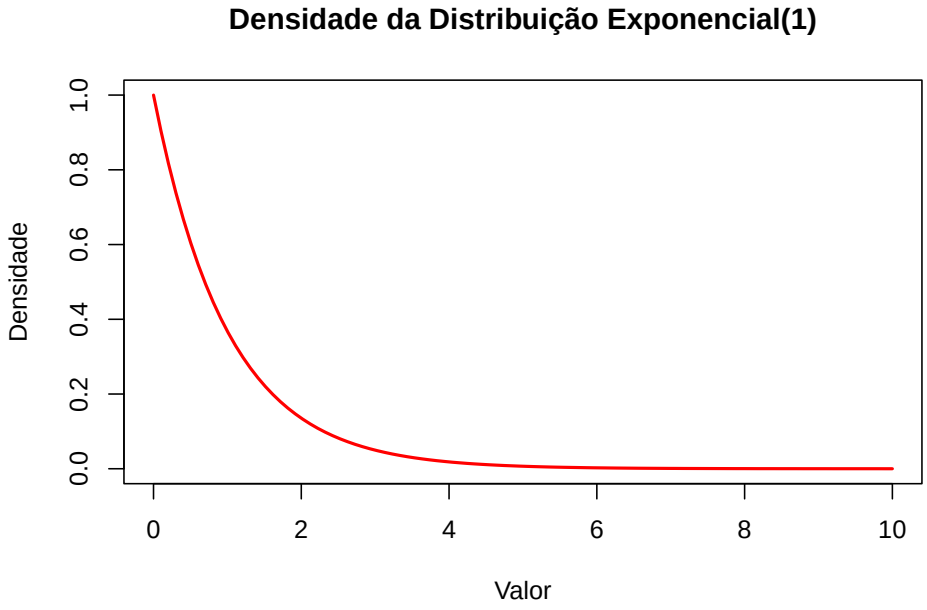
$P(X \leq 0.5) \rightarrow$ `pexp(0.5,rate=1)`$=0.3935$

$P(X > 0.5) \rightarrow$ `pexp(0.5,rate=1,lower.tail=FALSE)`$=0.6065$

20.4.2 Função densidade de probabilidade (teórica)

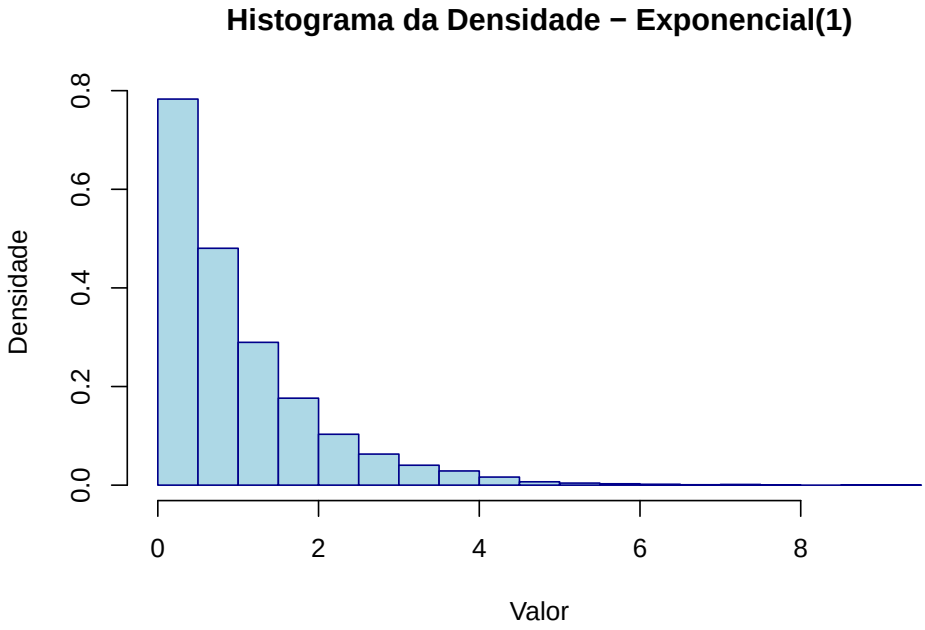
```
# Gerar os valores x para a densidade teórica
x_vals <- seq(0, 10, length.out = 100)

# Calcular a densidade teórica para os valores x
y_vals <- dexp(x_vals, rate=1)
```

```r
# Desenhar o gráfico da função densidade de probabilidade
plot(x_vals, y_vals, type = "l",
     col = "red", lwd = 2,
     main = "Densidade da Distribuição Exponencial(1)",
     xlab = "Valor", ylab = "Densidade")
```



20.4.3 Função densidade de probabilidade (simulação)

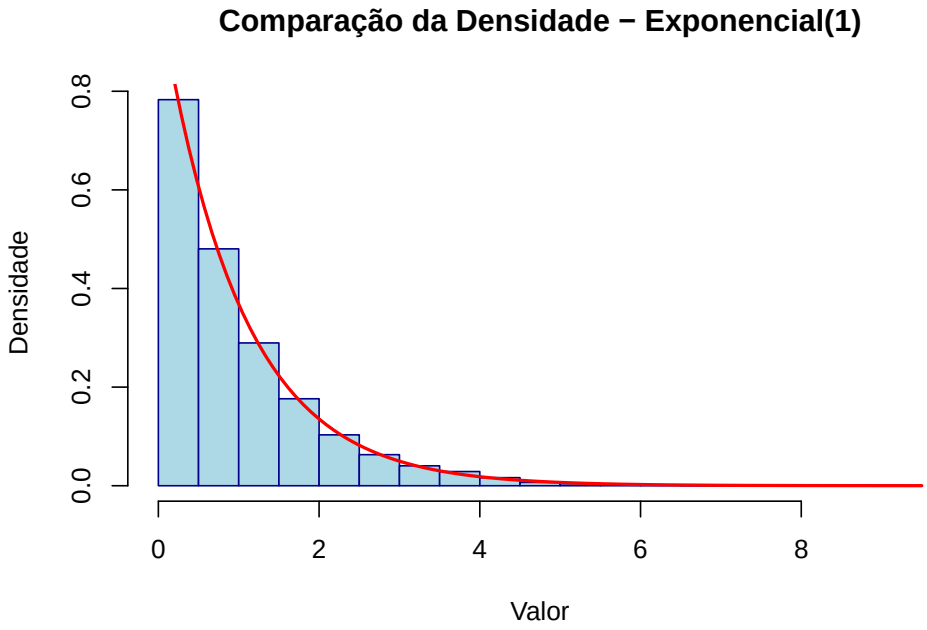
```r
# Definir o tamanho da amostra
n <- 10000

# Fixar a semente para reprodutibilidade
set.seed(123)

# Gerar a variável aleatória com distribuição exponencial(1)
expo_data <- rexp(n, rate=1)

# Criar um histograma da amostra
hist(expo_data, probability = TRUE,
     main = "Histograma da Densidade - Exponencial(1)",
     xlab = "Valor",
     ylab = "Densidade",
     col = "lightblue",
     border = "darkblue")
```



20.4.4 Comparação

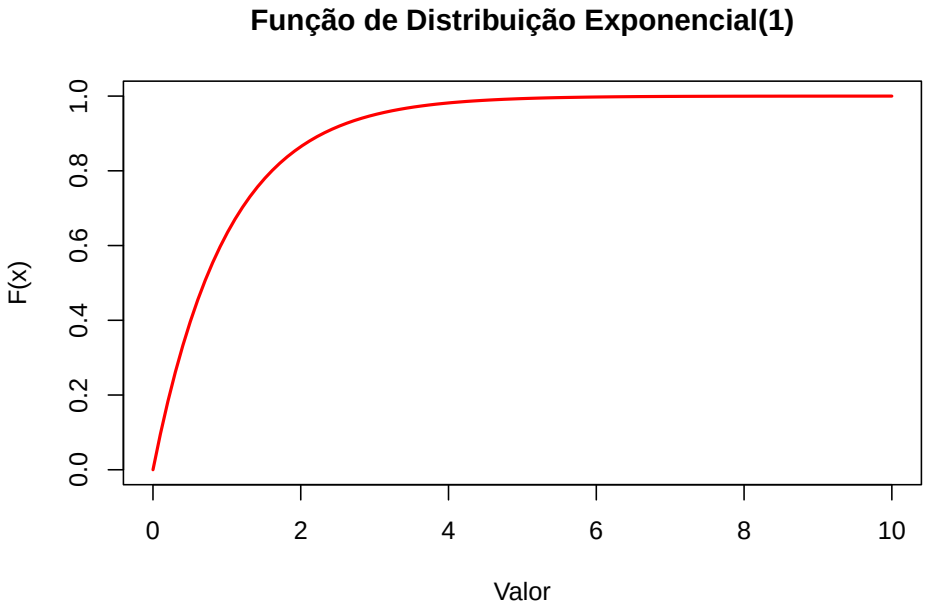
```
# Definir o tamanho da amostra
n <- 10000

# Fixar a semente para reprodutibilidade
set.seed(123)

# Gerar a variável aleatória com distribuição exponencial(1)
expo_data <- rexp(n, rate=1)

# Criar um histograma da amostra
hist(expo_data, probability = TRUE,
     main = "Comparação da Densidade - Exponencial(1)",
     xlab = "Valor",
     ylab = "Densidade",
     col = "lightblue",
     border = "darkblue")

# Adicionar curva da densidade teórica
curve(dexp(x,rate=1),
      add=TRUE,
      col="red",
```

```
      lwd=2)
```



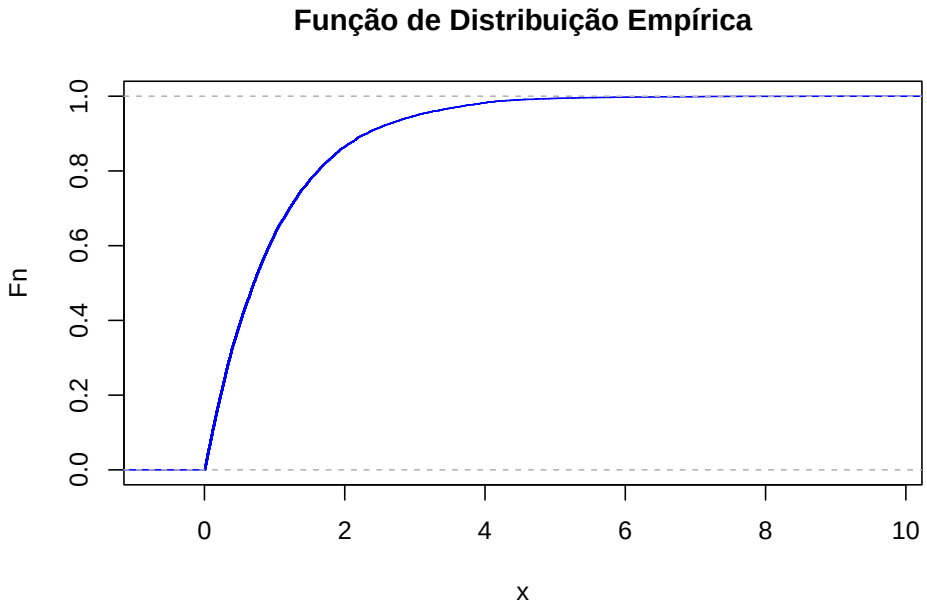
20.4.5 Função de distribuição

```
# Gerar os valores x para a FD teórica
x_vals <- seq(0, 10, length.out = 100)

# Calcular a FD teórica para os valores x
y_vals <- pexp(x_vals, rate=1)

# Desenhar o gráfico da FD
plot(x_vals, y_vals, type = "l",
     col = "red", lwd = 2,
     main = "Função de Distribuição Exponencial(1)",
     xlab = "Valor", ylab = "F(x)")
```



20.4.6 Função de distribuição empírica

```
# Definir o tamanho da amostra
n <- 10000

# Fixar a semente para reprodutibilidade
set.seed(123)

# Gerar a variável aleatória com distribuição exponencial(1)
expo_data <- rexp(n, rate=1)

# Função de distribuição empírica
Fn <- ecdf(expo_data)

plot(Fn, main="Função de Distribuição Empírica",
     xlab="x",
     ylab="Fn",
     col="blue")
```



20.5 Gerando uma variável aleatória com distribuição Normal

20.5.1 Cálculo de probabilidades

Seja $X \sim \text{Normal}(0, 1)$.

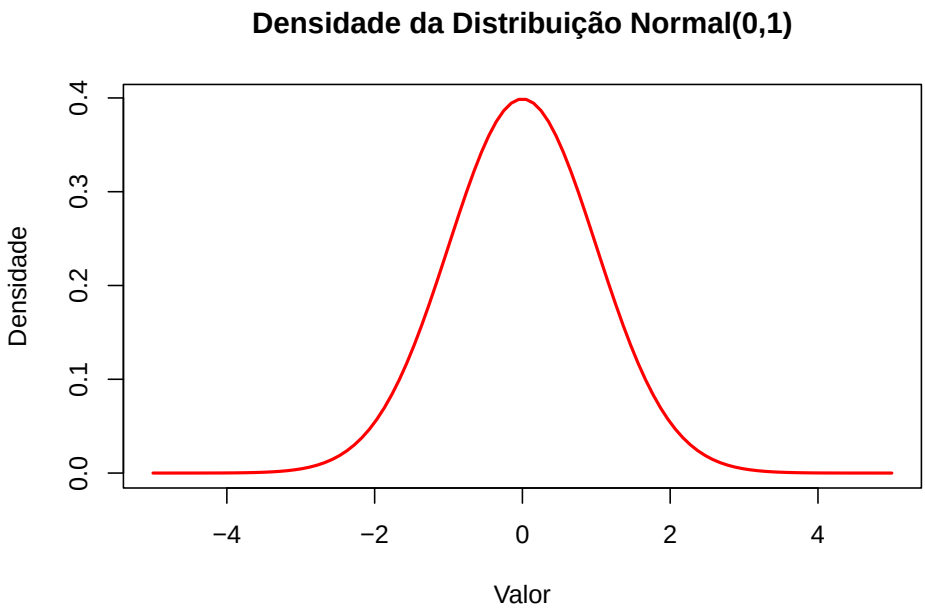
$P(X \leq 0.5) \rightarrow$ `pnorm(0.5,mean=0,sd=1)`$=0.6915$

$P(X > 0.5) \rightarrow$ `pnorm(0.5,mean=0,sd=1,lower.tail=FALSE)`$=0.3085$

20.5.2 Função densidade de probabilidade (teórica)

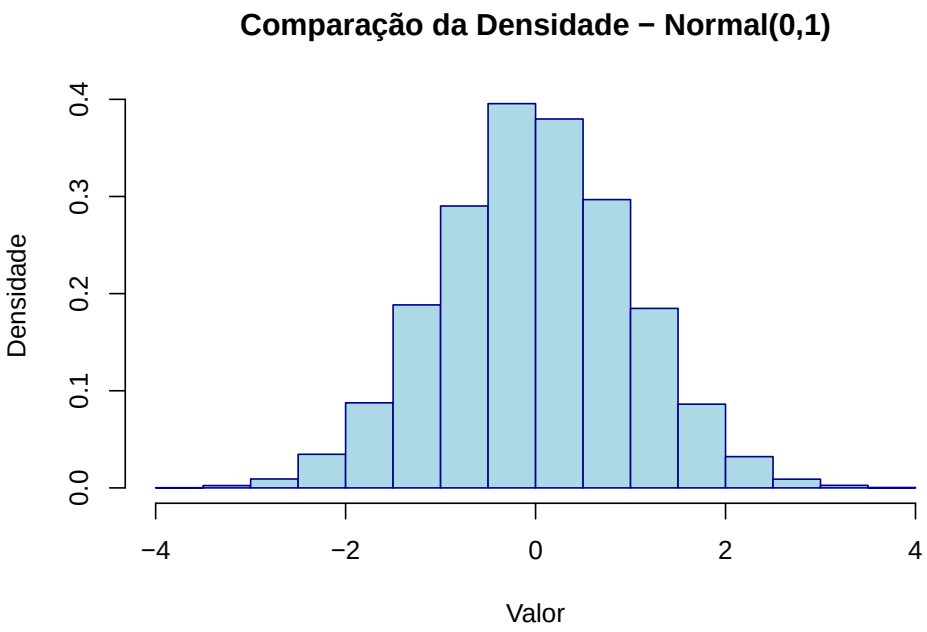
```
# Gerar os valores x para a densidade teórica
x_vals <- seq(-5, 5, length.out = 100)

# Calcular a densidade teórica para os valores x
y_vals <- dnorm(x_vals, mean = 0, sd = 1)

# Desenhar o gráfico da função densidade de probabilidade
plot(x_vals, y_vals, type = "l",
     col = "red", lwd = 2,
```

```
     main = "Densidade da Distribuição Normal(0,1)",
     xlab = "Valor", ylab = "Densidade")
```



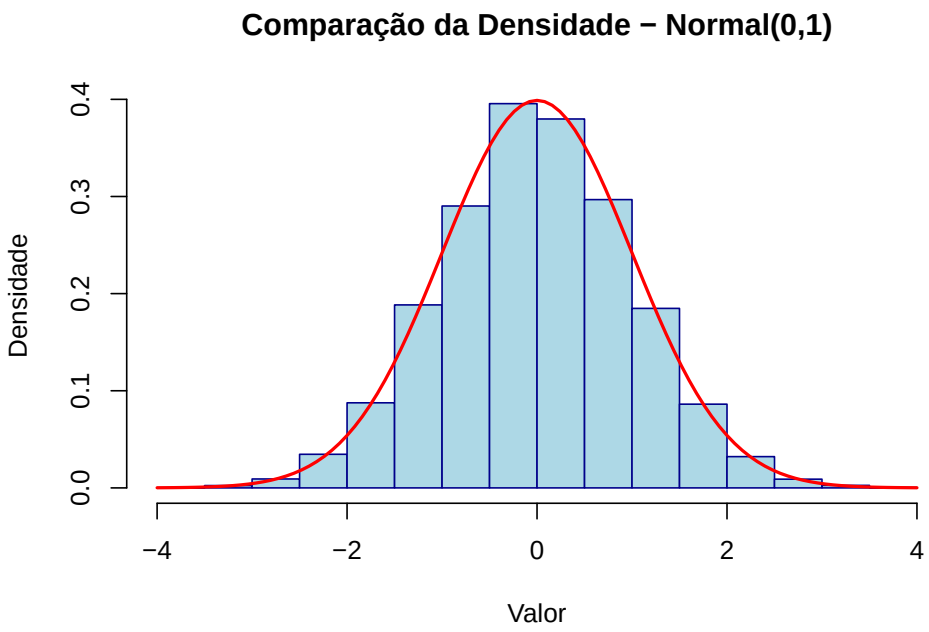
20.5.3 Função densidade de probabilidade (simulação)

```
# Definir o tamanho da amostra
n <- 10000

# Fixar a semente para reprodutibilidade
set.seed(123)

# Gerar a variável aleatória com distribuição Normal(0,1)
normal_data <- rnorm(n, mean = 0, sd = 1)

# Criar um histograma da amostra com densidade
hist(normal_data, probability = TRUE,
     main = "Comparação da Densidade - Normal(0,1)",
     xlab = "Valor",
     ylab = "Densidade",
     col = "lightblue",
     border = "darkblue")
```



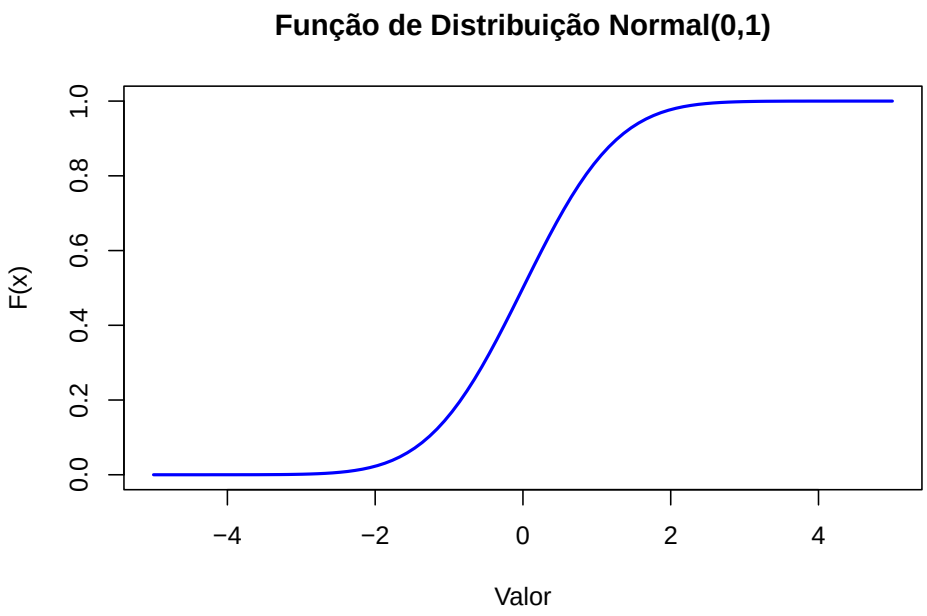
20.5.4 Comparação

```r
# Definir o tamanho da amostra
n <- 10000

# Fixar a semente para reprodutibilidade
set.seed(123)

# Gerar a variável aleatória com distribuição Normal(0,1)
normal_data <- rnorm(n, mean = 0, sd = 1)

# Criar um histograma da amostra com densidade
hist(normal_data, probability = TRUE,
     main = "Comparação da Densidade - Normal(0,1)",
     xlab = "Valor",
     ylab = "Densidade",
     col = "lightblue",
     border = "darkblue")

# Adicionar a curva da densidade teórica
curve(dnorm(x, mean = 0, sd = 1),
      add = TRUE,
      col = "red",
      lwd = 2)
```



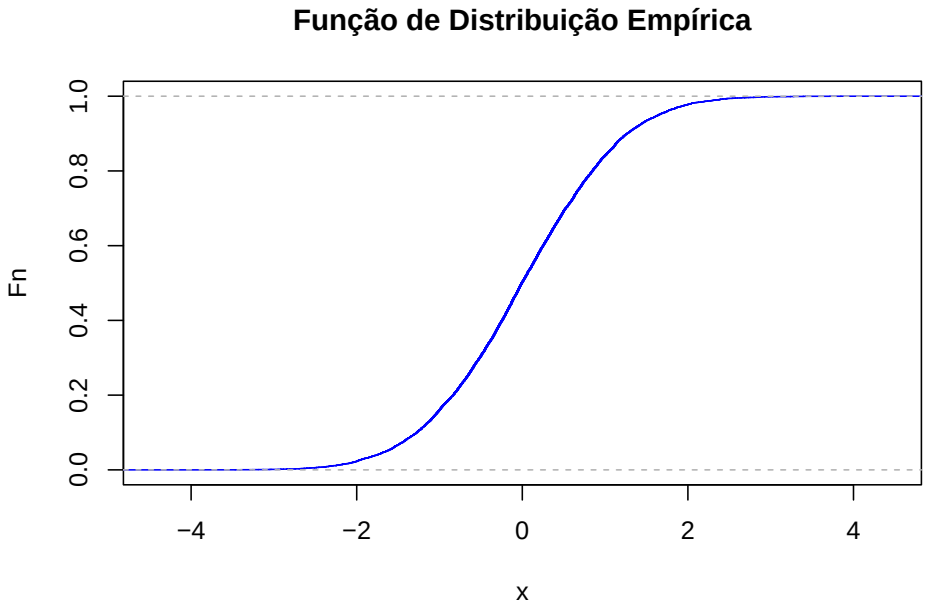
20.5.5 Função de distribuição

```r
# Gerar os valores x para a FD teórica
x_vals <- seq(-5, 5, length.out = 100)

# Calcular a FD teórica para os valores x
y_vals <- pnorm(x_vals, mean = 0, sd = 1)

# Desenhar o gráfico da função de distribuição
plot(x_vals, y_vals, type = "l",
     col = "blue", lwd = 2,
     main = "Função de Distribuição Normal(0,1)",
     xlab = "Valor", ylab = "F(x)")
```



20.5.6 Função de distribuição empírica

```r
# Definir o tamanho da amostra
n <- 10000

# Fixar a semente para reprodutibilidade
set.seed(123)

# Gerar a variável aleatória com distribuição Normal(0,1)
normal_data <- rnorm(n, mean = 0, sd = 1)

# Função de distribuição empírica
Fn <- ecdf(normal_data)

plot(Fn, main="Função de Distribuição Empírica",
     xlab="x",
     ylab="Fn",
     col="blue")
```



20.6 Exercícios

1. Usando o R e fixando a semente em 123, simule 1000 lançamentos de uma moeda com probabilidade de 0.5 de sair cara. Conte o número de caras em cada lançamento e plote um histograma dos resultados.

2. Usando o R e fixando a semente em 123, gere uma amostra aleatória de 5000 observações de uma variável aleatória binomial com parâmetros $n = 10$ e $p = 0.3$. Calcule a média e a variância das observações geradas.

3. Usando o R e fixando a semente em 123, gere uma amostra aleatória de 2300 observações de uma variável aleatória de Poisson com parâmetro $\lambda = 4$. Calcule a média e o desvio padrão das observações geradas.

4. Em um processo de qualidade, considere uma variável aleatória X que representa o número de produtos defeituosos em um lote de 50 produtos, onde a probabilidade de um produto ser defeituoso é 0.1. Usando o R e fixando a semente em 123 gere uma amostra aleatória de 10000 observações de X. Conte a frequência de lotes com exatamente 5 produtos defeituosos. Calcule a proporção de lotes com exatamente 5 produtos defeituosos e compare o valor obtido com a probabilidade $P(X = 5)$, onde $X \sim \text{Binomial}(50, 0.1)$.

5. Usando o R e fixando a semente em 123, gere uma amostra aleatória de 5000 observações de uma variável aleatória X binomial com parâmetros $n = 20$ e $p = 0.7$.

(a) Faça um histograma de frequência relativa associado aos valores amostrais. Sobreponha no gráfico a distribuição de probabilidade de X.

(b) Use a função de distribuição empírica para estimar $P(X \leq 10)$ e compare com o valor teórico.

6. Usando o R e fixando a semente em 543, gere uma amostra aleatória de 2400 observações de uma variável aleatória Y de Poisson com parâmetro $\lambda = 6$.

(a) Faça um histograma de frequência relativa associado aos valores amostrais. Sobreponha no gráfico a distribuição de probabilidade de X.

(b) Use a função de distribuição empírica para estimar $P(Y > 5)$ e compare com o valor teórico.

7. Usando o R e fixando a semente em 345, gere uma amostra aleatória de 3450 observações de uma variável aleatória Z uniforme no intervalo $[0, 1]$. Use a função de distribuição empírica para estimar $P(Z \leq 0.5)$ e compare com o valor teórico.

8. Usando o R e fixando a semente em 123, gere uma amostra aleatória de 3467 observações de uma variável aleatória W normal com média $\mu = 0$ e desvio padrão $\sigma = 1$.

(a) Faça um histograma de frequência relativa associado aos valores amostrais. Sobreponha no gráfico a distribuição de X.

(b) Use a função de distribuição empírica para estimar $P(W > 1)$ e compare com o valor teórico.

9. Usando o R e fixando a semente em 123, gere uma amostra aleatória de 1234 observações de uma variável aleatória V exponencial com parâmetro $\lambda = 0.5$.

(a) Faça um histograma de frequência relativa associado aos valores amostrais. Sobreponha no gráfico a distribuição de probabilidade de X.

(b) Use a função de distribuição empírica para estimar $P(V > 2)$ e compare com o valor teórico.

10. O número de acertos num alvo em 30 tentativas onde a probabilidade de acerto é 0.4, é modelado por uma variável aleatória X com distruibuição Binomial de parâmetros $n = 30$ e $p = 0.4$. Usando o R e fixando a semente em 123, gere uma amostra de dimensão $n = 700$ dessa variável. Para essa amostra:

(a) Faça um histograma de frequência relativa associado aos valores amostrais. Sobreponha no gráfico a distribuição de probabilidade de X.

(b) Calcule a função de distribuição empírica e com base nessa função estime a probabilidade do número de acertos no alvo, em 30 tentativas, ser maior que 15. Calcule ainda o valor teórico dessa probabilidade.

11. Usando o R e fixando a semente em 123, gere amostras de tamanho crescente $n = 100, 1000, 10000, 100000$ de uma variável aleatória X com distribuição

de Poisson com parâmetro $\lambda = 3$. Para cada tamanho de amostra, calcule a média amostral e compare-a com o valor esperado teórico. Observe e comente a convergência das médias amostrais.

12. Usando o R e fixando a semente em 123, gere amostras de tamanho crescente $n = 100, 1000, 10000, 100000$ de uma variável aleatória W com distribuição uniforme no intervalo $[0, 1]$. Para cada tamanho de amostra, calcule a média amostral e compare-a com o valor esperado teórico. Observe e comente a convergência das médias amostrais.

13. Um grupo de estudantes de Estatística está realizando uma pesquisa para avaliar o grau de satisfação dos alunos com um novo curso oferecido pela universidade. Cada estudante responde a uma pergunta onde pode indicar se está satisfeito ou insatisfeito com o curso. A probabilidade de um estudante estar satisfeito é de 0.75.

- Usando o R e fixando a semente em 42, simule amostras de tamanho crescente $n = 100, 500, 1000, 5000, 10000$ de uma variável aleatória X com distribuição binomial, onde X representa o número de estudantes satisfeitos. Para cada tamanho de amostra, calcule a proporção de estudantes satisfeitos e compare-a com a probabilidade teórica de satisfação (0.75).

14. Usando o R e fixando a semente em 1058, gere 9060 amostras de dimensão 9 de uma população, $X \sim \text{Binomial}(41, 0.81)$. Calcule a média de cada uma dessas amostras, obtendo uma amostra de médias. Calcule ainda o valor esperado da distribuição teórica de X e compare com a média da amostra de médias.

15. Em um hospital, o tempo de atendimento de pacientes segue uma distribuição exponencial com média de 30 minutos. Um pesquisador deseja estimar o tempo médio de atendimento coletando amostras de diferentes tamanhos.

- Usando o R e fixando a semente em 456, simule 1000 amostras de tamanho 50, 100 e 1000 do tempo de atendimento. Para cada tamanho de amostra, calcule a média de cada amostra e plote o histograma das médias amostrais para cada tamanho. Compare essas distribuições com a distribuição normal com média $E(X)$ e desvio padrão $\sqrt{V(X)n}$ e comente sobre a aplicação do Teorema do Limite Central.

16. O tempo de espera (em minutos) para o atendimento no setor de informações de um banco é modelado por uma variável aleatória X com distribuição Uniforme($a = 5, b = 20$). Usando o R e fixando a semente em 1430, gere 8000 amostras de dimensão $n = 100$ dessa variável. Para essas amostras:

(a) Calcule a soma de cada uma das amostras obtendo assim valores da distribuição da soma $S_n = \sum_{i=1}^{n} X_n$.

(b) Faça um histograma de frequência relativa associado aos valores obtidos da distribuição da soma e sobreponha no gráfico uma curva com distribuição normal de valor esperado $nE(X)$ e desvio padrão $\sqrt{V(X)n}$.

(c) Calcule a média de cada uma das amostras obtendo assim valores da distribuição da média $\bar{X_n}$.

(d) Faça um histograma de frequência relativa associado aos valores obtidos da distribuição da média $\bar{X_n}$. Sobreponha no gráfico uma curva com distribuição normal com valor esperado $E(X)$ e desvio padrão $\sqrt{V(x)/n}$.

17. O tempo de atendimento (em minutos), de doentes graves num determinado hospital, é modelado por uma variável aleatória X com distribuição Exponencial($\lambda = 0.21$). Usando o R e fixando a semente em 1580, gere 1234 amostras de dimensão $n = 50$ dessa variável. Para essas amostras:

(a) Calcule a soma de cada uma das amostras obtendo assim valores da distribuição da soma $S_n = \sum_{i=1}^{n} X_n$.

(b) Faça um histograma de frequência relativa associado aos valores obtidos da distribuição da soma e sobreponha no gráfico uma curva com distribuição normal de valor esperado $nE(X)$ e desvio padrão $\sqrt{V(X)n}$.

(c) Calcule agora a soma padronizada

$$\frac{S_n - E(S_n)}{\sqrt{V(S_n)}}$$

e faça um histograma de frequência relativa associado aos valores obtidos da distribuição da soma padronizada. Sobreponha no gráfico uma curva com distribuição normal de valor esperado 0 e desvio padrão 1.

(d) Calcule a média de cada uma das amostras obtendo assim valores da distribuição da média $\bar{X_n}$.

(e) Faça um histograma de frequência relativa associado aos valores obtidos da distribuição da média $\bar{X_n}$. Sobreponha no gráfico uma curva com distribuição normal com valor esperado $E(X)$ e desvio padrão $\sqrt{V(x)/n}$.

18. A altura (em centímetros) dos alunos de uma escola é modelada por uma variável aleatória X com distribuição Normal($\mu = 170, \sigma = 10$). Usando o R e fixando a semente em 678, gere 9876 amostras de dimensão $n = 80$ dessa variável. Para essas amostras:

(a) Calcule a soma de cada uma das amostras obtendo assim valores da distribuição da soma $S_n = \sum_{i=1}^{n} X_n$.

(b) Faça um histograma de frequência relativa associado aos valores obtidos da distribuição da soma e sobreponha no gráfico uma curva com distribuição normal de valor esperado $nE(X)$ e desvio padrão $\sqrt{V(X)n}$.

(c) Calcule agora a soma padronizada

$$\frac{S_n - E(S_n)}{\sqrt{V(S_n)}}$$

e faça um histograma de frequência relativa associado aos valores obtidos da distribuição da soma padronizada. Sobreponha no gráfico uma curva com distribuição normal de valor esperado 0 e desvio padrão 1.

(d) Calcule a média de cada uma das amostras obtendo assim valores da distribuição da média $\bar{X}_n$.

(e) Faça um histograma de frequência relativa associado aos valores obtidos da distribuição da média $\bar{X}_n$. Sobreponha no gráfico uma curva com distribuição normal com valor esperado $E(X)$ e desvio padrão $\sqrt{V(x)/n}$.

(f) Faça um histograma de frequência relativa associado aos valores obtidos da distribuição da média padronizada

$$\frac{\bar{X}_n - E(\bar{X}_n)}{\sqrt{V(\bar{X}_n)}}$$

e sobreponha no gráfico com uma curva com distribuição Normal com valor esperado 0 e desvio padrão 1.

19. A chegada de clientes em uma loja durante 1 hora, assumindo uma taxa média de 20 clientes por hora pode ser modelada por uma variável aleatória X com distribuição de Poisson($\lambda = 20$). Usando o R e fixando a semente em 1222, gere 8050 amostras de dimensão 30 de X.

(a) Calcule a soma de cada uma das amostras obtendo assim valores da distribuição da soma $S_n = \sum_{i=1}^{n} X_n$.

(b) Faça um histograma de frequência relativa associado aos valores obtidos da distribuição da soma e sobreponha no gráfico uma curva com distribuição normal de valor esperado $nE(X)$ e desvio padrão $\sqrt{V(X)n}$.

(c) Calcule agora a soma padronizada

$$\frac{S_n - E(S_n)}{\sqrt{V(S_n)}}$$

e faça um histograma de frequência relativa associado aos valores obtidos da distribuição da soma padronizada. Sobreponha no gráfico uma curva com distribuição normal de valor esperado 0 e desvio padrão 1.

(d) Calcule a média de cada uma das amostras obtendo assim valores da distribuição da média $\bar{X}_n$.

(e) Faça um histograma de frequência relativa associado aos valores obtidos da distribuição da média $\bar{X}_n$. Sobreponha no gráfico uma curva com distribuição normal com valor esperado $E(X)$ e desvio padrão $\sqrt{V(x)/n}$.

(f) Faça um histograma de frequência relativa associado aos valores obtidos da distribuição da média padronizada

$$\frac{\bar{X}_n - E(\bar{X}_n)}{\sqrt{V(\bar{X}_n)}}$$

e sobreponha no gráfico com uma curva com distribuição Normal com valor esperado 0 e desvio padrão 1.

Chapter 21

Relatórios

21.1 Markdown

21.2 R Markdown

Chapter 22

Referências

- https://cemapre.iseg.ulisboa.pt/~nbrites/CTA/index.html
- https://livro.curso-r.com/

Chapter 23

Respostas

23.1 O pacote dplyr

23.1.1 Selecionando colunas

1. Teste aplicar a função `glimpse()` do pacote 'dplyr à base `sw`. O que ela faz?

```
glimpse(sw)
```

```
## Rows: 87
## Columns: 14
## $ name       <chr> "Luke Skywalker", "C-3PO", "R2-D2", "Darth Vader", "Leia Or~
## $ height     <int> 172, 167, 96, 202, 150, 178, 165, 97, 183, 182, 188, 180, 2~
## $ mass       <dbl> 77.0, 75.0, 32.0, 136.0, 49.0, 120.0, 75.0, 32.0, 84.0, 77.~
## $ hair_color <chr> "blond", NA, NA, "none", "brown", "brown, grey", "brown", N~
## $ skin_color <chr> "fair", "gold", "white, blue", "white", "light", "light", "~
## $ eye_color  <chr> "blue", "yellow", "red", "yellow", "brown", "blue", "blue",~
## $ birth_year <dbl> 19.0, 112.0, 33.0, 41.9, 19.0, 52.0, 47.0, NA, 24.0, 57.0, ~
## $ sex        <chr> "male", "none", "none", "male", "female", "male", "female",~
## $ gender     <chr> "masculine", "masculine", "masculine", "masculine", "femini~
## $ homeworld  <chr> "Tatooine", "Tatooine", "Naboo", "Tatooine", "Alderaan", "T~
## $ species    <chr> "Human", "Droid", "Droid", "Human", "Human", "Human", "Huma~
## $ films      <list> <"A New Hope", "The Empire Strikes Back", "Return of the J~
## $ vehicles   <list> <"Snowspeeder", "Imperial Speeder Bike">, <>, <>, <>, "Imp~
## $ starships  <list> <"X-wing", "Imperial shuttle">, <>, <>, "TIE Advanced x1",~
```

Mostra os nomes das variáveis, os tipos de dados e os primeiros valores de cada coluna em uma única visualização, tudo de forma horizontal.

2. Crie uma tabela com apenas as colunas `name`, `gender`, e `films`. Salve em um objeto chamado `sw_simples`.

```
sw_simples <- select(sw, name, gender, films)
sw_simples
```

```
## # A tibble: 87 x 3
##    name               gender    films
##    <chr>              <chr>     <list>
##  1 Luke Skywalker     masculine <chr [5]>
##  2 C-3PO              masculine <chr [6]>
##  3 R2-D2              masculine <chr [7]>
##  4 Darth Vader        masculine <chr [4]>
##  5 Leia Organa        feminine  <chr [5]>
##  6 Owen Lars          masculine <chr [3]>
##  7 Beru Whitesun Lars feminine  <chr [3]>
##  8 R5-D4              masculine <chr [1]>
##  9 Biggs Darklighter  masculine <chr [1]>
## 10 Obi-Wan Kenobi     masculine <chr [6]>
## # i 77 more rows
```

3. Selecione apenas as colunas `hair_color`, `skin_color` e `eye_color` usando a função auxiliar `contains()`.

```
select(sw, contains("color"))
```

```
## # A tibble: 87 x 3
##    hair_color    skin_color  eye_color
##    <chr>         <chr>       <chr>
##  1 blond         fair        blue
##  2 <NA>          gold        yellow
##  3 <NA>          white, blue red
##  4 none          white       yellow
##  5 brown         light       brown
##  6 brown, grey   light       blue
##  7 brown         light       blue
##  8 <NA>          white, red  red
##  9 black         light       brown
## 10 auburn, white fair        blue-gray
## # i 77 more rows
```

4. Usando a função `select()` (e suas funções auxiliares), escreva códigos que retornem a base `sw` sem as colunas `hair_color`, `skin_color` e `eye_color`. Escreva todas as soluções diferentes que você conseguir pensar.

```
select(sw, -hair_color, -skin_color, -eye_color)

select(sw, -contains("color"))

select(sw, -ends_with("color"))

select(sw, name:mass, birth_year:starships)
```

23.1.2 Ordenando a base

1. Ordene `mass` em ordem crescente e `birth_year` em ordem decrescente e salve em um objeto chamado `sw_ordenados`.

```
sw_ordenados <- arrange(sw, mass, desc(birth_year))
sw_ordenados
```

```
## # A tibble: 87 x 14
##    name     height  mass hair_color skin_color eye_color birth_year sex   gender
##    <chr>     <int> <dbl> <chr>      <chr>      <chr>          <dbl> <chr> <chr>
##  1 Ratts T~     79    15 none       grey, blue unknown           NA male  mascu~
##  2 Yoda         66    17 white      green      brown            896 male  mascu~
##  3 Wicket ~     88    20 brown      brown      brown              8 male  mascu~
##  4 R2-D2        96    32 <NA>       white, bl~ red               33 none  mascu~
##  5 R5-D4        97    32 <NA>       white, red red               NA none  mascu~
##  6 Sebulba     112    40 none       grey, red  orange            NA male  mascu~
##  7 Padmé A~    185    45 brown      light      brown             46 fema~ femin~
##  8 Dud Bolt     94    45 none       blue, grey yellow            NA male  mascu~
##  9 Wat Tam~    193    48 none       green, gr~ unknown           NA male  mascu~
## 10 Sly Moo~    178    48 none       pale       white             NA <NA>  <NA>
## # i 77 more rows
## # i 5 more variables: homeworld <chr>, species <chr>, films <list>,
## #   vehicles <list>, starships <list>
```

2. Selecione apenas as colunas `name` e `birth_year` e então ordene de forma decrescente pelo `birth_year`.

```
# Aninhando funções
arrange(select(sw, name, birth_year), desc(birth_year))

# Criando um objeto intermediário
sw_aux <- select(sw, name, birth_year)
arrange(sw_aux, desc(birth_year))
```

```
# Usando pipe
sw %>%
  select(name, birth_year) %>%
  arrange(desc(birth_year))
```

23.1.3 Filtrando linhas

Utilize a base `sw` nos exercícios a seguir.

1. Crie um objeto chamado `humanos` apenas com personagens que sejam humanos.

```
humanos <- filter(sw, species == "Human")

# O pipe
humanos <- sw %>%
  filter(species == "Human")
```

2. Crie um objeto chamado `altos_fortes` com personagens que tenham mais de 200 cm de altura e peso maior que 100 kg.

```
altos_fortes <- filter(sw, height > 200, mass > 100)
```

3. Retorne tabelas (`tibbles`) apenas com:

a. Personagens humanos que nasceram antes de 100 anos antes da batalha de Yavin (`birth_year < 100`).

```
filter(sw, species == "Human", birth_year < 100)
```

b. Personagens com cor `light` ou `red`.

```
filter(sw, skin_color == "light" | skin_color == "red")
```

c. Personagens com massa maior que 100 kg, ordenados de forma decrescente por altura, mostrando apenas as colunas `name`, `mass` e `height`.

```
select(arrange(filter(sw, mass > 100), desc(height)), name, mass, height)

# usando o pipe
sw %>%
  filter(mass > 100) %>%
  arrange(desc(height)) %>%
  select(name, mass, height)
```

d. Personagens que sejam "Humano" ou "Droid", e tenham uma altura maior que 170 cm.

```
filter(sw, species == "Human" | species == "Droid", height > 170)

# usando o pipe
sw %>%
  filter(species %in% c("Human", "Droid"), height > 170)
```

e. Personagens que não possuem informação tanto de altura quanto de massa, ou seja, possuem NA em ambas as colunas.

```
filter(sw, is.na(height), is.na(mass))
```

23.1.4 Modificando e criando novas colunas

1. Crie uma coluna chamada `dif_peso_altura` (diferença entre altura e peso) e salve a nova tabela em um objeto chamado `sw_dif`. Em seguida, filtre apenas os personagens que têm altura maior que o peso e ordene a tabela por ordem crescente de `dif_peso_altura`.

```
sw_dif <- mutate(sw, dif_peso_altura = height-mass)

arrange(filter(sw_dif, height > mass), dif_peso_altura)

# usando o pipe
sw_dif <- sw %>%
  mutate(dif_peso_altura = height-mass)

sw_dif %>%
  filter(height > mass) %>%
  arrange(dif_peso_altura)
```

2. Fazendo apenas uma chamada da função `mutate()`, crie as seguintes colunas novas na base `sw`:

a. `indice_massa_altura` = `mass` / `height`

b. `indice_massa_medio` = `mean(mass, na.rm = TRUE)`

c. `indice_relativo = (indice_massa_altura - indice_massa_medio) / indice_massa_medio`

d. `acima_media = ifelse(indice_massa_altura > indice_massa_medio, "sim", "não")`

```
mutate(sw,
       indice_massa_altura = mass/height,
       indice_massa_medio = mean(mass, na.rm = TRUE),
       indice_relativo = (indice_massa_altura - indice_massa_medio) / indice_massa_medi
       acima_media = ifelse(indice_massa_altura > indice_massa_medio, "sim", "não"))
```

23.1.5 Sumarizando a base

Utilize a base `sw` nos exercícios a seguir.

1. Calcule a altura média e mediana dos personagens.

```
summarize(sw,
          media_altura = mean(height, na.rm=TRUE),
          mediana_altura = median(height, na.rm = TRUE))
```

```
## # A tibble: 1 x 2
##   media_altura mediana_altura
##          <dbl>          <int>
## 1         175.            180
```

2. Calcule a massa média dos personagens cuja altura é maior que 175 cm.

```
sw %>%
  filter(height > 175) %>%
  summarize(media_massa = mean(mass, na.rm = TRUE))
```

```
## # A tibble: 1 x 1
##   media_massa
##         <dbl>
## 1        87.2
```

3. Apresente na mesma tabela a massa média dos personagens com altura menor que 175 cm e a massa média dos personagens com altura maior ou igual a 175 cm.

```
sw %>%
  mutate(alturas = ifelse(height < 175, "menor 175", "maior 175")) %>%
  filter(!is.na(height)) %>%
  group_by(alturas) %>%
  summarize(altura_media = mean(height, na.rm=TRUE)
  )
```

```
## # A tibble: 2 x 2
##   alturas   altura_media
##   <chr>            <dbl>
## 1 maior 175         193.
## 2 menor 175         142.
```

4. Retorne tabelas (`tibbles`) apenas com:

a. A altura média dos personagens por espécie.

```
sw %>%
  group_by(species) %>%
  summarize(altura_media = mean(height, na.rm = TRUE))
```

```
## # A tibble: 38 x 2
##    species   altura_media
##    <chr>            <dbl>
##  1 Aleena             79
##  2 Besalisk          198
##  3 Cerean            198
##  4 Chagrian          196
##  5 Clawdite          168
##  6 Droid             131.
##  7 Dug               112
##  8 Ewok               88
##  9 Geonosian         183
## 10 Gungan            209.
## # i 28 more rows
```

b. A massa média e mediana dos personagens por espécie.

```
sw %>%
  filter(!is.na(mass)) %>%
  group_by(species) %>%
  summarize(massa_media = mean(mass, na.rm = TRUE),
            massa_mediana = median(mass, na.rm = TRUE))
```

```
## # A tibble: 32 x 3
##    species   massa_media massa_mediana
##    <chr>           <dbl>         <dbl>
##  1 Aleena           15            15
##  2 Besalisk        102           102
##  3 Cerean           82            82
##  4 Clawdite         55            55
```

```
##  5 Droid            69.8          53.5
##  6 Dug              40            40
##  7 Ewok             20            20
##  8 Geonosian        80            80
##  9 Gungan           74            74
## 10 Human            81.3          79
## # i 22 more rows
```

c. Apenas o nome dos personagens que participaram de mais de 2 filmes.

```
sw %>%
  filter(length(films) > 2) %>%
  select(name)
```

```
## # A tibble: 87 x 1
##    name
##    <chr>
##  1 Luke Skywalker
##  2 C-3PO
##  3 R2-D2
##  4 Darth Vader
##  5 Leia Organa
##  6 Owen Lars
##  7 Beru Whitesun Lars
##  8 R5-D4
##  9 Biggs Darklighter
## 10 Obi-Wan Kenobi
## # i 77 more rows
```