

- [Tutorial](#)
- [Exercícios](#)
- [Apostila](#)

9. Tutoriais de Programação

Nossos Personagens

Pinky and the Brain, no Brasil, **Pinky e o Cérebro**, são personagens de uma série animada de televisão norte-americana. São dois ratos brancos de laboratório que utilizam os Laboratórios Acme como base para seus planos mirabolantes para dominar o mundo (sob razão nunca revelada). Pink é um rato totalmente estúpido e ingênuo enquanto o Cérebro é o gênio perverso que comanda os planos de conquista do mundo.

Cada episódio é caracterizado, tanto no início quanto no final, pela famosa tirada onde Pinky pergunta: “*Cérebro, o que faremos amanhã à noite?*” e Cérebro responde: “*A mesma coisa que fazemos todas as noites, Pinky... Tentar conquistar o mundo!*”

O paralelo entre os personagens e os usuários do **R**, é que estamos em uma constante transformação entre PINK e Cérebro, tentando vencer nossa ignorância. A resposta do nosso *Cérebro* à pergunta do *Pink* que habita dentro de nós é: ***A mesma coisa que fazemos todas as noites, Pink... terminar essa função para conquistar o mundo!***

O *PINK* que habita dentro de nós



FAZENDO VERSÕES PIORADAS DE FUNÇÕES EXISTENTES!!!!

Uma funções muito simples

```
media <- function(x)
```

```
{
soma <- sum(x)
nobs <- length(x)
media <- soma/nobs
return(media)
}
```

Note que a função nada mais é do que um conjunto de linhas de comando concatenadas para executar uma tarefa. A princípio quem conhece as funções básicas do R já está qualificado a fazer funções mais complexas.

Testando a função

```
ls()
media
media()
dados <- rnorm(20, 2, 1)
media(dados)
dados1 <- rnorm(200, 2, 1)
media(dados1)
dados2 <- (rnorm(10000, 2, 1))
media(dados2)
sd(dados)
dados3 <- rnorm(20, 2, 0.01)
media(dados3)
dados4 <- rnorm(200, 2, 0.01)
media(dados4)
dados[2] <- NA
dados
media(dados)
```

Uma função mais elaborada

A função padrão do R (*mean()*) não calcula a média quando há *NA*'s no vetor de dados, a menos que o usuário utilize o argumento *na.rm=TRUE*. Vamos construir uma função que diferente da função padrão, calcule a média na presença de *NA*'s, entretanto lance na tela uma mensagem sobre o número de *NA*'s removidos do cálculo. Note que é uma função com dois argumentos, que permite ao usuário tomar a decisão de remover ou não *NA*'s. Diferente da função *mean()* o padrão é invertido, nossa função remove *NA*'s se nenhum argumento for mencionado. Note que vamos sobrepor o objeto anterior da classe *função*, chamado **media**.

```
media <- function(x, rmNA = TRUE)
{
```

```
if (rmNA == TRUE)
{
  dados <- (na.omit(x))
  n.NA <- length(x) - length(dados)
  cat("\t", n.NA, " valores NA excluídos\n")
}
else
{
  dados <- x
}
soma <- sum(dados)
nobs <- length(dados)
media <- soma/nobs
return(media)
}
```

Calcular a média do vetor dados

```
media(dados)
```

Função para calcular variância

```
var.curso <- function(x)
{
  media <- media(x)
  dados <- na.omit(x)
  disvquad <- (dados - media)^2
  var.curso <- sum(disvquad)/(length(dados)-1)
  return(var.curso)
}
```

Calcular a variância de dados e comparando com a função do R!

```
var.curso(dados)
var(dados) ### dica: veja o help dessa função "help(var)"
var(dados, na.rm = TRUE)
var(dados, na.rm = FALSE)
```

Função para calcular o Índice de Dispersão

Os índices de dispersão nos ajudam a avaliar se contagens por amostras estão distribuídas de modo aleatório, agregado ou uniforme. Veja o material de aula para entender como a relação variância por média pode dar uma idéia do tipo de distribuição espacial, quando temos contagens de indivíduos em várias parcelas de igual tamanho.

```
ID.curso <- function(x)
{
```

```
id <- var.curso(x)/media(x)
return(id)
}
```

Simulando dados com parâmetros conhecidos

Tomando dados simulados de contagem de uma espécie em uma amostra de 20 parcelas de 20x20m, podemos verificar o padrão de dispersão dessa espécie, utilizando o Índice de Dispersão (razão variância / média)

Vamos simular dados com diferentes características conhecidas:

- Simulando Aleatório

```
aleat <- rpois(200, 2)
aleat
```

- Uniforme

```
unif <- runif(200, 0, 4)
unif
unif <- round(unif, 0)
unif
```

- Agregado

```
agreg <- round(c(runif(100, 0, 1), runif(100, 5, 10)))
agreg
```

Calcular o coeficiente de dispersão

```
ID.curso(aleat)
```

```
ID.curso(unif)
```

```
ID.curso(agreg)
```

Quando o valor é próximo a 1 a distribuição é considerada aleatória. Isto quer dizer que a ocorrência de cada indivíduo na parcela é independente da ocorrência das demais. Neste caso, o número de indivíduos por parcela é descrito por uma variável Poisson, que tem exatamente a média igual à variância. Podemos então fazer um teste de significância simulando uma distribuição Poisson com a mesma média dos dados.

Função para criar o teste de significância do ID

```
test.ID <- function(x, nsim=1000)
{
  ID.curso <- function(x){var(x)/mean(x)}# essa função precisa das funcoes
media e ID.curso
  dados <- na.omit(x)
  ndados <- length(dados)
  med <- mean(dados)
  id <- var(dados)/med
  simula.aleat <- rpois(length(dados)*nsim, lambda=med)
  sim.dados <- matrix(simula.aleat,ncol= ndados)
  sim.ID <- apply(sim.dados,1,ID.curso)
  quant.ID <- quantile(sim.ID, probs=c(0.025,0.975))
  if(id >= quant.ID[1] & id <= quant.ID[2])
  {
    cat("\n\n\n\t distribuição aleatória para alfa = 0.05 \n\t ID=
",id,"\n\n\n")
  }
  if(id < quant.ID[1])
  {
    cat("\n\n\n\t distribuição uniforme, p<0.025 \n\t ID= ",id,"\n\n\n")
  }
  if(id>quant.ID[2])
  {
    cat("\n\n\n\t distribuição agregado, p>0.975 \n\t ID= ",id,"\n\n\n")
  }
  resulta=c(id,quant.ID)
  names(resulta)<-c("Indice de Dispersão", "critico 0.025", "critico
0.975")
  return(resulta)
}
```

Testando os dados simulados

```
test.ID(aleat)
test.ID(agreg)
test.ID(unif)
```

Outra função

eda.shape

```
eda.shape <- function(x)
{
  x11()
  par(mfrow = c(2,2)) ## muda o dispositivo gráfico para 2x2
  hist(x) ## produz histograma de x
```

```

boxplot(x)
iqd <- summary(x)[5] - summary(x)[2]    ## faz a diferença entre o
quinto elemento x e o segundo
plot(density(x,width=2*iqd),xlab="x",ylab="",type="l")
qqnorm(x)
qqline(x)
par(mfrow=c(1,1))

}

```

Criando um vetor de dados com 20 valores simulando a densidade de árvores por parcelas

```

set.seed(22) ## estabelece uma semente aleatória
dados.pois20<-rpois(20,lambda=6) ## sorteia dados aleatórios de uma função
poisson com média 6
sum(dados.pois20) ## a somatória aqui sempre dará 131, somente porque a
semente é a mesma
set.seed(22)
dados.norm20<-rnorm(20,mean=6, sd=2) ## sorteia 20 dados de uma função
normal com média 6 e dp = 1
sum (dados.norm20)          ### aqui o resultado dará sempre 130.48

###aplicar eda.shape para dados.dens

eda.shape(dados.pois20)

eda.shape(dados.norm20)

###aumentando a amostra

eda.shape(rpois(500,6))

eda.shape(rnorm(500,6))

```

Modificando uma função

```

eda.shape1 <- function(x)
{
  x11()
  par(mfrow = c(2,2))
  hist(x,main="Histograma de x")
  boxplot(x, main="BoxPlot de x")
  iqd <- summary(x)[5] - summary(x)[2]
  plot(density(x,width=2*iqd),xlab="x",ylab="",type="l",
main="Distribuição de densidade de x")
  qqnorm(x,col="red",main="Gráfico Quantil x Quantil",xlab="Quantil
Teórico",ylab="Quantil da Amostra")
  qqline(x)
  par(mfrow=c(1,1))
}

```

```
}
```

Executando a função modificada

```
eda.shape1(rnorm(500,6))
```

Fazendo ciclos de operações

Um outro instrumento importante para programar em R é o loop ou ciclos. Ele permite a aplicação de uma função ou tarefa a uma sequência pré determinada de dados. Ou seja, repete a mesma sequência de comandos um número determinado de vezes.

Simulando dados de novo!

```
x1 <- rpois(20, 1)
x2 <- rpois(20, 2)
x3 <- rpois(20, 3)
x4 <- rpois(20, 1)
sp.oc <- matrix(c(x1, x2, x3, x4), ncol=4)
colnames(sp.oc) <- c("plot A", "plot B", "plot C", "plot D")
rownames(sp.oc) <- paste("sp", c(1:20))
str(sp.oc)
dim(sp.oc)
head(sp.oc)
```

Uma função para contar espécies por parcelas. Mais uma vez uma função já existente em versão piorada!!

```
n.spp <- function(dados)
{
  nplot <- dim(dados)[2]
  resultados <- rep(0,nplot)
  names(resultados) <- paste("n.spp", c(1:nplot))
  dados[dados>0] = 1
  for(i in 1:(dim(dados)[2]))
  {
    cont.sp <- sum(dados[,i])
    resultados[i] <- cont.sp
  }
  return(resultados)
}
```

Aplicando a função

```
n.spp(sp.oc)
```

Uma dica para entender qualquer função é rodar cada uma das linhas separadamente no console do R, na mesma sequência que aparecem e verificar os objetos intermediários criados. Quando chegar a um ciclo, pule a linha do `for()` e rode as linhas subsequentes, porém designe antes algum valor para o contador, no nosso exemplo i (tente $i=2$). A lógica da função `for()` é que o contador (i) terá um valor diferente a cada ciclo, no exemplo entre 1 até o número de colunas do objeto `dados`. Além disso, o contador pode ser usado para indexar a posição onde o resultado de cada ciclo será colocado no objeto final (`resultados`)

Mais função!! SIMILARIDADE

```
sim<-function(dados)
{
  nplot <- dim(dados)[2]
  similar <- matrix(1,ncol=nplot,nrow=nplot)
  rownames(similar) <- paste("plot", c(1:nplot))
  colnames(similar) <- paste("plot", c(1:nplot))
  dados[dados>0] = 1
  for(i in 1:nplot-1)
  {
    m=i+1
    for(m in m:nplot)
    {
      co.oc <- sum(dados[,i]>0 & dados[,m]>0)
      total.sp <- sum(dados[,i]) + sum(dados[,m]) - co.oc
      similar[i,m] <- co.oc/total.sp
      similar[m,i] <- co.oc/total.sp
    }
  }
  return(similar)
}
```

Aplicando a função SIM

```
sim(sp.oc)

debug(sim)
sim(sp.oc)
undebg(sim)
```

MUITO BEM VC. JÁ ESTÁ SE TRANSFORMANDO, NÃO PARECE MAIS UM PINK



Agora faça os [Exercícios 9 - Construção de Funções](#) para podermos conquistar o MUNDO!!!

No linque a seguir você pode baixar o arquivo com o Pink e Cerebro... [pinkycerebro.mpg](#)

The End!

From:

<http://ecor.ib.usp.br/> - **ecoR**

Permanent link:

http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=02_tutoriais:tutorial8:start&rev=1601855056



Last update: **2020/10/04 20:44**