UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL - UFRGS
CAMPUS LITORAL NORTE
CENTRO DE ESTUDOS COSTEIROS, LIMNOLÓGICOS E MARINHOS - CECLIMAR

Introdução ao software estatístico R

Prof. Matias do Nascimento Ritter (CECLIMAR/UFRGS)
Prof. Ng Haig They (CECLIMAR/UFRGS)

Imbé, RS
Janeiro de 2019

Centro de Estudos Costeiros, Limnológicos e Marinhos (Ceclimar)
Av. Tramandaí, 976 Centro Imbé, RS, CEP 95625-000

O conteúdo deste documento pode ser redistribuído desde que com a devida citação, de acordo com os termos da GLP.

This document is copyright (C) 2019 Matias Ritter and Ng Haig They
You can redistribute it and/or modify it under the terms of version 2 the GNU General Public License as published by the Free Software Foundation.

Version: 1.0
Last updated: January 24th, 2019

To view a copy of the license go to:
http://www.fsf.org/copyleft/gpl.html
To receive a copy of the GNU General Public License write the Free Software Foundation, Inc., 59 Temple Place - Suite 330, Boston, MA 02111-1307, USA.

Os autores declaram que não existe conflito de interesses no que tange à esta publicação.

Dúvidas, sugestões e críticas:

Prof. Matias do Nascimento Ritter: e-mail: matias.ritter@ufrgs.br; (51) 3308-1276
Prof. Ng Haig They: e-mail: haigthey@ufrgs.br; (51) 3308-1273

O R é um software livre, porém construído a partir do trabalho de muitas pessoas. Ao utilizá-lo, sempre o cite:

R Core Team (2019) R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL https://www.R-project.org/.

E, lembre-se sempre de citar os pacotes utilizados também!!

SUMÁRIO

Apresentação do R e RStudio[1]

O R é ao mesmo tempo um tipo de linguagem e um software computacional e gráfico. Duas grandes vantagens tornam o programa bastante popular: a primeira é que ele é um software de código aberto, livre, grátis, do tipo GNU General Public License (GNU's Not Unix), ou seja, os usuários podem executar o programa como quiserem, podem estudar como funciona e adaptá-lo às necessidades (livre acesso aos códigos-fonte). Além disto, podem redistribui-lo livremente e realizar melhorias. A segunda é que ele é altamente extensível, ou seja, pode ser utilizado para realizar qualquer atividade computacional, desde que compatível com suas capacidades. Isto é feito através da criação de funções próprias e dos pacotes, conjuntos de códigos/comandos relacionados a determinados temas. A expressão "ambiente R" é muitas vezes utilizada para se referir ao espaço computacional, ou seja, à sua característica de ser um sistema coerente e totalmente planejado. A página oficial do Projeto R pode ser acessada através do endereço: https://www.r-project.org/.

O R é bastante difundido como um software estatístico, mas realiza várias outras tarefas, como por exemplo análises de bioinformática, incluindo alinhamento de sequências e comparação com bases de dados, modelagem, produção de mapas e muitos outros. Caso não encontre algum pacote que atenda uma demanda específica (o que é bastante improvável!), qualquer pessoa pode desenvolver uma função ou pacote para isto. De um modo geral o R é uma ferramenta excelente para armazenar e manipular dados, realizar cálculos, realizar testes estatísticos, análises exploratórias e produzir gráficos.

Durante este curso utilizaremos o R Studio (https://www.rstudio.com/products/rstudio/), que é um ambiente integrado de desenvolvimento para o R, um programa que tem como base o R, mas que apresenta uma interface mais amigável e mais funcional, tais com janelas de plotagem de gráficos, de histórico, de gerenciamento do workspace e de editor de texto com realce de sintaxe que permite execução direta de código (script). E, assim como o R, também um software de código aberto. O RStudio apresenta uma versão aberta grátis e várias versões pagas com funcionalidades extras.

Este curso tem a modesta intenção de ser uma introdução e facilitar o primeiro contato com a ferramenta, servindo de pontapé sem esgotar o assunto de maneira alguma. Ao longo da apostila diversos apontamentos serão colocados sempre após o símbolo de cerquilha (#) ou hashtag; toda informação a partir deste símbolo não deverá ser digitada no R, mas caso seja não há problema, pois o R reconhece o símbolo e ignora o que está após este. O R é essencialmente um programa para autodidatas, isto é, somente se aprende utilizando o programa e descobrindo formas de resolver problemas à medida que eles forem surgindo. A comunidade que utiliza o R é muito grande e muito ativa e posta muitas soluções para problemas em fóruns, blogs, mídias sociais e sites. Portanto, as ferramentas de busca na internet serão suas melhores professoras nessa árdua, mas recompensadora viagem. Vamos começar?

[1] https://www.r-project.org/about.html

Download e atualização do programa

O download do R é feito através de um dos espelhos (“mirrors”) do CRAN (Comprehensive R Archive Network). Muitos países possuem estes espelhos, inclusive o Brasil, que inclusive possui vários deles.

Para realizar o download, acesse a página https://cran.r-project.org/mirrors.html e selecione um dos espelhos. Aparecerá uma página em que é possível selecionar um sistema compatível com os três sistemas operacionais: Windows, Linux e Mac (OS). Nesta página também é possível encontrar informações sobre as novas versões, sobre conserto de bugs, códigos-fonte etc. Aqui também é possível encontrar um link para o download de pacotes (“Contributed extension packages”) em formato comprimido, que pode posteriormente ser instalado diretamente sem a necessidade de internet.

Uma das poucas desvantagens do R é que ele não possui possibilidade de atualização da versão instalada, ou seja, a cada nova versão liberada pela equipe desenvolvedora do R, esta deve ser instalada do início. A versão antiga pode ser mantida ou removida, sem que haja nenhum conflito, podendo inclusive ser utilizada ao mesmo tempo. Importante: todos os pacotes da versão antiga devem ser instalados na versão nova, caso sejam ainda necessários.

O RStudio pode ser baixado a partir da página RStudio Desktop Open Source License - FREE: https://www.rstudio.com/products/rstudio/download/.

Layout do R e RStudio: funções e operadores

Uma das características do R que muitas vezes intimida novos usuários é a interface gráfica, que é feita através de linhas de comando no prompt (janela em que é possível digitar comandos). No entanto, uma das grandes vantagens do uso deste recurso é que o usuário tem grande controle sobre o que está sendo feito, pois à exceção de argumentos padrão embutidos nas funções, todos os parâmetros do comando devem ser especificados pelo usuário.

Quando o prompt está pronto para receber uma novo comando, aparece um sinal de maior que (>) bem à esquerda na linha de comando. Ao longo da apostila todas as linhas de comando serão indicadas com este sinal no início. No entanto, ao copiar os comandos para o RStudio, não copie junto este sinal, pois o sinal ficará duplicado e o R acusará um erro:

```
>
```

Um comando é composto de uma ou mais funções com seus respectivos argumentos. Uma função é um código que determina um algoritmo computacional, que pode ter um ou mais parâmetros a serem determinados ou modificados através dos argumentos, que são colocados entre parênteses logo após a função. Alguns

argumentos são obrigatórios enquanto outros são facultativos; alguns obrigatórios possuem um modo padrão (default).

Exemplo: função log

```
> log(10)
```

calcula o logaritmo natural do número 10. O número entre parênteses é o único argumento necessário para esta função.

```
[1] 2.302585
```

Esta função pode ser modificada com a inclusão de um segundo argumento para indicar a base do logaritmo a ser calculado. Digamos, por exemplo, que se queira a base 10. Isto é indicado colocando-se uma vírgula e o valor da base que se deseja logo após o número:

```
> log(10,10)
[1] 1

> log(100,10)
[1] 2
```

Se por acaso algum sinal de (+) aparecer logo após a inserção de algum comando, significa que algum argumento ou informação ficou faltando (frequentemente parênteses) e o R está esperando que este seja informado. Caso queira abortar um comando iniciado, simplesmente tecle ESC e depois ENTER:

```
> log(10
+
+ )
[1] 2.302585

> log(10
+
# tecle ESC
+ >
# tecle ENTER
>
```

O R possui ainda operadores matemáticos básicos que são bastante similares àqueles usados no Programa Excel® ou similares: (+) para somatório, (-) para subtração, (/) para divisão e (*) para multiplicação. Eles são utilizados frequentemente dentro das funções.

Pacotes

A versão básica do R já é automaticamente instalada com 8 ou mais pacotes: *base*, *compiler*, *datasets*, *graphics*, *grDevices*, *grid*, *methods*, *paralell*, *splines*, *stats*, *stats4*, *tcltk*, *tools* e *utils*. Isto pode ser acessado através do comando:

```
> subset(as.data.frame(installed.packages()),Priority
%in%("base"), select=c(Package, Priority))

     Package Priority
base       base          base
compiler   compiler      base
datasets   datasets      base
graphics   graphics      base
grDevices  grDevices     base
grid       grid          base
methods    methods       base
parallel   parallel      base
splines    splines       base
stats      stats         base
stats4     stats4        base
tcltk      tcltk         base
tools      tools         base
utils      utils         base
```

No RStudio os pacotes são instalados através do botão drop down na parte superior da página: Tools → Install packages → [*Nome do pacote*]. Também pode ser feito diretamente a partir de uma linha de comando:

```
> install.packages("vegan")
# exemplo com o pacote Vegan
```

Uma vez instalado, o pacote precisa ser carregado, que é feito através do comando library:

```
> library(vegan)
# exemplo com o pacote Vegan
```

Toda vez que o R for aberto após ter tido uma sessão encerrada, os pacotes necessitam ser carregados novamente. A instalação de cada pacote é feita apenas uma vez para determinada versão do R, mas o carregamento deve ser feito após cada abertura de sessão. Não é necessário carregar todos os pacotes, apenas o que for utilizado naquela sessão.

Scripts

Os scripts são arquivos do R com conjuntos de comandos que podem executados diretamente no R ou RStudio através de teclas de atalho. A sua vantagem

consiste no fato de que o programa executa cada linha de comando e já pula para a próxima, fazendo com que seja muito rápido executar várias linhas de comando em sequência apenas com as teclas de atalho do teclado. Sem o script é necessário copiar e colar no prompt de comando todos as linhas uma a uma e teclar ENTER entre todas elas. Muitas alterações em gráficos, por exemplo, exigem que todas as linhas de comando sejam executadas novamente para incluir a nova alteração, então os scripts agilizam bastante nessa hora.

Para executar scripts no R basta que o cursor do teclado esteja posicionado em qualquer ponto da linha de comando a ser executada e que seja pressionado CTRL + R. No RStudio a única diferença é que deve ser substituído por CTRL + ENTER.

Um script pode ser criado tanto no R quanto no RStudio. No R através do botão drop down Arquivo → Novo Script; no RStudio através do botão drop down "File → New File → R Script". Será gerado um arquivo com extensão .r que será salvo no diretório de trabalho e que pode ser aberto para visualização em qualquer editor de texto (bloco de notas ou Notepad++, por exemplo). Caso você já tenha um arquivo comum em bloco de notas com uma rotina do R e queira transformá-lo em script, basta copiar o conteúdo deste em um Novo Script do R e nomeá-lo conforme queira.

Exemplos: demos do R

O R possui uma função chamada `demo` que apresenta exemplos de alguns pacotes. Os exemplos são em geral bastante elaborados e incluem várias funções combinadas, como por exemplo para produção de gráficos complexos e funções avançadas.

```
> demo( )
# aparecerá uma lista de demos disponíveis. Escolha uma.

> demo(graphics)
# exemplo de demo da função graphics do pacote graphics.
São mostradas várias janelas com gráficos e a lista de
comandos no prompt. Para mudar as janelas de gráficos,
tecle ENTER.
```

Citação do R e seus pacotes

Para citar o R, utilize o seguinte comando:

```
> citation( )

# aparecerão informações sobre como o R deve ser citado
em publicações. Para encontrar a versão do R vá no botão
drop down superior HELP e selecione About RStudio (no
RStudio) ou Ajuda → Sobre (no R).
```

```
To cite R in publications use:

R Core Team (2018). R: A language and environment for
statistical computing. R Foundation for Statistical
Computing,Vienna,Austria. URL https://www.R-project.org/.

A BibTeX entry for LaTeX users is

  @Manual{,
title = {R: A Language and Environment for Statistical
Computing},
author = {{R Core Team}},
organization = {R Foundation for Statistical Computing},
address = {Vienna, Austria},
year = {2018},
url = {https://www.R-project.org/},
  }

We have invested a lot of time and effort in creating R,
please cite it when using it for data analysis. See also
'citation("pkgname")' for
citing R packages.
```

Ao realizar uma citação e referência, coloque R e a versão. Exemplo:

Citação:

As análises estatísticas foram realizadas no programa R v. 3.5.1 (R Core Team, 2018).

Referência:

R Core Team (2018). *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL https://www.R-project.org/.

Para citar os pacotes utilize também a função `citation`, colocando entre parênteses o nome do pacote entre aspas:

```
> citation("vegan") # exemplo com o pacote Vegan.

Jari Oksanen, F. Guillaume Blanchet, Michael Friendly,
Roeland Kindt, Pierre Legendre, Dan McGlinn, Peter R.
Minchin, R. B. O'Hara, Gavin L. Simpson, Peter Solymos, M.
Henry H. Stevens,Eduard Szoecs and Helene Wagner (2018).
```

```
vegan: Community Ecology Package. R package version 2.5-1.
https://CRAN.R-project.org/package=vegan
```

O R como calculadora

O R realiza funções aritméticas básicas com os operadores já mencionados. Exemplos:

```
> 2 + 2
[1] 4

> 2 - 2
[1] 0

> 2 * 2
[1] 4

> 2 / 2
[1] 1

> log(64,8)
[1] 2

> log(9+1,10)
[1] 1
# calcula o log na base 10 do número 9 + 1

> sqrt(100)
[1] 10
#sqrt = square root (raiz quadrada)

> (9+3)/4
[1] 3

> 10^2
[1] 100
# potências são indicadas após o sinal de circunflexo

> 100^-2
[1] 1e-04
# e-04 é uma notação para 10^-4
```

Menus de ajuda

O RStudio apresenta uma facilidade que é o de abrir os menus de ajuda dentro de uma janela do próprio programa. Um menu de ajuda apresenta a função e o que ela faz (*description*), seus principais argumentos (*arguments*), observações sobre a função (*details*), referências e ainda exemplos de aplicação. É uma forma bastante útil

para descobrir como funciona uma função. Para se obter um menu de ajuda de uma função, digite (?) seguido do nome da função:

```
> ?sum
#exemplo com a função soma
```

Ou, alternativamente,

```
> help(sum)
```

Observe o menu de ajuda da função soma e reproduza os exemplos.

Criação de objetos no R

O R opera essencialmente com os chamados objetos. Para criar um objeto no R, deve-se determinar um nome para este, seguido de um símbolo de flecha ou igual (<- ou =) apontando para objeto e indicando que todo o conteúdo à direita da flecha deve ser inserido dentro dele. No exemplo abaixo iremos criar um objeto chamado "a" e inserir o número 5 dentro dele:

```
> a <- 5
> a
# digitando "a" e teclando ENTER, o R irá mostrar o
conteúdo do objeto "a".
[1] 5
```

Os tipos de dados que são inseridos nos objetos são divididos nas seguintes classes:

i) character (categórico ou qualitativo)
ii) numeric (numérico)
iii) integer (inteiro)
iv) logical (true/false) (lógico, verdadeiro/falso)
v) complex (complexos, relacionados ao número imaginário "i") - não serão abordados aqui

Exemplos:

#character

```
> a <- "eu amo o R"
> a
[1] "eu amo o R"

> CECLIMAR <- "Imbé"
> CECLIMAR
[1] "Imbé"

#dados categóricos sempre devem estar entre aspas para
```

```
não serem confundidos com objetos. As aspas significam
"leia como está".

#numeric
> A <- 67.7
> A
[1] 67.7

> x <- 1
> y <- 2.5

# integer
> z <- as.integer(5.4)
> z
[1] 5

> z <- as.integer(9.8)
> z
[1] 9
# a função as.integer retorna o valor inteiro do número
decimal. Note que ele não é uma função de arredondamento!
Para isto use round(9.87, 1), por exemplo. O primeiro
argumento de round é o número que se quer arredondar e o
segundo o número de casas decimais desejado.

# logical
> m <- x>y
> n <- x<y
> m
[1] FALSE
# o resultado indica que o conteúdo de m (x>y) é falso.
```

Para consultar a classe de um objeto, utilize a função `class()`:

```
> class(m)
[1] "logical"

> class(A)
[1] "numeric"
```

Algumas coisas importantes sobre nomes de objetos:

- O R é sensível a maiúscula e minúsculas (*case sensitive*). Então um objeto "a" é diferente de um objeto "A".
- Se você nomear um segundo objeto com um nome já utilizado por outro, o R irá sobrescrever o conteúdo do segundo objeto sobre o primeiro.
- Nunca deixe espaços entre nomes de objetos no R! Se você quiser nomear um objeto de "objeto do R", coloque algum símbolo (_) / (.) entre os nomes. Ex.:

objeto_do_R ou objeto.do.R. Já para dados categóricos não há problema em deixar espaços.

```
> objeto_do_R <- "R"
> objeto_do_R
[1] R
```

- não é possível usar um número isolado para nomear objetos. Números acompanhados de letras, no entanto, podem ser utilizados:

```
> Omega3 <- 50
> Omega3
[1] 50
```

- Evite usar acentos, cedilhas, apóstrofes, aspas e outros caracteres da pontuação em nomes de objetos no R. Eles costumam causar muita confusão e são frequentemente causadores de mensagens de erros.

Os objetos, por sua vez, podem ser divididos nas seguintes classes:

i) scalar (escalar)
ii) vector (vetor)
iii) array (arranjo)
iv) list (listas)
v) data frame (quadro de dados)
vi) matrix (matriz)

i) **escalar**: é formado de um único valor numérico, inteiro ou decimal. Já foi utilizado em vários exemplos anteriores.

Exemplo no R:

```
> z <- 4
> z
[1] 4
```

ii) **vetor**: é um conjunto de valores numéricos ou de caracteres (letras, palavras). Possui uma única dimensão e só pode conter dados de uma única classe.

Exemplo no R:

```
> a <- c(1:100)
# vetor "a", numérico com 100 elementos (números de 1 a
100).

> b <- c("Semestre 1, "Semestre 2", "Semestre 3",
"Semestre 4") #  vetor de nomes com 4 elementos
```

iii) **array**: é um vetor multidimensional. É construído a partir da função *array.*

```
> vetor1 <- c(5,9,3)
> vetor2 <- c(10,11,12,13,14,15)
> arranjo <- array(c(vetor1,vetor2),dim = c(3,3))

# a função c significa "concatenar" e irá produzir um
vetor combinando os dois vetores entre parênteses. O
argumento dim significa "dimensões" e especifica o número
de linhas e colunas dim=c(linhas, colunas).

> arranjo
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    5   10   13
[2,]    9   11   14
[3,]    3   12   15
```

iv) **listas**: conjunto de vetores, dataframes ou de matrizes. Não precisam ter o mesmo comprimento e nem ser da mesma classe. É a forma que a maioria das funções retorna os resultados.

Exemplo no R:

```
> n <- c(5,  6,  8)
> s <- c("ab", "bc", "cd", "de", "ef")
> b <- c(FALSE, TRUE, TRUE, FALSE, FALSE)
> x <- list(n, s, b, 3)  # x contém cópias de n, s, b
```

v) **dataframe**: similar à matriz, porém é mais genérico, aceitando vetores numéricos e de caracteres em um mesmo conjunto. É o mais comumente utilizado nas ciências naturais, pois normalmente temos observações numéricas associadas a variáveis categóricas.

Exemplo no R:

```
> n <- 1000
> a <- rnorm(n, 9, 1) # Cria um conjunto de dados com
1000 elementos, com média 9 e desvio-padrão igual a 1.

> b <- c(rep(1, 0.4*n),rep(2, 0.6*n))

> dados <- data.frame(group=b, grade1=sample(b), var1=a,
var2=a+rnorm(100, 5, 2), var3=sqrt(sample(1:n)))

> head(dados)
# a função head mostra por default as 6 primeiras linhas.
Para mostrar mais linhas, especifique o argumento n:

> head (dados, n=6L) # default
> head (dados, n=8L) # especifica as 8 primeiras linhas
```

Para ver ver as últimas linhas, use a função `tail()`, que funciona de maneira similar.

vi) **matriz:** é: um conjunto de vetores em linhas e/ou colunas. Todos os vetores devem ser da mesma classe (numérico ou de caracteres, por exemplo).

Exemplo no R:

```
> matriz1 <- cbind(seq(1, 11, 2), rep(4, 6), 1:6)
> matriz1 # veja como ficou a matriz
# a função cbind (column bind) "cola" as colunas lado a
lado. Já a função rbind (row bind) cola linhas uma abaixo
da outra.
```

Remoção e listagem de objetos no R

Para remover um objeto, usa a função `rm()` (remove), seguido do nome do objeto:

```
> rm(a)
# remove o objeto "a".
```

Observação: algumas vezes ao inserir data frames diferentes, mas que contenham nomes de variáveis iguais, o R pode não saber a que variável se está referindo, caso seja usada a função `attach()` (ver logo abaixo em Importação de dados). Neste caso pode ser necessário remover objetos ou até data frames inteiros para que não haja confusão no uso de variáveis.

Para listar todos os objetos que foram criados no R, use a função `ls` (list), seguido de parênteses vazios:

```
> ls()
```

Importação de dados

Existem inúmeros modos de se importar dados para o R. Aqui serão apresentados aqueles métodos mais comuns, provavelmente os quais vocês irão se deparar usando o R daqui para frente.

No R é possível definir um diretório de trabalho através da função "`setwd()`". Este diretório, na prática, significa que você está dizendo ao R tanto o local onde estarão seus arquivos para importação, quanto a pasta em qual ele irá salvar seus arquivos exportados.

Com esta lógica, por exemplo, você pode salvar seus conjuntos de dados no seu diretório de trabalho, no formato de planilha de dados ".csv", por exemplo; ou seja,

separado por vírgulas. Neste caso, é muito simples importar um conjunto de dados para o R, utilizando os seguintes comandos:

```
> setwd("C:/Users/Fulano/R files")
# Caminho da pasta com os arquivos

> meusdados <- read.csv("meusdados.csv", sep=";")
> head(meusdados)
```

*Se o seu computador está configurado para o sistema decimal estadunidense, é provável que o comando possa ser simplificado apenas para:

```
> meusdados <- read.csv("meusdados.csv")
```

De modo similar, ainda poderíamos utilizar o seguinte comando como alternativa:

```
> read.table("meusdados.csv", header=TRUE, sep=",")
# ou sep=”;”
```

Entretanto, existem dezenas de outras formas de importação dos dados para o R. Um outro método mais simples, é utilizar o comando “read.table”. Neste caso, você seleciona, no arquivo do Excel®, os dados que você gostaria de inserir no R e os copia (CTRL + C), deixando estes dados na área de transferência. Neste caso, você pode adicioná-los ao R com os seguintes comandos:

```
> meusdados <- read.table("clipboard", header=FALSE)

# O argumento header = FALSE indica que os dados não
contêm cabeçalho. Caso contrário, useu header=TRUE. Se a
primeira coluna contiver os nomes das linhas, inclua o
argumento row.names=1.

# modo mais genérico; dados armazenados como “dataframe”,
o que permite mais operacionalidade. Pode ser usado para
importar dados diretamente de uma tabela do Excel®.
```

Arquivos de texto (.txt) também podem ser utilizados e facilmente inseridos no R, como demonstrado abaixo:

```
> meusdados <- read.table("meusdados.txt", header = T,
sep ="\t")

# Note que o argumento “sep=\t” pode variar conforme o
modo que os dados foram inseridos no arquivo de texto.
“t” indica que os dados estão separados por tabulação.
```

Para importar vetores, use a função `scan()`. Neste caso, o vetor deve ser copiado para a área de transferência. Primeiro se digita a função `scan` com parênteses vazios e se dá ENTER. Em seguida, os dados devem ser copiados para a área de transferência e o comando CTRL + V dado no R. Ele irá listar todos os elementos do vetor. Para indicar que a colagem terminou, deve-se teclar ENTER.

Digite o seguinte vetor no Excel (pode ser na linha ou coluna):

4
5
6
7
8

```
> r <- scan()
# tecle CTRL + C nos dados do vetor no Excel
1:
#aparecerá o número 1 seguido de dois pontos indicando
que o R está esperando a colagem. Tecle CTRL + V

1: 4
2: 5
3: 6
4: 7
5: 8
6:

# o R indicará que foram lidos 5 itens e ele está
esperando para adicionar mais. Caso não haja mais dados a
serem colados, tecle ENTER.
Read 5 items

> r
[1] 4 5 6 7 8
# confere o resultado do objeto r.
```

Para importar vetores de caracteres, use o argumento `what="character"`:

```
Eu
amo
o
R

> r <- scan(what="character")
1: Eu
2: amo
3: o
4: R
```

```
5:
Read 4 items

> r
[1] "Eu" "amo" "o"   "R"
```

Alguns usuários utilizam ainda a função `attach()`, a qual torna as variáveis (colunas) acessíveis apenas digitando o nome delas na linha de comando. Entretanto, se estamos trabalhando com dois `dataframes` diferentes, mas que possuem nomes das variáveis iguais, este artifício pode causar problemas. Neste caso, pode ser necessário realizar o detach de uma delas ou em alguns casos até remover uma delas.

```
> attach(meusdados)
> detach(meusdados)
```

* caso haja dados faltando no vetor ou matriz, coloque “NA” no lugar

```
4
5
6
NA
8

> n <- scan()
> n
[1]  4  5  6 NA  8

> is.na(n)
[1] FALSE FALSE FALSE TRUE FALSE
# função que retorna um vetor lógico indicando se há NAs
nos dados.
sum(n)

> sum(n, na.rm=TRUE)# operações com vetores ou outros
objetos contendo NAs precisam que seja especificado que
estes sejam ignorados.
```

Manipulação de vetores, data frames e matrizes

Uma vez que inserimos os dados no R, o próximo passo é a correta manipulação destes dados. Para exemplificarmos alguns comandos, vamos utilizar um conjunto de dados que já vem com o pacote básico do R. Utilize os seguintes comandos:

```
> data(trees)
# Esta função lista todos os conjuntos de dados
disponíveis. Este conjunto de dados, “trees”, apresenta
alguns dados de circunferência (girth), altura (height) e
```

```
volume de algumas cerejeiras pretas nos EUA.
```

Se você utilizar o comando `head`, o R irá ilustrar as seis primeiras linhas dos dados:

```
> head(trees)

 Girth Height Volume
1   8.3     70   10.3
2   8.6     65   10.3
3   8.8     63   10.2
4  10.5     72   16.4
5  10.7     81   18.8
6  10.8     83   19.7
```

Outros comandos que são valiosos para verificar se os dados foram corretamente importados, ou ainda para conhecermos as especificidades dos dados que estamos trabalhando, estão listados abaixo:

```
> str(trees) # Exibirá de forma resumida a estrutura
interna de um objeto R

'data.frame':  31 obs. of  3 variables:
 $ Girth : num  8.3 8.6 8.8 10.5 10.7 10.8 11 11 11.1
11.2 ...
 $ Height: num  70 65 63 72 81 83 66 75 80 75 ...
 $ Volume: num  10.3 10.3 10.2 16.4 18.8 19.7 15.6 18.2
22.6 19.9 ...

> dim(trees)# número de linhas e colunas
[1] 31  3

> summary(trees)# esta função mostra mínimo, máximo,
média, mediana, primeiro e terceiro quartis.

    Girth           Height       Volume
 Min.   : 8.30   Min.   :63   Min.   :10.20
 1st Qu.:11.05   1st Qu.:72   1st Qu.:19.40
 Median :12.90   Median :76   Median :24.20
 Mean   :13.25   Mean   :76   Mean   :30.17
 3rd Qu.:15.25   3rd Qu.:80   3rd Qu.:37.30
 Max.   :20.60   Max.   :87   Max.   :77.00
```

O software R permite a manipulação de diversos tipos de objetos. Para muitos tipos, entretanto, o primeiro contato será devido a demandas específicas e pontuais.

Vetores

Para substituir um ou mais valores em um vetor, use o seguinte comando:

```
> (r <- c(4, 5, 6, 7, 7, 8))
[1] 4 5 6 7 7 8

> r[3]<- 10 # este comando indica que o 3° elemento do
vetor deve ser substituído pelo dado à direita da seta.

> r
[1]  4  5 10  7  8

> r[c(3,4)] <- c(10,20) # para substituir mais de um valor
>r
[1]  4  5 10 20 8
```

Para ordenar de forma crescente:

```
> sort(r)
[1]  4  5  8 10 20
```

Para ordenar de forma decrescente, basta adicionar o argumento `decreasing=TRUE`:

```
> sort(r,decreasing=TRUE)
[1]  20 10 8 5 4
```

Para verificar a posição (rank) de cada valor:

```
> order(r)
[1] 1 2 5 3 4
```

Data frames e Matrizes

Para exercitar as manipulações mais básicas em um conjunto de dados, vamos novamente utilizados o conjunto de dados chamado `"trees"`:

```
> data(trees)

# Este conjunto de dados, "trees", apresenta alguns dados
de circunferência (girth), altura (height) e volume de
algumas cerejeiras pretas nos EUA.
```

Agora vamos selecionar (extrair) apenas algumas partes do nosso conjunto de dados `trees` usando [ ] colchetes. O uso de colchetes funciona com esta lógica: [linhas, colunas], onde está escrito linhas você especifica as linhas desejadas, na maioria dos casos cada linha indica uma unidade amostral. Onde está escrito colunas, você pode especificar as colunas (atributos) que deseja selecionar. Veja abaixo:

```
> trees[, 1] # extrai a primeira coluna e todas as linhas
```

```
[1] 8.3  8.6  8.8 10.5 10.7 10.8 11.0 11.0 11.1 11.2 11.3
11.4 11.4 11.7 12.0 12.9 12.9 13.3 13.7 13.8 14.0 14.2
14.5 16.0 16.3 17.3 17.5
[28] 17.9 18.0 18.0 20.6

> trees[, 2] # extrai a segunda coluna e todas as linhas
[1] 70 65 63 72 81 83 66 75 80 75 79 76 76 69 75 74 85 86
71 64 78 80 74 72 77 81 82 80 80 80 87

> trees[1, ] # extrai a primeira linha e todas as colunas
 Girth Height Volume
1   8.3     70   10.3

> trees[3, 3] # extrai a terceira linha e a terceira
coluna, 1 valor
[1] 10.2

> trees[1, 3] # extrai o valor da primeira linha e
terceira coluna
[1] 10.3

> trees[c(1:5),c(2, 3)] # extrai somente as linhas 1 a 5 e
as colunas 2 e 3
 Height Volume
1     70   10.3
2     65   10.3
3     63   10.2
4     72   16.4
5     81   18.8
```

Uma forma eficiente de acessar as variáveis (colunas) pelo nome é usar o comando cifrão `$`. Neste caso, não recomendamos utilizar a função `attach()`, como citado anteriormente. O uso é basicamente o seguinte: `meusdados$variável` (`meusdados` especifica o conjunto de dados e `variável` a variável selecionada que desejo extrair). Por exemplo, para extrair os dados apenas da circunferência (*girth*) do conjunto de dados "trees", utilize o seguinte comando:

```
> girth <- trees$Girth

> girth # para ver os valores apenas da circunferência
[1]  8.3  8.6  8.8 10.5 10.7 10.8 11.0 11.0 11.1 11.2
11.3 11.4 11.4 11.7 12.0 12.9 12.9 13.3 13.7 13.8 14.0
14.2 14.5 16.0 16.3 17.3 17.5
[28] 17.9 18.0 18.0 20.6
```

Este modo de selecionar variáveis é muito prático e será útil em diversos momentos nesta apostila. Como exemplo, observem o emprego de algumas funções úteis:

```
> mean(trees$Girth)# valor médio da circunferência das
árvores
[1] 13.24839

> mean(trees$Height) # valor médio da altura
[1] 76
```

Para avançarmos um pouco mais na manipulação de dados, vamos utilizar agora um outro conjunto de dados, disponível para o curso, chamado “insetos” (arquivos “insetos.csv”).

Estes dados representam contagens numéricas (abundância) de insetos que foram coletadas de armadilhas de 101 locais em North Dakota, South Dakota, Wyoming e Montana (todos nos EUA). Cada site foi classificado como "*grassland*" ou "*forest*". Cada site foi também classificado como "*protected*" ou "*unprotected*" por agências estatais. Para cada espécie, também temos informações sobre o tamanho do corpo do adulto e sua origem (*native* ou *invasive*).

Relembrando, você poderá utilizar o seguinte comando para importar estes dados no R:

```
> meusdados <- read.csv("Insetos.csv", sep=",")
> head(meusdados) # como os dados devem ser
```

```
  site   habitat region      status sp.1 sp.2 sp.3 sp.4 sp.5 sp.6 sp.7
sp.8 sp.9 sp.10 sp.11 sp.12 sp.13 sp.14 sp.15 sp.16 sp.17 sp.18
1    1 grassland     WY unprotected    0    1    6    4    0    0   10    0
0     2     0     1     6     4     2     0    10     0
2    2 grassland     ND unprotected    3    5    3    3    3    3    3    3
3     3     3     5     3     4     3     3     3     3
3    3 grassland     WY unprotected    3    3    4    9    3    3    3    3
6     3     3     3     4     9     5     4     3     3
4    4 grassland     ND unprotected    2    2    2    2    2    2    2    2
2     3     2     2    16     2     2     2     3     2
5    5 grassland     ND unprotected    3    4    3    3    3    3    3    3
3     3     3     6     3     4     3     3     3     3
6    6 grassland     ND unprotected    3    5    3   16    3    3    3    3
3     3     3     5     3    17     3     3     3     3
  sp.19 sp.20 sp.21 sp.22 sp.23 sp.24 sp.25 sp.26 sp.27 sp.28 sp.29 sp.30
1     0     2     0     0     0     0     0     3     0     0     0     0
2     4     3     0     0     0     0     0     0     0     0     0     0
3     6     3     0     0     0     0     0     0     1     0     0     0
4     2     3     0     0     0     0     0     1     0     1     0     0
5     3     3     0     0     0     0     0     5     0     2     0     0
6     3     3     0     0     0     0     0     1     0     0     3     0
```

À medida que trabalhamos com grandes conjuntos de dados, é importante, em um primeiro momento, conhecermos estes dados em termos de estrutura no R. Quais comandos poderíamos utilizar? Veja abaixo:

```
>dim(meusdados) # 101 linhas e 34 colunas
```

```
[1] 101  34

> str(meusdados)

'data.frame':  101 obs. of  34 variables:
     $ site   : int  1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...
     $ habitat: Factor w/ 2 levels "forest","grassland":
2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
     $ region : Factor w/ 4 levels "MT","ND","SD",..: 4 2
4 2 2 2 4 4 2 2 ...
     $ status : Factor w/ 2 levels
"protected","unprotected": 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
     $ sp.1   : int  0 3 3 2 3 3 0 0 1 4 ...
     (...)
```

Notem que estamos trabalhando com um objeto do tipo “dataframe”, pois temos mais de um tipo de dados levantados. Estes dados são tanto categóricos quanto numéricos. Neste caso, um objeto do tipo matriz não seria adequado, uma vez que ele tem como premissa apenas um tipo de categoria de dados, como citado anteriormente.

Uma vez que inserimos estes dados no R, podemos começar a treinar algumas manipulações. Inicialmente, vamos somar os valores de colunas ou linhas usando as funções `colSums` para somar colunas e `rowSums` para somar linhas. Mas, iremos somar apenas aquelas colunas correspondentes às espécies de insetos. Vejam como é importante conhecermos os dados que estamos trabalhando.

As colunas que representam as espécies vão da coluna 5 à coluna 34. Portanto, vamos usar os colchetes para selecionar este intervalo:

```
> rowSums(meusdados[ , 5:34])

[1]  51  66  84  59  72  95  29  15  41  94  27  74  55
45  55  55  62  37 117  63 102  80  51  36  45  66 179
18  62   7  85  52  93
 [34]  52  85  77  21  92  59  39 375 172  98  44 294  54
27  57  55  29  26  22  62  43  19 131  34  36  28  24
58  40  27  15  23  38
 [67]  73  49  22  17  26  25  38  44  51  37  19  46  62
45  49  18  23  27  41  64  24  30  51  43  66 107  14
24  59  26  27  40  53
[100]  62   0
```

Se cada linha representa uma armadilha, a soma da abundância parcial de cada espécie por observação resulta na abundância total de indivíduos por armadilha!

De modo similar, podemos somar cada coluna, e teremos a abundância total de cada espécie de inseto nas 101 armadilhas:

```
> colSums(meusdados[ , 5:34])

sp.1  sp.2  sp.3  sp.4  sp.5  sp.6  sp.7  sp.8  sp.9
sp.10 sp.11 sp.12 sp.13 sp.14 sp.15 sp.16 sp.17 sp.18
sp.19 sp.20 sp.21 sp.22 sp.23
  225   194   239   259   169   212   182   168   196
158   280   305   328   349   228   263   215   228   256
187     0     1     0
sp.24 sp.25 sp.26 sp.27 sp.28 sp.29 sp.30
    0     0   256   230   166   208   228
```

Acredito que agora ficou evidente o grande trunfo e a utilidade de se compreender bem a manipulação de dados no R. É útil observar que o argumento de qualquer função pode ser qualquer outro argumento, desde outra função até dados. E, nos casos dos dados, eles podem ser manipulados, selecionados, etc.

Neste contexto, outra medida interessante (pelo menos no contexto do propósito do curso) que requer manipulação de dados é tentar extrair dos dados a abundância média de insetos, por exemplo, entre as áreas protegidas e não protegidas. Como isto poderia ser executado no R?

Para tal, vamos utilizar a função `taaply ()`. A função tem como lógica calcular alguma métrica a partir de dados numéricos entre grupos (categorias), como pode-se observar abaixo:

```
> tapply(rowSums(meusdados[ , 5:34]), meusdados$status,
mean)

protected unprotected
   39.55000    60.97531
```

De forma alternativa, anteriormente poderíamos ter criado um objeto para alocar a soma das linhas (abundância total):

```
> abund <- rowSums(meusdados[ , 5:34])

> abund
[1]  51  66  84  59  72  95  29  15  41  94  27  74  55
45  55  55  62  37 117  63 102  80  51  36  45  66 179
18  62   7  85  52  93
[34]  52  85  77  21  92  59  39 375 172  98  44 294  54
27  57  55  29  26  22  62  43 19 131  34  36  28  24  58
40  27  15  23  38
[67]  73  49  22  17  26  25  38  44  51  37  19  46  62
45  49  18  23  27  41  64  24  30  51  43  66 107  14
24  59  26  27  40  53
[100]  62   0
```

Neste caso, o novo comando ficaria mais simplificado, muito embora em dois passos:

```
> tapply(abund, meusdados$status, mean)
protected unprotected
   39.55000    60.97531
```

E, se ao invés de criarmos um novo objeto com os dados da abundância total de insetos, adicionássemos uma nova coluna permanente aos dados com estes valores? Como poderíamos realizar isto no R? É o que veremos a seguir:

Vamos utilizar a função `apply ()` (notem que não é causal a semelhança com a função anteriormente usada, `tapply ()`). A função tem os seguintes argumentos:

`apply(x, INDEX, fun)`; onde x representa um conjunto de dados; `INDEX`, que normalmente explicita se queremos aplicar uma função às linhas ou às colunas. O valor 1 assinala linhas e o valor 2, colunas. E, por fim, a função que queremos aplicar, tais como soma (`sum()`), média (`mean()`) etc. Além disto, como podemos criar funções no R – como veremos no final deste documento – poderíamos, portanto, utilizar uma função específica que atende às nossas demandas específicas. Mas, vejam abaixo, como ficaria o comando para o nosso exemplo:

```
> meusdados$abund <-apply(meusdados[ , 5:34], 1, sum)
> meusdados$abund

[1]  51  66  84  59  72  95  29  15  41  94  27  74  55
45  55  55  62  37 117  63 102  80  51  36  45  66 179
18  62   7  85  52  93
[34]  52  85  77  21  92  59  39 375 172  98  44 294  54
27  57  55  29  26  22  62  43  19 131  34  36  28  24
58  40  27  15  23  38
[67]  73  49  22  17  26  25  38  44  51  37  19  46  62
45  49  18  23  27  41  64  24  30  51  43  66 107  14
24  59  26  27  40  53
[100]  62   0
```

Percebam que utilizando o prático `$`, foi informado ao R para criar uma nova coluna chamada "`abund`", que será o resultado da soma das linhas das colunas 5 a 34 (aquelas colunas com os valores de abundância de cada espécie de insetos por armadilha). Esta parte ainda será muito útil na parte dos gráficos, como veremos a frente.

E se quisermos adicionar o total da abundância das espécies (soma das linhas) linha de abundância ao dataframe? Uma maneira de construir isto, em dois passos, é a seguinte: primeiro criaremos um vetor contendo a abundância total das espécies e em seguida pediremos para que essa linha seja adicionada na posição 102 (uma vez que os dados têm 101 linhas) e entre as colunas 5 a 34:

```
> sp.abund <-apply(meusdados[ , 5:34], 2, sum)
> sp.abund

> meusdados[102,5:34]<-sp.abund
# adiciona uma nova linha com o vetor sp.abund
> tail(meusdados)
#verifique os resultados
```

E se quisermos criar uma nova linha vazia (sem informação)? Lembre-se que o R não aceita valores em branco, ou seja, devemos preencher com NAs. Vamos efetuar os mesmos passos e criar uma 103ª linha com este vetor de NAs:

```
> vet.na <-rep("NA",30)
> vet.na <-rep("NA",30)
> vet.na
[1] "NA" "NA" "NA" "NA" "NA" "NA" "NA" "NA" "NA" "NA" "NA"
"NA" "NA" "NA"
[15] "NA" "NA" "NA" "NA" "NA" "NA" "NA" "NA" "NA" "NA" "NA"
"NA" "NA" "NA"
[29] "NA" "NA"
> meusdados[103,5:34]<-vet.na
> tail(meusdados) # confira como ficou
```

Para remover esta última linha, vamos sobrescrever o arquivo "meusdados" excluindo esta última linha:

```
> meusdados<-meusdados[-103,]
```

Outro ponto importante é a seleção de dados mais específicos. Por exemplo, no conjunto de dados em tela, a seleção de armadilhas na qual a abundância fosse apenas maior que 20 indivíduos. Como poderíamos fazer isto no R?

Para fazer isto, vamos utilizar a função `which()`. Esta função, de forma genérica, fornece resultados a partir de um objeto lógico. Esta função é muito importante para selecionar dados e será muito útil também na parte de construção de gráficos. No nosso caso, o comando abaixo irá selecionar apenas as linhas com valores de abundância maiores que 20 (para este novo `dataframe`, foi atribuído o nome de "`dados_abund_20`", em referência a valores de abundância por armadilha maiores que 20):

```
> dados_abund_20 <- meusdados[which(meusdados$abund>20), ]

> head(dados_abund_20)# observe como ficaram os dados
```

Além de argumentos lógicos numéricos, é possível utilizar a função `which()` para selecionar objetos de caracteres (nominais). Por exemplo, como poderíamos selecionar apenas o conjunto de dados coletados em áreas protegidas? Vamos utilizar como base o nosso novo conjunto de dados, `dados_abund_20`.

```
> dados_abund_20_prot <-
meusdados[which(meusdados$status=="protected"), ]
```

O comando acima utiliza uma lógica muito semelhante ao comando anterior, como é possível perceber. Esta é uma vantagem do R. Uma vez que se compreende a lógica por trás de cada função, a aplicabilidade da função é também naturalmente ampliada.

Nesta lógica, ao invés de selecionar uma parcela dos dados com base em algum objeto lógico, poderia se excluir as parcelas que não são do nosso interesse, como demonstrado abaixo.

```
> dados_abund_20_prot <- meusdados[-
c(which(meusdados$abund<=20),
which(meusdados$status=="unprotected")), ]
# note o sinal de (-) antes do c. Este sinal de negativo
indica pra remover os dados especificados.
```

Com este único comando, realizamos os passos anteriores, excluindo valores de abundância menores que 20 e deletando as observações em áreas não protegidas. Sempre teste o resultado do comando:

```
> dados_abund_20_prot
```

Observação: caso você queira combinar vários critérios para filtrar os dados, use a função c e vários which combinados. Exemplo:

```
>dados_abund_20_prot_MD_ND<-
meusdados[c(which(meusdados$abund<=20),which(meusdados$st
atus=="unprotected"),which(meusdados$region==c("MT","ND")
)),]
#foram selecionados dados que tenham ao mesmo tempo
abundância <20, sejam em áreas não protegidas (unprotected)
e apenas nos estados MT e ND.
```

Gerando sequências, números aleatórios e repetições

Este tópico apresenta alguns comandos que podem ser úteis em diversos momentos durante a formulação de um *script* mais complexo no R; ou artefatos que podem ser úteis para gráficos e na criação de funções, como veremos ao longo deste texto. Mas, também poderão ser úteis na construção de gráficos, nosso próximo tópico.

De forma simples, para gerar uma sequência no R, utilizamos um comando muito simples:

```
< 1:10 # gera uma sequência de números de 1 a 10
```

```
[1] 1  2  3  4  5  6  7  8  9 10
```

Uma sequência pode ser adicionada a um novo objeto:

```
< a <- 1:100
< a # O resultado será uma sequência de números de 1 a
100
```

Um outro modo de criar uma sequência, mas com possibilidade de especificar os intervalos, é utilizar a função `seq()`. Os argumentos genéricos desta função são os seguintes:

`seq(from = 1, to = 100, by = 4 )`, sequência de um a 100, em intervalos de 4

```
> seq(1, 200,  10)
# seqüência de 1 a 200 em intervalos de 10
[1]   1  11  21  31  41  51  61  71  81  91 101 111 121
131 141 151 161 171 181 191
```

Um outro comando interessante é aquele que gera repetições de números. Para tal, a função `rep()` é a adequada:

Para repetir o número quatro 20 vezes, usamos o seguinte comando:

```
< rep(5, 20)
[1] 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5
```

Veja um pequeno artefato de variação neste comando:

```
< rep(1:10, each=2) # veja o resultado!
```

Para combinar repetições, use a função concatenate (c):

```
< c(rep(1, 5),rep(2,5))
```

Outros comandos que serão muito úteis são funções que criam conjunto de dados aleatórios. Vamos começar com a função `runif ()`, a qual gera dados aleatórios com distribuição uniforme:

```
> runif(n, min=0, max=1) # gera uma distribuição uniforme
com n valores, com valores máximos e mínimos.
```

Por exemplo, vamos gerar um conjunto de dados com 100 valores, que vão desde 20 (mínimo) até 60 (máximo):

```
> runif(100, 20, 60)
[1] 59.17655 44.77081 28.51730 52.52110 37.88434 20.97518
```

```
52.07002 53.89839 25.38896 23.45999 46.15411 24.18540
48.74681 40.83567 50.60774 31.91596 44.13625 (...)
```

Lembre-se que você pode sempre alocar esta sequência de dados em um novo objeto, como demonstrado abaixo:

```
> temp <- runif(100, 20, 60)
> temp # Verifique o resultado. Entretanto, como são
números gerados aleatoriamente, eles podem diferir
minimamente da primeira vez que executamos o comando.
```

Outro modo de geração de dados aleatórios, é variar o tipo de distribuição. Por exemplo, podemos gerar dados aleatórios com distribuição normal, utilizando a função `rnorm`, a qual tem os seguintes argumentos genéricos:

```
> rnorm(n, mean=0, sd=1)  # Gera uma sequência aleatória
com "n" elementos, com média igual a zero e desvio padrão
(sd: standard deviation) igual a um.
```

Agora, vamos executar um exemplo:

```
> rnorm(200, 5, 3) # criar 200 valores com média 5 e
desvio padrão 3
```

Na próxima etapa vamos trabalhar com gráficos e poderemos observar variações das distribuições de forma visual. Mas, de forma momentânea, utilize o help da função `?Distributions` para conhecer outras formas de gerar dados aleatórios com diferentes distribuições.

Ainda, outro modo de se extrair amostras aleatórias utilizando a função `sample ()`. Ela é utilizada para extrair amostras aleatórias e funciona deste modo:

```
> sample(x, size=1, replace = FALSE) # onde x é o
conjunto de dados do qual as amostras serão retiradas,
size é o tamanho da amostra (n), e replace é o argumento
onde é indicado se a amostra será executada com reposição
(TRUE) ou sem reposição (FALSE).
```

Vejamos alguns exemplos:

```
> sample(1:20, 5) # extrai  5 números com valores entre 1
e 20.
```

Note que não foi especificado o argumento `replace` da função `sample()`. Neste caso, o R tem como padrão considerar que a amostra é sem reposição (replace = F). Vejamos como este argumento funciona:

```
> sample(1:20, 25) # erro, amostra maior que o conjunto
```

```
de valores; solicitamos 25 números aleatórios, mas nosso
conjunto de dados tem apenas 20 elementos (que vão de 1 a
20). Para que seja possível executar esta função
corretamente, o R precisa replicar alguns numéros. Para
tal, precisamos adicionar o argumento "replace=T", como
segue:

> sample(1:20, 25, replace=TRUE) # agora sim! O R também
compreende se você utilizar apenas replace=T OU
replace=F.
```

Podemos adicionar outro argumento dentro desta função, como por exemplo a função `rep()`, vista anteriormente. Neste caso, podemos adicionar dentro da função `sample()` uma repetição desta extração "n" vezes, como é demonstrado abaixo:

```
> sample(1:20, 5, rep=100) # 100 repetições. Execute duas
vezes e observe as diferenças!!
```

* para amostragens ou geração de números aleatórios, pode ser interessante utilizar uma seed, ou seja, uma semente que determinará sempre a mesma amostragem ou número aleatório. Isso pode ser útil quando for pertinente reproduzir o resultado:

```
> set.seed(123) # estabelece seed = 123. o comando
set.seed deve sempre ser repetido imediatamente antes de
qualquer amostragem ou geração de número aleatório, ou
seja, o comando não estabelece de maneira permanente que a
seed seja sempre a mesma.

> sample(1:5,5)
[1] 2 4 5 3 1
> set.seed(123)
> sample(1:5,5)
[1] 2 4 5 3 1 # repita algumas vezes os dois comandos
acima e compare os resultados.
# repita agora com seeds diferentes
```

Criação de gráficos no R

Como cientistas, os gráficos são, de um modo geral, um dos principais resultados que almejamos além das análises estatísticas propriamente ditas. Os gráficos adicionam um componente visual aos números, facilitando a interpretação dos resultados. O R apresenta muitas possibilidades de editarmos os gráficos, tornando-os muito personificados. Dentro deste universo, aqui serão abordados os componentes básicos, que tangem à manipulação de comandos que são ferramentas úteis na construção destes gráficos.

A função básica que gera um gráfico no R é o `plot()`. O plot tem como

argumentos básicos o conjunto dos nossos dados que queremos graficar; normalmente o comando genérico inicia com `plot(x, y)`. Vamos retornar aquele conjunto de dados chamados trees para fazermos nosso primeiro plot no R.

```
> data(trees)

?head(trees) #vamos relembrar as informações dos dados
```

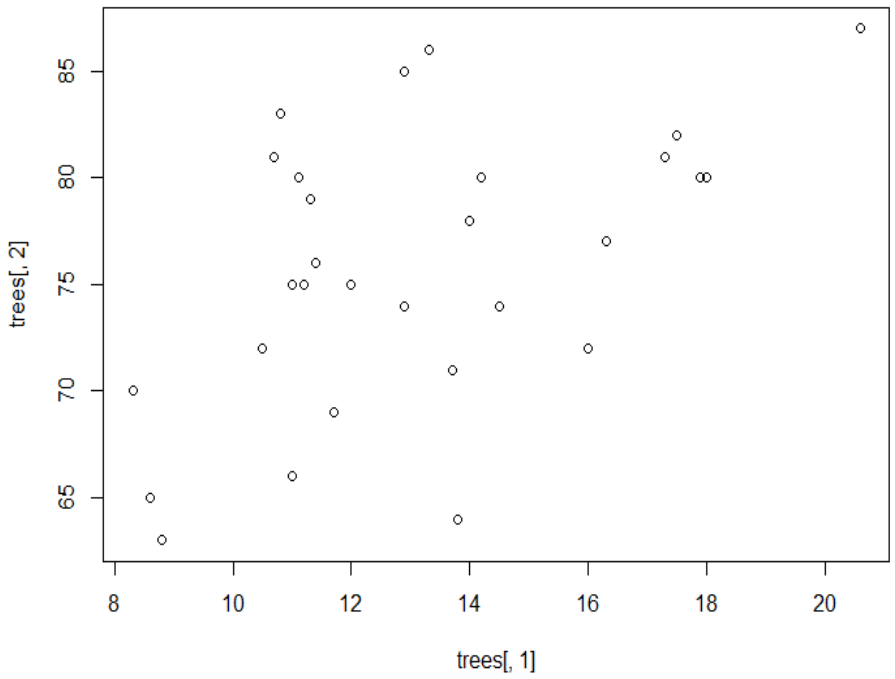
Bom, podemos de forma bem prática criar um gráfico denominado dispersão xy, onde vamos analisar visualmente como uma variável y (variável dependente) se comporta em função de uma variável x (variável independente). Sem pensarmos muito nas questões ecológicas, vamos ver como a altura (*height*) se comporta em relação à circunferência (*girth*):

```
> plot(trees$Girth, trees$Height) #
```

Podemos ainda utilizar o seguinte comando alternativamente:

```
> plot(trees[, 1], trees[, 2])
```

O output deste último comando é o seguinte:

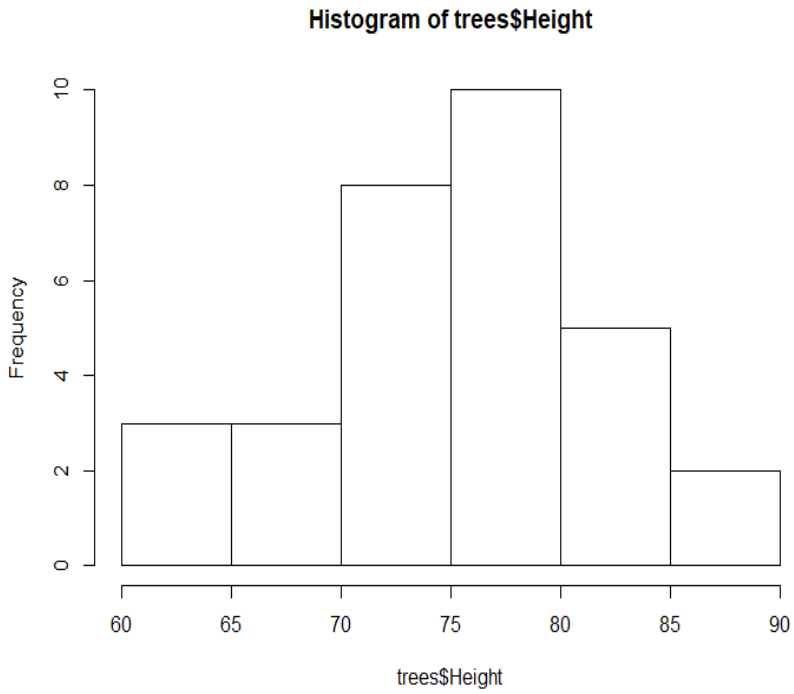


Este comando básico naturalmente não gera um gráfico visualmente bonito e publicável, mas é um primeiro passo importante. Alguns componentes visuais serão explorados aqui. Percebam como a correta manipulação dos dados é um argumento importante dentro da função `plot()`, como o uso do `$` e `[ ]`.

Outro tipo de gráfico comumente utilizado é o histograma. A função para criar um é `hist()`. Ela basicamente carece de um argumento, que são o conjunto de dados. Utilizando ainda o conjunto de dados trees, vamos ver como se distribui a altura das árvores em classes:

```
> hist(trees$Height)
```

O gráfico deve ter ficado como o abaixo:



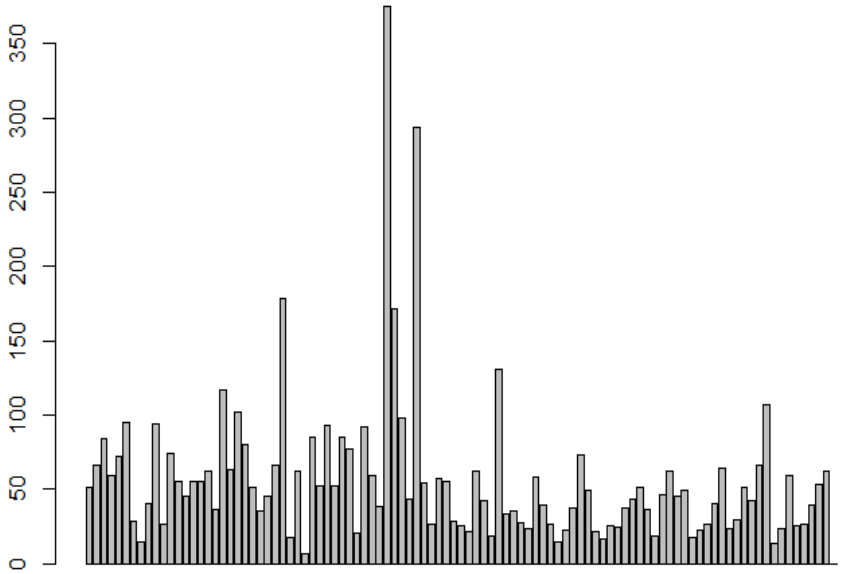
Outro tipo de gráfico bem usual é o de barras. A função que nos permite realizar este tipo de gráfico é o `barplot()`. Como exemplo, vamos voltar a utilizar aquele conjunto de dados de insetos coletados em 101 armadilhas, o qual foi disponibilizado durante o curso:

```
> head(meusdados) #vamos relembrar as variáveis deste
conjunto de dados
```

Anteriormente, adicionamos uma coluna com a abundância de insetos em cada armadilha. Vamos utilizar estes dados para construir um gráfico de barras.

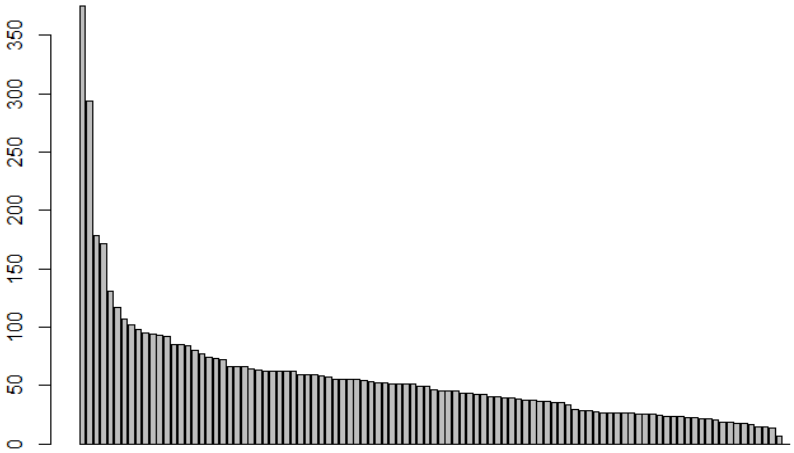
```
> barplot(meusdados$abund)
```

O output é o seguinte:



Um argumento interessante no `barplot`, é organizar as barras em alguma ordem lógica, como crescente ou de decrescente. O comando sort () organiza os dados em ordem crescente de abundância. O comando rev() reverte a ordem. Veja o comando abaixo e o seu respectivo resultado:

```
> barplot(rev(sort(meusdados$abund)))
```



Você pode tentar algumas variações deste último comando, e ver os resultados gráficos. Tente, por exemplo:

```
> barplot(sort(meusdados$abund))

# Perceba o que o argumento rev() fez anteriormente!
```

Nos próximos passos da apostila vamos apresentar alguns argumentos para tornar os gráficos mais lógicos e publicáveis. No momento, vamos seguir para o próximo tipo de gráfico, também comumente utilizado, o boxplot. O comando para gerar este tipo de gráfico é, logicamente, `boxplot()`.

Esta função tem como argumento básico a seguinte construção:

```
> boxplot(x, ...)
```

Mas, ela também pode apresentar variações, e apresentar os seguintes argumentos:

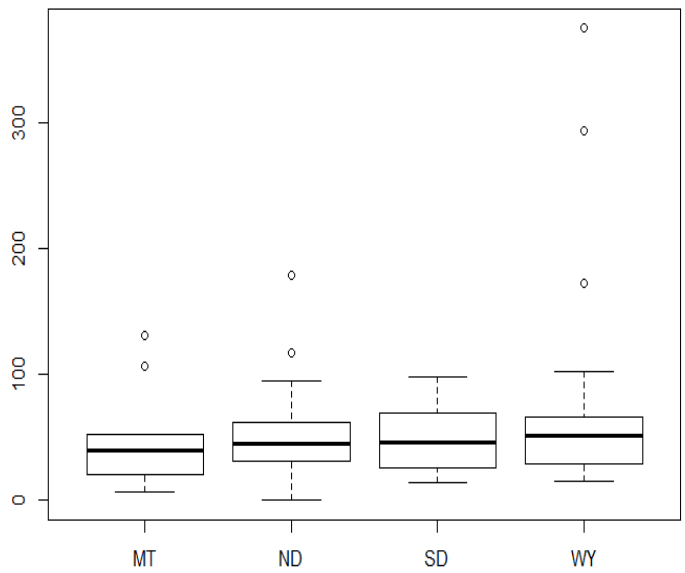
```
> boxplot(formula, …)
```

Neste caso, o argumento `formula` pode ser algo como `y ~ grp`, onde `y` é um vetor numérico de valores de dados a serem divididos em grupos de acordo com a variável de agrupamento `grp` (geralmente um fator). o símbolo til (~) significa "modelado por" (veja mais detalhes no tópico *Estatística Univariada*)

Vamos continuar utilizando o conjunto de dados dos insetos. Vamos construir um boxplot que irá analisar como a abundância (vetor numérico de valores) variou ao longo dos locais de coleta (variável de agrupamento, um fator):

```
> boxplot(meusdados$abund ~ meusdados$region)
```

O gráfico resultante será este:



Uma vez que os tipos mais comuns de gráficos foram elucidados em termos de funções e argumentos básicos, os próximos tópicos irão focar em como mudar a aparência dos gráficos.

Gráficos em painéis

Um recurso gráfico muito interessante diz respeito ao aproveitamento do espaço. De forma geral, a diagramação de gráficos é um aspecto importante, uma vez que os espaços para figuras em artigos, trabalhos de conclusão, dissertações e teses, dentre outros, são limitados. Uma das formas de se aproveitar este espaço é fazer uma única figura com vários gráficos. A tela que o R gera (e o painel de gráficos do R Studio) por padrão é de um gráfico por painel. Para colocar quatro figuras em um único painel, precisamos informar isto ao R, através de um comando. O comando mais utilizado é o seguinte: `par(mfrow = c(x,y))`, onde x é o argumento que especifica o número de linhas e y o número de colunas do painel:

Neste caso, para deixarmos em um único painel os quatro tipos de gráficos mais comuns, demonstrados aqui, precisamos dividir a área do painel em 2 linhas e 2 colunas, o que irá gerar quatro áreas em um único painel.

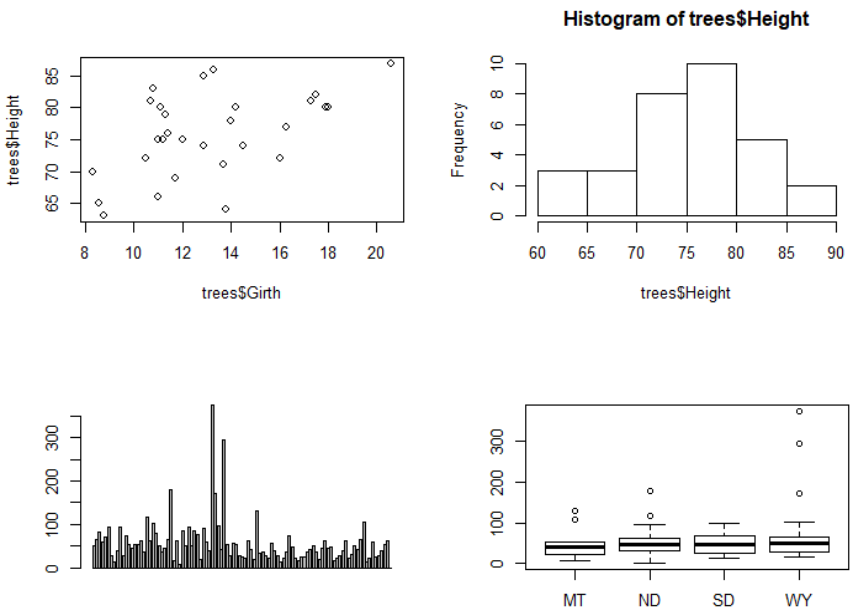
O argumento, portanto, dentro da função `par()`, pode ser o seguinte:

```
> par(mfrow = c(2, 2))
```

Agora, podemos inserir os comandos referentes aos quatro tipos de gráficos que ilustramos acima:

```
> plot(trees$Girth, trees$Height)
> hist(trees$Height)
> barplot(meusdados$abund)
> boxplot(meusdados$abund ~ meusdados$region)
```

O resultado será como este abaixo:



Um ponto importante é que todos os próximos gráficos que o R gerar a partir de comandos ficarão em 4 painéis. Tente executar novamente um dos quatro tipos de gráficos acima e você irá perceber isto. Para evitar este pequeno detalhe, é recomendado adicionar um comando para informar ao R que os próximos gráficos serão em painel único ou qualquer outro tipo de divisão que for do interesse.

Para voltar a termos apenas um gráfico por painel, utilize o seguinte comando:

```
> par(mfrow = c(1, 1))
```

Para testar a sua correta funcionalidade, teste executando qualquer um dos quatro tipos de gráficos que aprendemos acima, como por exemplo:

```
> hist(trees$Height)
```

Agora que aprendemos este pequeno truque, vamos explorar outros argumentos dentro das funções que produzem gráficos, com o propósito de melhorar a aparência daqueles quatro tipos básicos de gráficos.

Alterando a aparência de gráficos

Vamos começar a trabalhar com aquele gráfico de dispersão xy, nosso primeiro tipo de análise gráfico explorado. O comando era o seguinte:

```
> plot(trees$Girth, trees$Height)
```

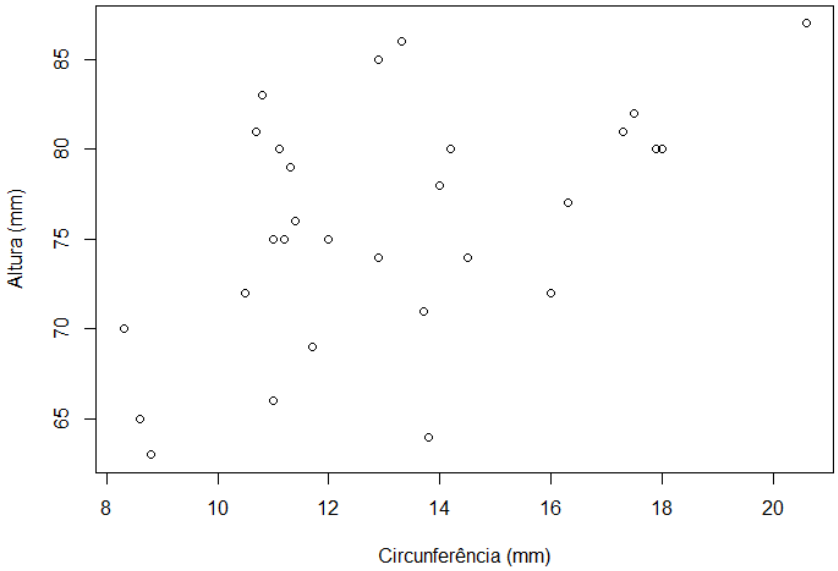
Um gráfico, assim como uma figura, tem como preceito a autoexplicação, ou seja, existe a necessidade de conter informações mínimas para que o leitor compreenda o propósito daquela imagem ou daquele gráfico. No caso do gráfico, especificamente, a correta assinalação dos eixos x e y é imprescindível, por exemplo.

Quase todos estes ajustes de aparência, são argumentos dentro das funções dos gráficos, neste caso, dentro da função `plot()`, como veremos abaixo.

O comando no qual especificamos o título do eixo x é `xlab`, bem como para o eixo y, é `ylab`. Nosso comando, então, neste caso, poderia ficar assim:

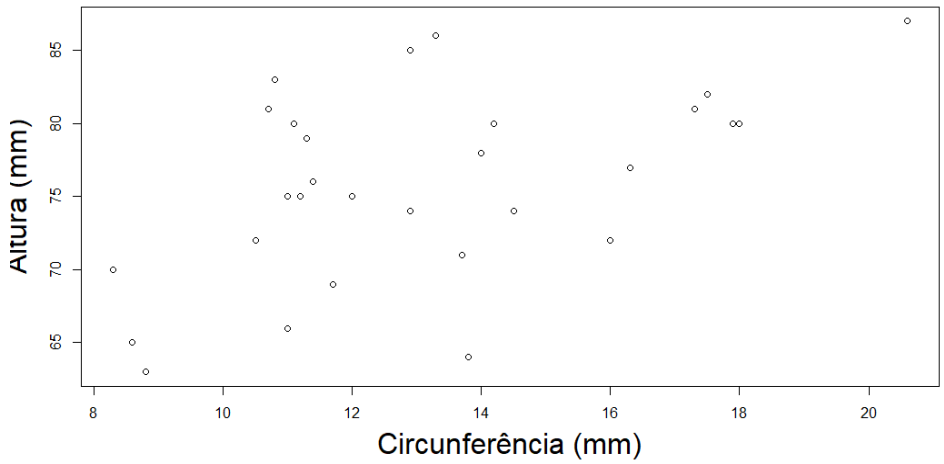
```
> plot(trees$Girth, trees$Height,xlab="Circunferência
(mm)",ylab="Altura (mm)")
```

O resultado seria este:



Para alterar o tamanho das letras, utilize o argumento cex.lab:

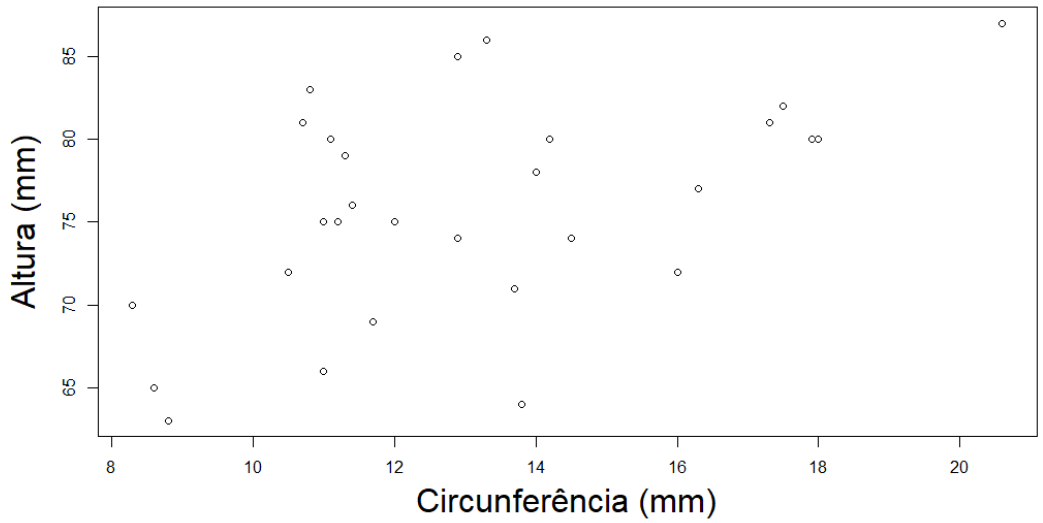
```
> plot(trees$Girth, trees$Height,xlab="Circunferência
(mm)",ylab="Altura (mm)",cex.lab=2)
```



Observe que o aumento do tamanho da letra dos `labels` deixou pouca margem. Para ajustá-la, utilize o comando `par(mar=c(5,4,4,2))`. Este é o default para as margens c(inferior, esquerda,superior, direita). vamos alterar apenas a margem esquerda:

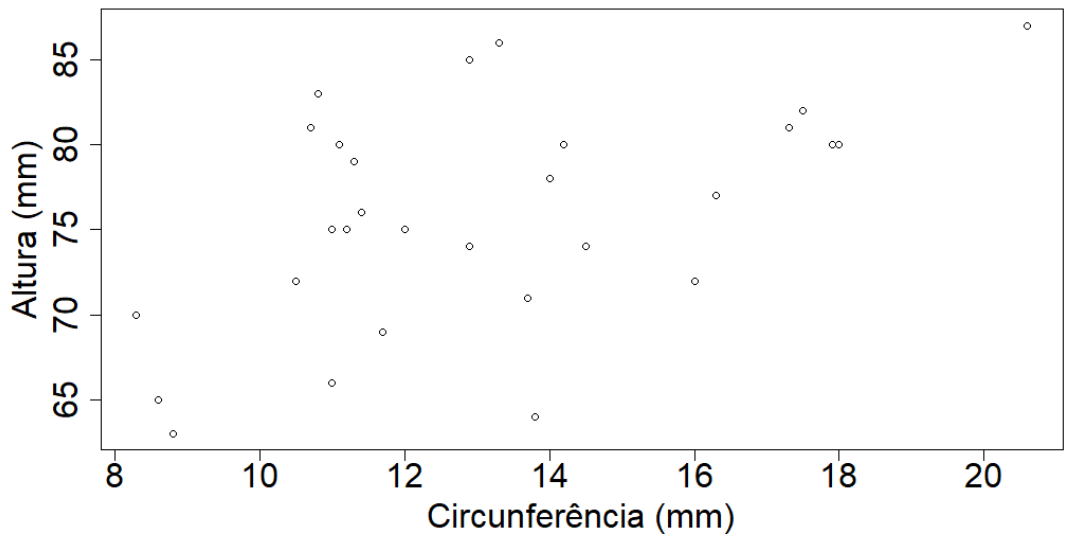
```
> par(mar=c(5,6,4,2))
> plot(trees$Girth, trees$Height,xlab="Circunferência
(mm)",ylab="Altura (mm)",cex.lab=2)
```

*uma observação importante: o comando `par(mar())` altera a área de plotagem de maneira permanente. Para mudar, deve-se utilizar o comando novamente com outras especificações.



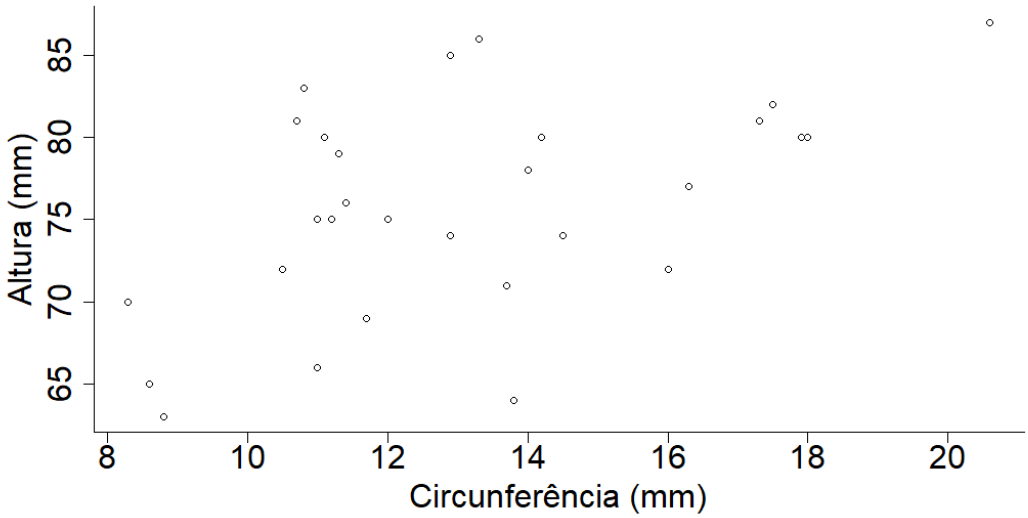
Para alterar o tamanho do texto dos eixos, utiliza o comando `cex.axis`.

```
> plot(trees$Girth, trees$Height,xlab="Circunferência
(mm)",ylab="Altura (mm)",cex.lab=2,cex.axis=2)
```



Para remover a caixa em torno do gráfico e manter só as margens inferior e esquerda, use o argumento `bty="l"`.

```
> plot(trees$Girth, trees$Height,xlab="Circunferência
(mm)",ylab="Altura (mm)",cex.lab=2,cex.axis=2,bty="l")
```



*`bty="o"` produz o mesmo gráfico default e `bty="n"` deixa apenas os eixos, sem nenhuma das margens da caixa.

Existem uma série de outros argumentos, todavia, que poderíamos usar. Dentre todos, outro interessante é o `pch`. Este argumento diz respeito ao símbolo dos pontos. O padrão é estes círculos abertos, mas existem outros símbolos que poderíamos utilizar.

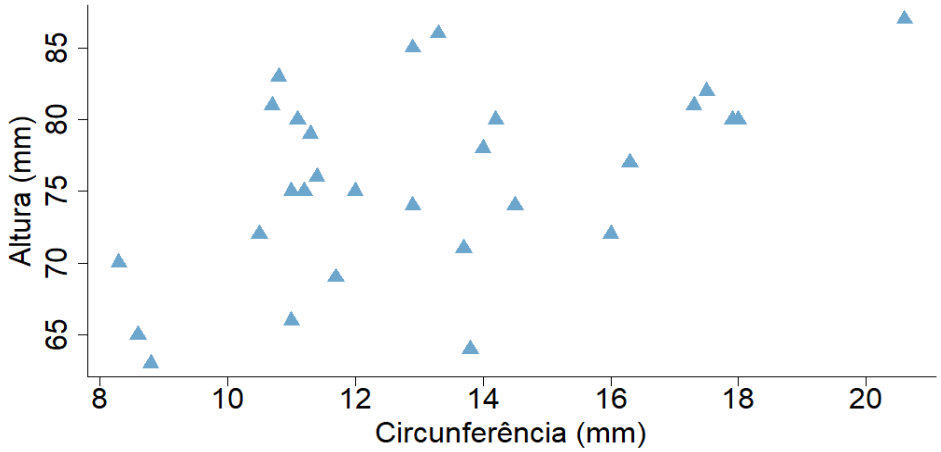
Para visualizar as possibilidades do argumento `pch`, vamos utilizar a ajuda do R (Veja mais detalhes em Quick R: Graphical Parameters https://www.statmethods.net/advgraphs/parameters.html)

```
> ?pch
# abaixo a informação mais importante no momento
```

Vamos, então, utilizar este argumento, conjuntamente com outro argumento importante, o que adiciona cores, `col()`. Consulte no google antes a cartilha em PDF com as cores padrão do R, procurando por "RColors". Uma possibilidade de comando com estes dois argumentos poderia ser algo assim:

```
> plot(trees$Girth, trees$Height,xlab="Circunferência
(mm)",ylab="Altura(mm)",cex.lab=2,cex.axis=2,bty="l",cex=
2,pch=17, col="skyblue3")
#o argumento cex determina o tamanho dos pontos
```

O novo layout do gráfico ficará deste modo:



De modo similar, podemos adicionar título aos eixos e colorir nosso histograma, como por exemplo:

```
> hist(trees$Height, col=”red3”, xlab=”Altura (mm)”,
ylab=”Frequência”)
# Observe como ficou o novo layout do histograma
```

O argumento que adiciona um título principal padrão nos gráficos é `main`. Podemos adicionar este argumento para modificar o título principal que a função `hist` automaticamente insere no gráfico, como segue:

```
> hist(trees$Height, col="red3", xlab="Altura (mm)",
ylab="Frequência", main="")
```

Outro aspecto importante no histograma é a divisão das classes e os limites do eixo que representam nossos dados. Para modificar isto, existe um argumento da função `hist` chamado `breaks`. Para gerar estes intervalos, vamos utilizar uma função já apresentada, as sequências numéricas, a função `seq()`.

Vamos tentar. Primeiramente, é importante conhecer os limites numéricos dos dados que estamos explorando:

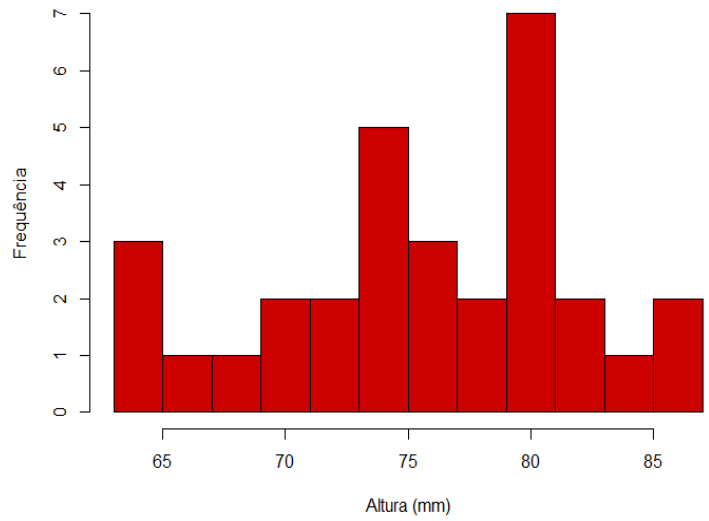
```
> max(trees$Height)
[1] 87

> min(trees$Height)
[1] 63
```

Relembrando, a função `seq()` tem três argumentos, que são os limites e a divisão dos intervalos, como podemos ver abaixo:

```
> seq(63, 87, 1)
```

Incorporando isto como argumento de breaks, dentro da função hist, temos o seguinte comando e resultado:

```
> hist(trees$Height, breaks=seq(63, 87, 2), col="red3",
xlab="Altura (mm)", ylab="Frequência", main=" ")
```



Está lembrando daquele tópico no qual abordamos como criar números aleatórios, dados com média e desvio padrão definidos, com a função `rnorm()`, por exemplo? Tentem explorar variações no layout do gráfico. Abaixo um exemplo:

```
> simul <- rnorm(500, 10, 3)
# conjunto de dados com n=500, média igual a 10 e desvio
padrão igual a 3
```

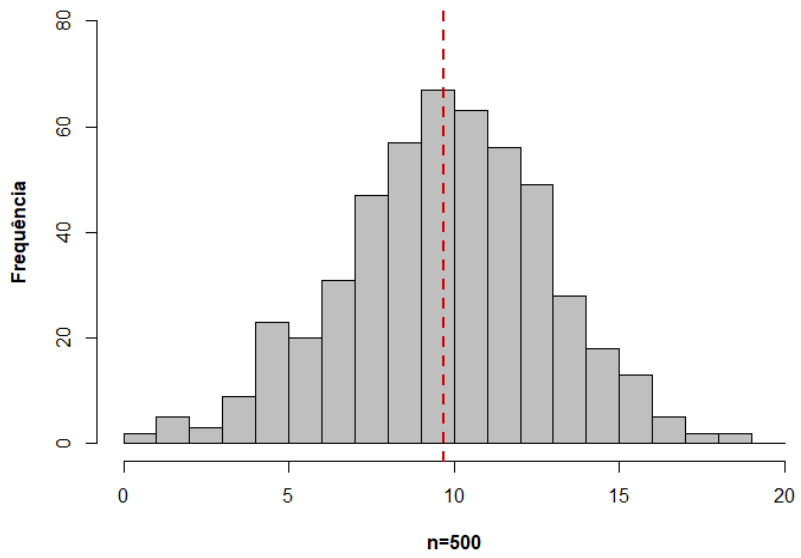
Um gráfico mais simples seria apenas o comando

```
> hist(simul) # veja o resultado
```

Agora, tente tornar mais rebuscado o gráfico, como por exemplo, adicionar uma linha pontilhada que representa a média (que será próximo a 10!). Vamos em partes:

```
> hist(simul, breaks=seq(0, 20, 1), col="gray75",
xlab="n=500", ylab="Frequência", main="",  ylim=c(0, 80),
font.lab=2)
> abline(v=mean(simul), col="red3", lty=2, lwd=2)
```

O design do gráfico será o seguinte:



Notem que foram adicionados novos argumentos dentro da função `hist()`, como por exemplo o `font.lab=`, que está relacionado ao estilo de fonte dos títulos dos eixos do gráfico (itálico, negrito, sublinhado etc.).

Também foi adicionado uma linha vertical vermelha indicado o valor da média dos dados. Para isto, foi usado a função `abline()` e seus respectivos argumentos, como é possível observar no comando anterior.

A função `abline()` também pode ser interessante para adicionarmos um modelo de regressão linear em gráficos do tipo XY (ou dispersão). Para ilustrar isto, vamos retomar o uso dados “trees”.

Para criar um gráfico que analisou uma possível relação entre circunferência e altura de árvores do Hemisfério Norte. O último comando que usamos para observar esta possível relação, com pequenas alterações no layout, foi o seguinte:

```
> plot(trees$Girth, trees$Height,xlab="Circunferência
(mm)",ylab="Altura(mm)",cex.lab=2,cex.axis=2,bty="l",cex=2,pch
=17, col="skyblue3")
```

A função `lm()` é a responsável por criar um modelo linear de regressão entre variáveis dependentes (y) e independentes (x).

Ela tem como lógica os seguintes argumentos básicos:

```
> lm(y ~ x) # como y responde a x
```

No exemplo proposto, o comando seria algo do tipo:

```
> lm(trees$Height ~ trees$Girth)
```

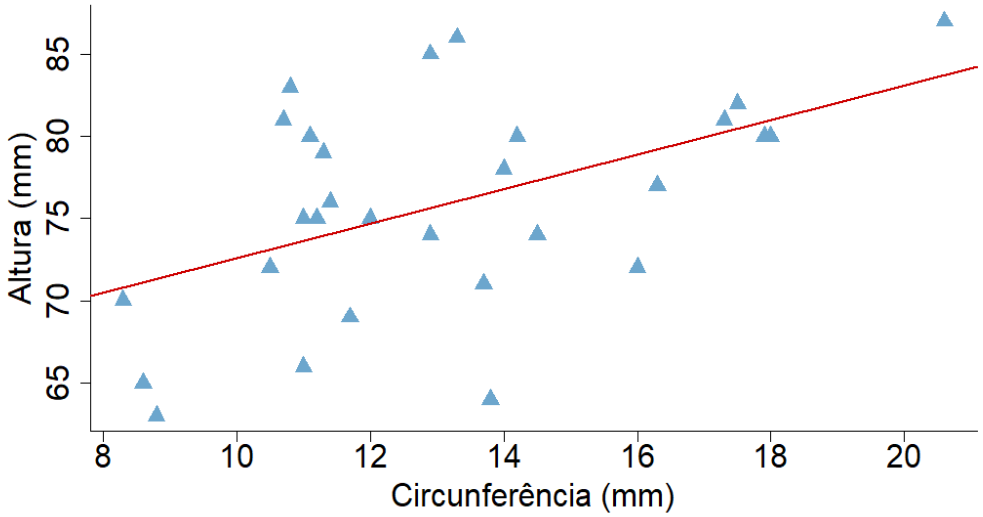
Mas, sempre é recomendado alocar estes resultados a um novo objeto, que aqui chamaremos de “a”:

```
< a <- lm(trees$Height ~ trees$Girth)
```

Agora, podemos adicionar o resultado gráfico desta regressão linear:

```
< abline(a, col=”red3”, lwd=2)
```

O resultado será este, aproximadamente:



Alterações avançadas em gráficos:

Inserir texto: função `text(x, y, ”meu texto”)`. x e y são as posições no plot em que o texto deve ser adicionado:

```
< text(18, 65, ”Eu amo o R”, cex=2, col=”red”) # os
argumentos cex e col são usados para alterar o tamanho do
texto e a cor, respectivamente.
```

O texto pode ser colocado diretamente também através de clique do mouse com a função `locator()`.

```
< text(locator(), ”Eu amo o R”, cex=2, col=”red”)

# o R ficará aguardando a posição a ser especificada.
Clique com o botão esquerdo no local que o texto deve ser
colocado e em seguida tecle ESC. O texto será colocado de
maneira centralizada em relação ao local em que foi
clicado.
```

A função `locator()` pode ser usada também separadamente para se descobrir as coordenadas de pontos específicos dentro do plot.

```
< locator() # clique com o botão direito em todos os
pontos que se quer descobrir as coordenadas. Em seguida
tecle ESC e as coordenadas aparecerão no prompt de
comando. Isso pode ser útil para se descobrir a
coordenada para colocar na função text().
```

Alterar a aparência dos eixos de maneira independente: algumas modificações de eixos não são possíveis diretamente especificando argumentos através da função `plot()`. Nestes casos, é necessário plotar o gráfico ocultando os eixos e adicioná-los posteriormente um a um de maneira customizada:

```
> plot(trees$Girth,
trees$Height,axes=F,bty="l",cex=2,pch=17,
col="skyblue3",ylab="",xlab="",bty="l",xlim=c(8,20),ylim=c
(60,90))
#  axes=F ou FALSE indica que os eixos não devem ser
plotados. xlab=”” e ylab=”” indicam que não deve ser
escrito nada nos rótulos dos eixos.

> axis(1,cex.axis=2) # 1 indica o eixo x

> axis(2,cex.axis=2,las=2) # 2 indica o eixo y; o
argumento las rotaciona os labels do eixo

> mtext("Circunferência (mm)",side=1,cex=2)
# observe que o rótulo do eixo ficou em cima do eixo.
Ajuste a posição do texto com line (funciona também para a
posição do eixo, na função axis):

> mtext("Circunferência (mm)",side=1,cex=2,line=3)

> mtext("Altura(mm)",side=2,cex=2,line=3.5)
```

Note que o plot gera um “gap” entre os eixos, que deixa o gráfico não tão elegante. Para removê-lo, devemos adicionar um argumento junto à função `par`, o `xaxs` e o `yaxs`. Em seguida especificar os limites adequados de x e y, lembrando de alterá-los na colocação dos eixos também:

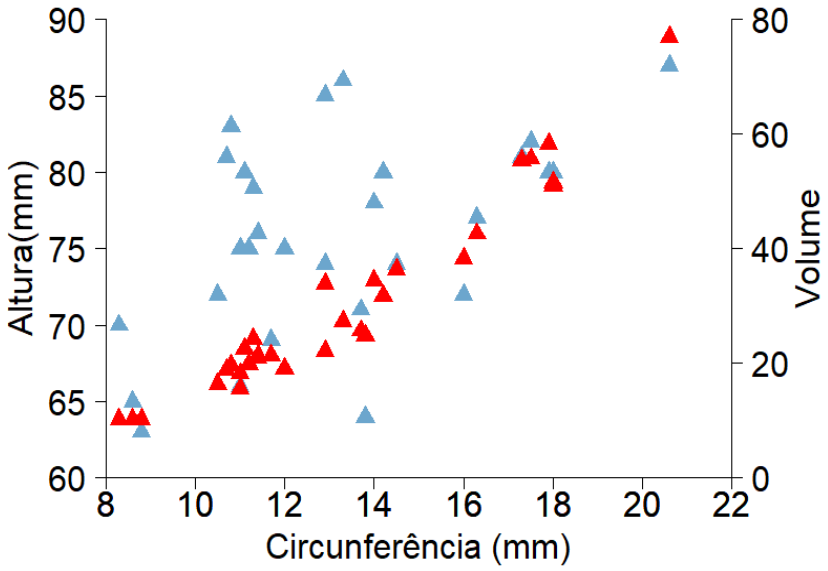
```
> par(mar=c(5,8,4,4),xaxs="i",yaxs="i")
> plot(trees$Girth, trees$Height, axes=F,
bty="l",cex=2,pch=17, col="skyblue3",
ylab="",xlab="",bty="l",xlim=c(8,20),ylim=c(60,90))
> axis(1,cex.axis=2,xlim=c(8,20))
> axis(2,cex.axis=2,las=2,ylim=c(60,90)
> mtext("Circunferência (mm)",side=1,cex=2,line=3)
> mtext("Altura(mm)",side=2,cex=2,line=3.5)
```

IMPORTANTE: sempre que os eixos forem adicionados desta maneira, deve-se ter o cuidado de conferir se as amplitudes de x e y são as mesmas. Caso contrário os plots serão feitos erroneamente em escalas diferentes:

```
> plot(trees$Girth,
trees$Height,axes=F,bty="l",cex=2,pch=17,
col="skyblue3",ylab="",xlab="",xlim=c(0,20),ylim=c(0,85))
> axis(1,cex.axis=2,xlim=c(0,20))
> axis(2,cex.axis=2,ylim=c(0,85))
> mtext("Circunferência (mm)",side=1,cex=2,line=3)
> mtext("Altura(mm)",side=2,cex=2,line=3.5)
```

Para plotar segundo eixo ou mais: Cada vez que se usa a função plot, a área de plotagem é limpa e substituída pelo novo comando. Para ativar a subscrição (plotagem em várias camadas), use a função par(new=T).

```
> par(mar=c(5,6,4,6),xaxs="i",yaxs="i")
> plot(trees$Girth, trees$Height, axes=F, bty="l", cex=2,
pch=17, col="skyblue3", ylab="",xlab="", xlim=c(8,22),
ylim=c(60,90))
]>axis(1,cex.axis=2,xlim=c(8,22))
> axis(2,cex.axis=2,las=2,ylim=c(60,90))
> mtext("Circunferência (mm)",side=1,cex=2,line=3)
> mtext("Altura(mm)",side=2,cex=2,line=3.5)
> par(new=T)
> plot(trees$Girth, trees$Volume, axes=F, bty="l", cex=2,
pch=17,col="red", ylab="", xlab="", bty="l", xlim=c(8,22),
ylim=c(0,80))
> axis(4, cex.axis=2,las=2,ylim=c(0,80))
> mtext("Volume",side=4,cex=2,line=3.5)
```



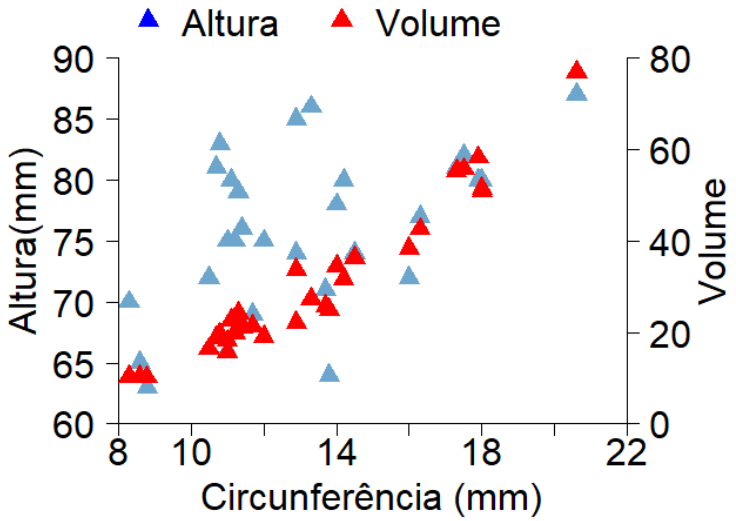
Caracteres especiais: abaixo alguns exemplos de como colocar caracteres especiais nos textos (pode ser aplicado aos títulos de eixos também):

```
> text(locator(),expression(paste("Biomassa Bacteriana","
","(x"," ","10"," ",mu,"g"," ","C"," ",mL^-1,")")),cex=2)
> text(locator(),expression("PO"[4]^-3),cex=2)
> text(locator(),expression("NO"[3]^-""),cex=2)
> text(locator(),expression("NO"[2]^-""),cex=2,)
> text(locator(),expression(paste(bold(Chl),"
",bold(italic(a)))),cex=2)
```

Algumas funções adicionais úteis:

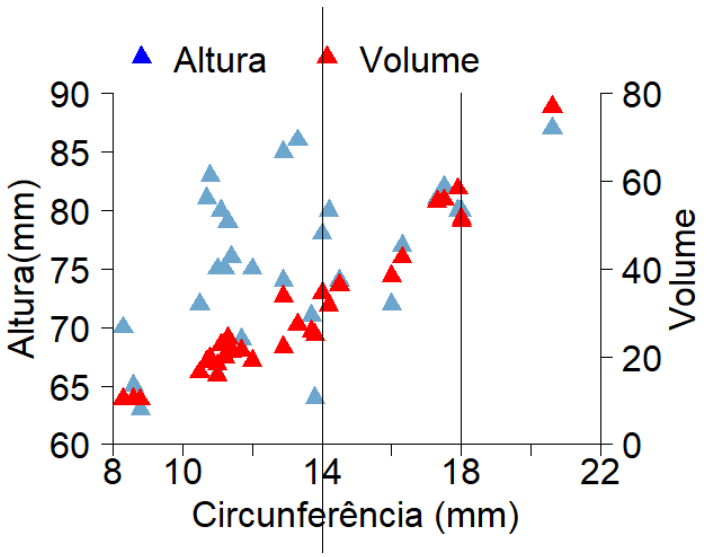
Existe um argumento dentro da função par que permite que sejam plotados dados, textos ou legendas, etc. fora da área de plotagem. Este é o `xpd=TRUE`. Ele pode ser adicionado junto com o par inicial que determina as características gerais da área de plotagem do gráfico ou pode ser utilizado em uma linha de comando independente:

```
> par(xpd=TRUE)
#Exemplo 1
> par(mar=c(5,6,4,6),xaxs="i",yaxs="i", xpd=TRUE)

# Exemplo 2: digamos que se queira colocar a legenda em
cima da figura. Neste caso devemos usar o par(xpd=TRUE)
antes do comando da legenda:

>plot(trees$Girth, trees$Height, axes=F, bty="l",
cex=2,pch=17, col="skyblue3", ylab="",xlab="",
xlim=c(8,22),  ylim=c(60,90))
>axis(1,cex.axis=2,xlim=c(8,22))
>axis(2,cex.axis=2,las=2,ylim=c(60,90))
>mtext("Circunferência (mm)",side=1,cex=2,line=3)
>mtext("Altura(mm)",side=2,cex=2,line=3.5)
>par(new=T)
>plot(trees$Girth, trees$Volume, axes=F, bty="l", cex=2,
pch=17,col="red", ylab="", xlab="", bty="l",
xlim=c(8,22), ylim=c(0,80))
>axis(4, cex.axis=2,las=2,ylim=c(0,80))
>mtext("Volume",side=4,cex=2,line=3.5)
>par(xpd=TRUE)
>legend(locator(),c("Altura","Volume"),
pch=17,col=c("blue","red"),cex=2,bty="n", horiz=T)
# teste colocando na parte bem superior do gráfico. O
argumento horiz=T plota a legenda no modo horizontal:
```



Algumas funções, como o `abline` são circunscritas à área de plotagem. Se você usar `abline` após usar `par(xpd=TRUE)`, ele irá criar uma linha reta que irá trespassar esta área:

```
>abline(v=14)
> par(xpd=F)
> abline(v=18) # a reversão do xpd para "Falso" retorna
as plotagens à área de plotagem default:
```



Por último, ainda podemos alterar os intervalos das escalas dos eixos x e y. Lembre-se que alteramos os limites (a amplitude) dos eixos através da função `xlim` e `ylim`. Algumas vezes, o R retorna com alguma solução não muito elegante (intervalos muito longos ou muito curtos). Podemos customizar também estes intervalos de acordo com nossa preferência. Para isto basta trocarmos o argumento `xlim` e `ylim` dentro de `axis` por `at=seq(mínimo, máximo, by=intervalo`

`desejado)`. No exemplo abaixo mostramos apenas uma das linhas de comando do último gráfico na linha em que pedimos para que o eixo x seja plotado. Neste caso, queremos que o limite vá de 8 a 22, com intervalo de 4:

```
> axis(1,cex.axis=2,at=seq(8,22,by=4))
```

Por último, caso você se incomode com a notação científica, você pode mudar a configuração do R para que os números com menos de 999 dígitos sejam mostrados de maneira exata (999 foi um número escolhido ao acaso - poderia ser qualquer outro número).

```
> options(scipen = 999)
> options(scipen = 0) # para retornar ao default
```

Exportação de gráficos

Uma das grandes vantagens do R é a possibilidade de fazer gráficos personalizados, como demonstramos com alguns poucos exemplos acima. Outra excelente vantagem é podermos exportar do R (ou RStudio) gráficos em formatos e layout pronto para publicação; seja no formato PDF, JPG ou TIFF. Podemos escolher a resolução, o tamanho da figura, dentre outras quase infinitas possibilidades.

Aqui, iremos focar em dois formatos mais usualmente utilizados para exportar figuras, o formato PDF e o formato TIFF. Ambos são vetoriais e, em nosso entendimento, armazenam mais informações gráficas.

Vamos utilizar como exemplo, a criação do último gráfico. Os comandos estão novamente inseridos abaixo:

```
> par(mar=c(5,6,4,6),xaxs="i",yaxs="i")
> plot(trees$Girth, trees$Height, axes=F, bty="l", cex=2,
pch=17, col="skyblue3", ylab="",xlab="", xlim=c(8,22),
ylim=c(60,90))
]>axis(1,cex.axis=2,xlim=c(8,22))
> axis(2,cex.axis=2,las=2,ylim=c(60,90))
> mtext("Circunferência (mm)",side=1,cex=2,line=3)
> mtext("Altura(mm)",side=2,cex=2,line=3.5)
> par(new=T)
> plot(trees$Girth, trees$Volume, axes=F, bty="l", cex=2,
pch=17,col="red", ylab="", xlab="", bty="l", xlim=c(8,22),
ylim=c(0,80))
> axis(4, cex.axis=2,las=2,ylim=c(0,80))
> mtext("Volume",side=4,cex=2,line=3.5)
```

Para exportar um gráfico em PDF, vamos utilizar a função `pdf()`. Veja mais detalhes desta função, utilizando a função de ajuda do R `(?pdf)`.

O comando básico pode ser o que segue:

```
>pdf("Gráfico 1__Teste.pdf", width=7, height=5)
# O primeiro argumento é o nome que você quer dar para o
```

```
arquivo PDF que será exportado. E, aqui neste exemplo, o
tamanho do gráfico. Nesta função, as unidades estão em
inches (sistema americano). 1 inch representa 2.54 cm.
```

A lógica é que o primeiro comando seja o acima, depois todos aqueles comandos do gráfico, e por fim, um comando específico para que ele exporte este arquivo, sinalizando que você não irá mais adicionar argumentos ao gráfico:

```
> dev.off()
```

O comando todo está abaixo. Mas, para onde o R irá exportar este arquivo PDF? Para o diretório de trabalho que você definiu no início deste documento! Tente utilizar o comando `getwd()` que o R irá apontar o local, caso não recorde.

```
> pdf("Gráfico 1__Teste.pdf", width=7, height=5)
# Exportando um gráfico em PDF. Observe o nome genérico
dado ao arquivo
> op <- par(mar=c(5,6,4,6),xaxs="i",yaxs="i")
# Um outro modo de configurar as margens do gráfico

> plot(trees$Girth, trees$Height, axes=F, bty="l", cex=2,
pch=17, col="skyblue3", ylab="",xlab="", xlim=c(8,22),
ylim=c(60,90))
> axis(1, cex.axis=2, xlim=c(8,22))
> axis(2, cex.axis=2, las=2, ylim=c(60,90))
> mtext("Circunferência (mm)",side=1,cex=2,line=3,
font=2)
> mtext("Altura(mm)",side=2,cex=2,line=3.5, font=2)
> par(new=T)
> plot(trees$Girth, trees$Volume, axes=F, bty="l", cex=2,
pch=17, col="red", ylab="", xlab="", bty="l",
xlim=c(8,22), ylim=c(0,80))
> axis(4, cex.axis=2, las=2, ylim=c(0,80))
> mtext("Volume", side=4, cex=2, line=3.5, font=2)
> par(op)
# Reseta os parâmetros de margem previamente definidos
> dev.off()
```

Como ficou o gráfico?

De forma muito similar, podemos exportar este mesmo gráfico em formato TIFF. Basta apenas alterar o primeiro comando para:

```
> tiff("Gráfico 1__Teste.tiff", height=12, width=17,
units='cm', compression="lzw", res=300)
# Aqui alteramos as unidades para cm, definimos o tipo
mais comum de compreensão do arquivo e a resolução, 300
dpi. Veja mais argumentos desta função com a ajuda do R.
```

Inserir todos os demais comandos gráficos. A seguir, use o comando abaixo

para sinalizar ao R que você quer exportar o gráfico:

```
> dev.off()
```

O R irá exportar uma figura em formato TIFF para o diretório de trabalho definido. Encontre a figura e veja como ficou. O mesmo vale para os demais formatos, como JPG, por exemplo.

Estatística univariada: comparando duas ou mais médias, pressupostos, testes de associação entre variáveis

Comparação entre duas médias

Teste-t

Usado para dados contínuos associados a duas categorias (grupos). Pode ser realizado através da função `t.test`. Para isto, vamos utilizar o conjunto de dados Insetos.csv (meusdados) e testar se a abundância total dos insetos difere entre áreas protegidas e não protegidas. Vamos verificar primeiro quantas observações (N) há em cada categoria:

```
> summary(meusdados$status)
  protected unprotected
         20          81
```

Como o N difere entre os grupos, vamos fazer uma amostragem de 20 elementos ao acaso dentro da categoria unprotected. Para garantir a reprodutibilidade dos dados, vamos usar também a função `set.seed`:

```
> set.seed(200)
>t.test(meusdados[which(meusdados$status=="protected"),35]
, sample(meusdados[which(meusdados$status=="unprotected"),
35],20))

Welch Two Sample t-test
data:  meusdados[which(meusdados$status == "protected"),
35] and sample(meusdados[which(meusdados$status ==
"unprotected"), 35], meusdados[which(meusdados$status ==
"protected"), 35] and     20)
t = -2.116, df = 29.83, p-value = 0.0428
alternative hypothesis: true difference in means is not
equal to 0
95 percent confidence interval:
 -33.9029775  -0.5970225
sample estimates:
mean of x mean of y
    39.55     56.80
```

*o teste-t pode ser usado de maneira unicaudal ou bicaudal. O default é o bicaudal. Para alterar, acrescente o argumento `alternative=("greater","less","two.sided")`.

Teste de Mann-Whitney-Wilcoxon (versão não paramétrica do teste-t):

```
> set.seed(200)
>wilcox.test(meusdados[which(meusdados$status=="protected"
),35],sample(meusdados[which(meusdados$status=="unprotecte
d"), 35],20))

Wilcoxon rank sum test with continuity correction
data:  meusdados[which(meusdados$status == "protected"),
34] and sample(meusdados[which(meusdados$status ==
"unprotected"), 35], meusdados[which(meusdados$status ==
"protected"), 35] and     20)
W = 141, p-value = 0.1133
alternative hypothesis: true location shift is not equal
to 0
# observe que o teste não paramétrico não apontou
diferença significativa. Isto ocorre porque este teste é
menos robusto que o teste paramétrico e necessita de
diferenças maiores entre os grupos para apontar um
resultado significativo.
```

Comparação entre > 2 médias

ANOVA (Análise de Variância)

A Análise de variância testa se há diferença entre pelo menos duas médias em um conjunto de 2 ou mais médias (categorias). Para realizar esta análise, vamos utilizar a função `lm` (*linear model*). Nesta função é necessário que seja especificado um fator. Vamos criar um fator fictício chamado de Fator 1:

```
> Fator1<-c(rep(1,5),rep(2,5),rep(3,5))
> Fator1
 [1] 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2 3 3 3 3 3
> Fator1<-factor(Fator1) # esta função indica que os dados
do objeto fator devem ser lidos como categóricos - um
fator com 3 níveis. Confira:
> Fator1
 [1] 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2 3 3 3 3 3
Levels: 1 2 3
```

Agora vamos gerar um vetor com 15 observações:

```
> set.seed(176)
> a <- c(rnorm(5, mean=2, sd=1),rnorm(5, mean=10,
```

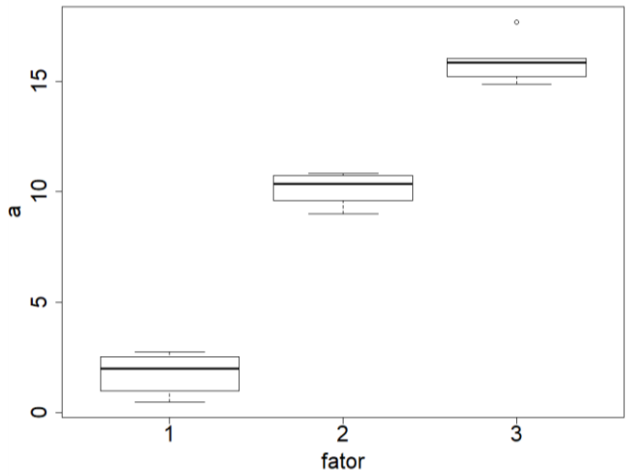
```
sd=1),rnorm(5, mean=15, sd=1))
# observe que foram gerados números aleatórios com mesmo
desvio-padrão, mas médias diferentes
```

Agora sim a ANOVA:

```
> modelo1 <- lm(a~Fator1)
> summary(modelo1)

Call:
lm(formula = a ~ Fator1)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-1.6842 -0.8113 -0.1642  0.8405  1.5556

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  -4.9105     0.7655  -6.415 2.29e-05 ***
Fator1         7.0889     0.3543  20.006 3.78e-11 ***
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘
’ 1

Residual standard error: 1.121 on 13 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9685,  Adjusted R-squared:  0.9661
F-statistic: 400.2 on 1 and 13 DF,  p-value: 3.784e-11
```

Vamos inspecionar o gráfico:

```
> boxplot(a~Fator1,cex.axis=2,ylab="a",xlab="Fator
1",cex.lab=2)
# teste refazendo o vetor a com desvios-padrão diferentes
e veja o que acontece.
```



Teste de Kruskal-Wallis (versão não paramétrica da ANOVA):

```
> modelo2 <- kruskal.test(a~Fator1)
> modelo2

Kruskal-Wallis rank sum test

data:  a by Fator1
Kruskal-Wallis chi-squared = 12.5, df = 2, p-value =
0.00193
```

Localizando as diferenças (teste post-hoc de Tukey (paramétrico) e de Mann-Whitney-Wilcoxon (não paramétrico))

O teste de Tukey exige um objeto com formato aov:

```
> b <- aov(a~Fator1)
> TukeyHSD(b)
 Tukey multiple comparisons of means
    95% family-wise confidence level

Fit: aov(formula = a ~ Fator1)

$`Fator1`
         diff       lwr       upr   p adj
2-1  8.347145  6.728374  9.965916 0.0e+00
3-1 14.177751 12.558980 15.796522 0.0e+00
3-2  5.830607  4.211836  7.449378 1.5e-06
```

Já para o teste de Mann-Whitney, a função é `pairwise.wilcox.test`:

```
> pairwise.wilcox.test(a,Fator1,p.adjust.method =
"bonferroni")

Pairwise comparisons using Wilcoxon rank sum test

data:  a and Fator1

  1     2
2 0.024 -
3 0.024 0.024

P value adjustment method: bonferroni
# procure em ?p.adjust para mais métodos de correção dos
valores de p
```

ANOVA de 2 vias

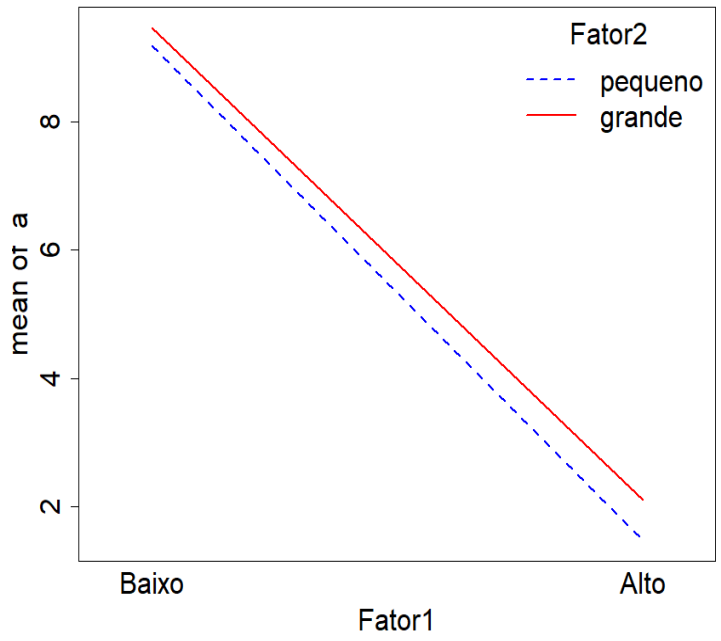
Na ANOVA de 2 vias há 2 fatores e todas as combinações de níveis dos dois fatores devem estar presentes. Para isso vamos modificar o Fator 1 e criar um segundo fator (Fator 2):

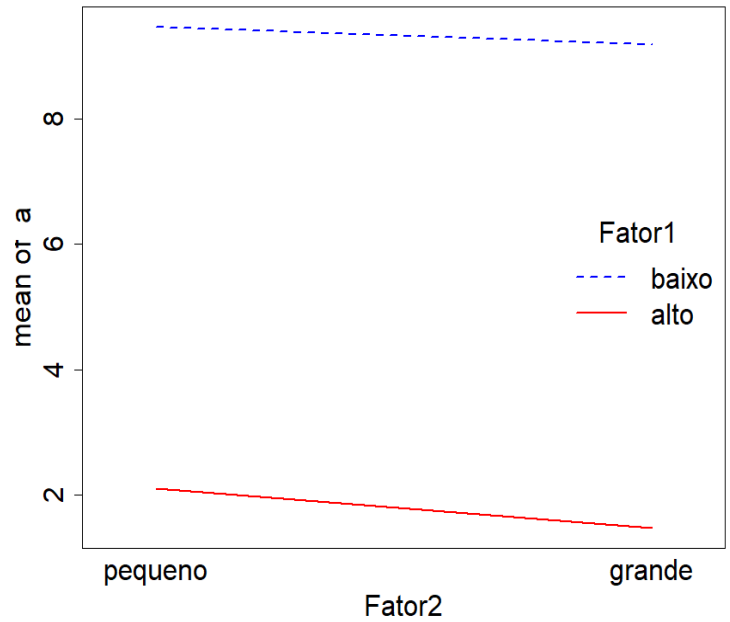
```
> Fator1 <- c(rep("Alto",6),rep("Baixo",6))
> Fator1 <- factor(Fator1)
> Fator1
[1] Alto  Alto  Alto  Alto  Alto  Alto  Baixo Baixo Baixo
Baixo Baixo Baixo
Levels: Alto Baixo

> Fator2 <- rep(c("pequeno","grande"),6)
> Fator2 <- factor(Fator2)
> Fator2
[1] pequeno grande  pequeno grande  pequeno grande
pequeno grande  pequeno grande
[11] pequeno grande
Levels: grande pequeno
5
# observe a combinação dos níveis:
> cbind(Fator1, Fator2)
> set.seed(1234)
> a <- c(rnorm(6,mean=2,sd=1),rnorm(6,mean=10,sd=1))

> modelo3 <- lm(a~Fator1 + Fator2 + Fator1:Fator2)
> library(car)# carrega o pacote car
> anova(modelo3)

Analysis of Variance Table

Response: a
              Df  Sum Sq Mean Sq  F value    Pr(>F)
Fator1         1 170.286 170.286 171.9035 1.089e-06 ***
Fator2         1   0.602   0.602   0.6076    0.4581
Fator1:Fator2  1   0.092   0.092   0.0928    0.7685
Residuals      8   7.925   0.991
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘
’ 1
```

Gráficos de interação

```
>Fator1 <- ordered(Fator1,levels=c("Baixo","Alto"))
>interaction.plot(Fator1,Fator2,a,cex.axis=2,cex.lab=2,lwd
=2,col=c("blue","red"),lty=c(2,1),legend="FALSE")
>legend("bottomright",c("pequeno","grande"),bty="n",lty=c(
```

```
2,1),lwd=2,col=c("blue","red"), title="Fator2",cex=2)

>Fator2<-ordered(Fator2,levels=c("pequeno","grande"))
>interaction.plot(Fator2,Fator1,a,cex.axis=2,cex.lab=2,lwd
=2,col=c("blue","red"),legend="FALSE")
>legend("right",c("baixo","alto"),bty="n",lty=c(2,1),lwd=2
,col=c("blue","red"), title="Fator1",cex=2)

# os níveis de variáveis categóricas são por default
colocados em ordem alfabética. A função ordered coloca os
níveis na ordem que for mais lógica ou conveniente:
# plota os dois gráficos de interação:
```





Vamos agora testar os pressupostos da ANOVA, a homogeneidade de variâncias dos grupos (homocedasticidade, também com o pacote `car)` e a normalidade dos resíduos:

```
> leveneTest(a, Fator1)
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center =
median)
      Df F value Pr(>F)
group  1  0.0593 0.8125
      10

> leveneTest(a, Fator2)
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center =
median)
      Df F value Pr(>F)
group  1  2.5083 0.1443
      10

> modelo1 <- lm(a~Fator1)
> modelo1$residuals
> shapiro.test(modelo1$residuals)# teste de normalidade de
Shapiro-Wilk.

Shapiro-Wilk normality test
data:  modelo1$residuals
W = 0.96142, p-value = 0.8039

> modelo2 <- lm(a~Fator2)
> modelo2$residuals
> shapiro.test(modelo2$residuals)

Shapiro-Wilk normality test
data:  modelo2$residuals
W = 0.79249, p-value = 0.007707
```

Os dois fatores apresentaram homogeneidade de variâncias, como esperado. Com relação aos resíduos, o Fator 1 apresentou homogeneidade de variâncias entre os grupos, o que não ocorreu com o Fator 2. Tente realizar alguma transformação da variável a para ajustar a normalidade dos resíduos.

Testes de associação entre variáveis

Uma das formas de testar a associação entre duas variáveis, isto é, se quando ocorre aumento de uma ocorre aumento ou redução da outra, mas não se pressupõe nenhuma relação de causa e efeito entre elas, é a correlação. Calcular um índice de correlação no R é muito fácil com a função `cor`:

```
> a <- 1:10
> b <- 16:25
```

```
> cor(a,b)
 [1] 1 # correlação perfeita. Visualize usando a função
 plot.
> b[3] < -10 +incluindo um pouco de variabilidade nos
 dados
> cor(a, b)
[1] 0.8408916
# observe que a correlação foi menor. Visualize novamente
 usando a função plot
```

Vamos agora extrair o valor de probabilidade associado ao índice de correlação. Observe que o default é a correlação de Pearson. Para mudar o índice, use o argumento `method=(”pearson, ”spearman”, “kendall”).`

```
> cor.test(a, b)

Pearson's product-moment correlation
data:  a and b
t = 4.3947, df = 8, p-value = 0.002303
alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 0.4489729 0.9614700
sample estimates:
      cor
0.8408916

> cor.test(a,b,method=”spearman”)

Spearman's rank correlation rho
data:  a and b
S = 6, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true rho is not equal to 0
sample estimates:
      rho
0.9636364
```

A correlação é sempre bivariada, mas podemos aplicar o teste a uma matriz ou data frame, sendo calculada então uma matriz de correlação com índices par a par. Para isso vamos carregar o conjunto de dados “Abioticos.txt”:

```
> Abioticos<-read.table("Abioticos.txt", header=TRUE,
row.names=1)
> cor(Abioticos)

            Temp         Sal          OD          N           P
Temp  1.00000000  0.71346946 -0.6434480 -0.3126558  0.07378633
Sal   0.71346946  1.00000000 -0.9422687 -0.4248663 -0.09584155
OD   -0.64344804 -0.94226867  1.0000000  0.4727692  0.11588103
```

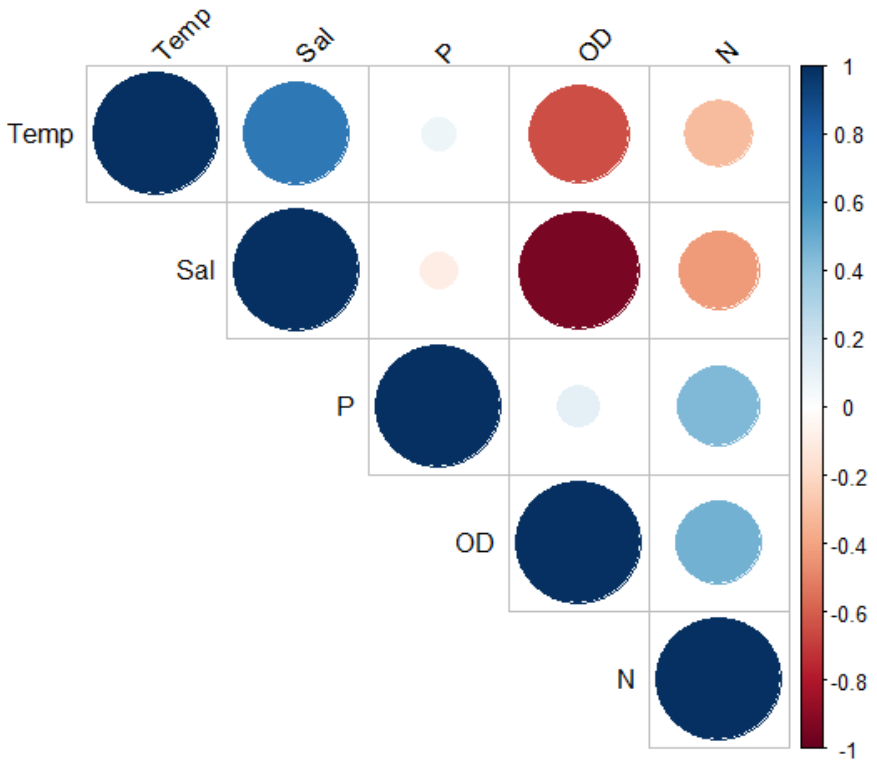
```
N    -0.31265582 -0.42486629  0.4727692  1.0000000  0.44166642
P     0.07378633 -0.09584155  0.1158810  0.4416664  1.00000000
```

Calcule agora os valores de p. Para isto vamos precisar do pacote `Hmisc`.

```
> correlacao<-rcorr(as.matrix(Abioticos),type="pearson")
> correlacao
>write.table(correlacao$P,"clipboard",sep="\t")#
exportando dados para o excel. Este comando copia a tabela
de valores de p para a área de transferência. Abra uma
planilha do excel e pressione CTRL + V.
> write.table(correlacao$r,"clipboard",sep="\t")# realiza
a mesma função, mas com os valores de r
```

Uma outra ferramenta interessante para visualizar matrizes de correlação é oferecida pelo comando corrplot do pacote homônimo:

```
> library(corrplot)# caso não tenha ainda instalado,
instale-o antes de carregá-lo.
> Abioticos.cor<-cor(Abioticos)
> corrplot(Abioticos.cor, type = "upper", order =
"hclust", tl.col = "black", tl.srt = 45)
# os argumentos type=”upper” mantém apenas a diagonal
superior, o tl.col=”black” adiciona as letras em preto (o
default é vermelho) e o tl.srt=45 controla o ângulo dos
textos.
```



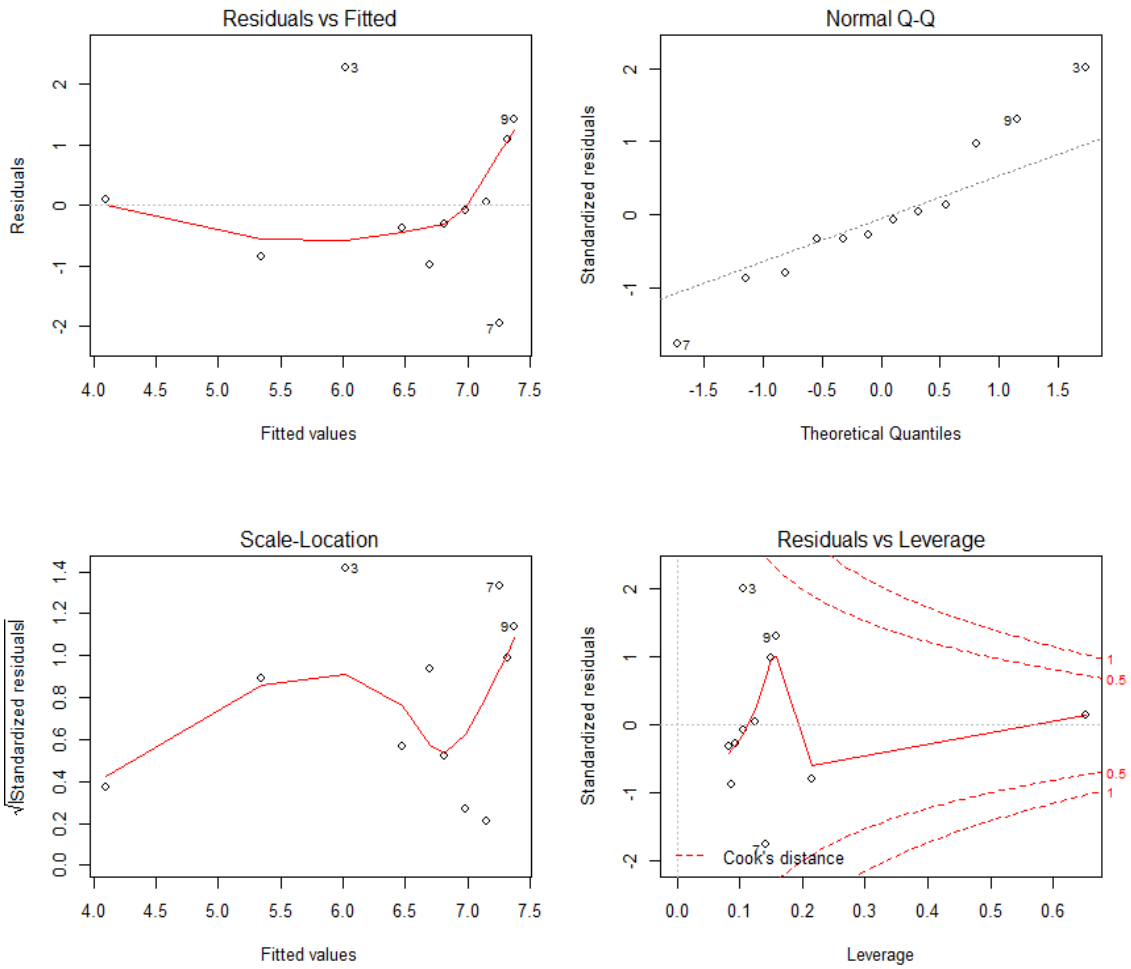
Regressão linear

Uma das formas de se medir a associação entre duas variáveis quando se pressupõe interferência é a regressão linear simples. Para isto vamos continuar usando o conjunto de dados "Abioticos", mas usando a função `attach` para podermos usar as variáveis diretamente:

```
> attach(Abioticos)
> modelo1<-lm(OD~Temp)# lembre-se que o til significa
"modelado por". Neste caso, y~x (variável resposta y
modelada pela variável explanatória x).

> summary(modelo1)   #[2]

Call:
lm(formula = OD ~ Temp)
Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-1.9623 -0.4894 -0.1953  0.3451  2.2799
Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  21.6042     5.6928   3.795  0.00351 **
Temp         -0.5646     0.2124  -2.658  0.02398 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1
' ' 1
Residual standard error: 1.198 on 10 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.414, Adjusted R-squared:  0.3554
F-statistic: 7.066 on 1 and 10 DF,  p-value: 0.02398

> plot(Temp,OD) # sempre na ordem (x,y).Observe que as
variáveis estão em ordem diferente do lm().
> abline (modelo1)
> par(mfrow=c(2,2))
> plot (modelo1)# este comando irá plotar janelas em que
será possível realizar o diagnóstico da regressão[3]:
```

[2] Para entender melhor a diferença entre o r^2 múltiplo e o ajustado, veja a página: http://thestatsgeek.com/2013/10/28/r-squared-and-adjusted-r-squared/

[3] https://data.library.virginia.edu/diagnostic-plots/



O primeiro plot (*Residuals* vs *fitted*) indica se há alguma tendência não linear nos dados; o ideal é que os pontos sejam distribuídos de maneira aleatória e simétrica em torno da linha tracejada horizontal 0, sem tendências a aumentar ou diminuir com os valores ajustados.

O segundo plot (*Normal Q-Q*) mostra se os resíduos são distribuídos de maneira normal; o ideal é que todos os pontos estejam sobre a linha.

O terceiro plot (*Scale-Location*) mostra a distribuição dos resíduos ao longo da amplitude da variável preditora, ou seja, a homocedasticidade. O ideal é que os resíduos estejam distribuídos de maneira uniforme em torno da linha vermelha, que deve ser horizontal. Deve-se ter cuidado com o efeito “cone” (amplitude dos resíduos aumentando ou diminuindo).

O último plot (*Residuals* vs *Leverage*) identifica os pontos que estão influenciando a regressão (outliers) para pontos extremos. Deve-se ter atenção com pontos que caiam acima dos cantos superior e inferior direito (fora da linha pontilhada mais externa), determinada pela distância de Cook.

Com base nos plots acima, o que você achou? Repita a análise e o diagnóstico da regressão realizando transformações dos dados (por exemplo, log).

É importante ressaltar que estes plots de diagnóstico são apenas visuais e servem para uma visão global dos pressupostos da regressão. Algumas análises com poucos pontos podem não ser efetivas para se determinar com segurança se a análise atende aos pressupostos ou não. Para ter um pouco mais de objetividade, vamos realizar um teste de normalidade dos resíduos, o teste de Shapiro-Wilk:

```
> modelo1$residuals # resíduos do modelo
> shapiro.test(modelo1$residuals)

Shapiro-Wilk normality test
data:  modelo1$residuals
W = 0.95442, p-value = 0.7023
# há alta probabilidade dos resíduos terem a mesma
distribuição de uma distribuição normal teórica (p =
0.7023), portanto conclui-se que a distribuição dos
resíduos é normal.
```

Este teste pode ser aplicado a uma variável também, para saber se os dados originais obedecem a uma distribuição normal:

```
> shapiro.test(Temp)
Shapiro-Wilk normality test
data:  Temp
W = 0.82945, p-value = 0.02066

> shapiro.test(OD)
Shapiro-Wilk normality test
data:  OD
W = 0.95821, p-value = 0.758
```

Vamos agora ver como é realizada uma regressão múltipla. Este tipo de análise é executada quando há uma variável resposta (Y) e várias variáveis explanatórias (X1, X2, X3...). Os comandos são muito parecidos com uma regressão linear simples, sendo a única diferença que se deve colocar todas as variáveis explanatórias com um sinal de (+) entre elas:

```
> mult1<-lm(OD~Temp+Sal+N+P)
> summary(mult1)

Call:
lm(formula = OD ~ Temp + Sal + N + P)
Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.17928 -0.13788  0.08296  0.24712  0.63636
Coefficients:
```

```
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  9.140105   3.669674   2.491  0.04155 *
Temp         0.059603   0.156669   0.380  0.71490
Sal         -0.197072   0.037882  -5.202  0.00125 **
N            0.002432   0.003624   0.671  0.52364
P           -0.002879   0.016181  -0.178  0.86383
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘
’ 1

Residual standard error: 0.6015 on 7 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.8965,  Adjusted R-squared:  0.8374
F-statistic: 15.16 on 4 and 7 DF, p-value: 0.001474
```

Observe que a variável salinidade (Sal) é a única significativa. Vamos repetir a análise, suprimindo as variáveis não significativas, uma a uma, começando pela menos significativa (P). Este método de seleção de variáveis que irão compor o modelo linear é chamado de *stepwise backwards*:

```
> mult1<-lm(OD~Temp+Sal+N)
> summary(mult1)

Call:
lm(formula = OD ~ Temp + Sal + N)
Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.18172 -0.13435  0.06138  0.27564  0.60366
Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  9.259208   3.382690   2.737  0.02556 *
Temp         0.053050   0.142764   0.372  0.71985
Sal         -0.196555   0.035410  -5.551  0.00054 ***
N            0.002137   0.003021   0.707  0.49936
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1 ‘
’ 1

Residual standard error: 0.5639 on 8 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.8961,  Adjusted R-squared:  0.8571
F-statistic: 22.99 on 3 and 8 DF, p-value: 0.000275
```

A salinidade continuou significativa, mas ainda restaram duas variáveis não significativas (*Temp* e N). Vamos remover a menos significativa primeiro (*Temp*):

```
> mult1 <- lm(OD~Sal+N)
> summary(mult1)

Call:
lm(formula = OD ~ Sal + N)
```

```
Residuals:
     Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.16162 -0.17680  0.09292  0.28536  0.58464
Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 10.480918   0.756635  13.852 2.25e-07 ***
Sal         -0.187670   0.024836  -7.556 3.48e-05 ***
N            0.002120   0.002872   0.738    0.479
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1
‘ ’ 1
Residual standard error: 0.5363 on 9 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.8943,  Adjusted R-squared:  0.8708
F-statistic: 38.06 on 2 and 9 DF, p-value: 4.063e-05
```

A salinidade ficou ainda mais significativa, mas ainda restou o nitrogênio, que não é significativo. Por último removeremos esta variável, resultando numa regressão linear simples, que já foi realizada nos exemplos anteriores.

Vamos realizar um segundo exemplo com o conjunto de dados *trees*:

```
> mult2 <- lm(Volume~Girth+Height,data=trees)
# observe que o comando data=trees é necessário para
indicar onde estão as variáveis porque não foi usado o
attach(trees).

Call:
lm(formula = Volume ~ Girth + Height, data = trees)
Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-6.4065 -2.6493 -0.2876  2.2003  8.4847
Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) -57.9877     8.6382  -6.713 2.75e-07 ***
Girth         4.7082     0.2643  17.816  < 2e-16 ***
Height        0.3393     0.1302   2.607   0.0145 *
---
Signif. codes:  0 ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05 ‘.’ 0.1
‘ ’ 1
Residual standard error: 3.882 on 28 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.948,   Adjusted R-squared:  0.9442
F-statistic:   255 on 2 and 28 DF, p-value: < 2.2e-16
```

Observe neste caso que as variáveis (*girth* e *height*) são significativas para determinar o volume das árvores. Vamos incluir um termo de interação entre elas para verificar se este também é significativo:

```
> mult3 <- lm(Volume~Girth+Height+Girth:Height,data=trees)
# outra forma de incluir o termo de interação é através de
```

```
mult3 <- lm(Volume~Girth*Height,data=trees)

Call:
lm(formula = Volume ~ Girth + Height + Girth:Height, data
= trees)
Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-6.5821 -1.0673  0.3026  1.5641  4.6649
Coefficients:
             Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  69.39632   23.83575   2.911  0.00713 **
Girth        -5.85585    1.92134  -3.048  0.00511 **
Height       -1.29708    0.30984  -4.186  0.00027 ***
Girth:Height  0.13465    0.02438   5.524 7.48e-06 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 '
' 1
Residual standard error: 2.709 on 27 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9756,  Adjusted R-squared:  0.9728
F-statistic: 359.3 on 3 and 27 DF, p-value: < 2.2e-16
```

Observe que o termo de interação é muito significativo, porém há um incremento grande em complexidade do modelo. Pelo princípio da parcimônia só se justifica manter um modelo mais complexo caso ele resulte em incrementos significativos em explicação. Vamos testar se há diferença significativa entre os modelos:

```
> anova(mult2, mult3)

Analysis of Variance Table

Model 1: Volume ~ Girth + Height
Model 2: Volume ~ Girth + Height + Girth:Height
  Res.Df    RSS Df Sum of Sq      F    Pr(>F)
1     28 421.92
2     27 198.08  1    223.84 30.512 7.484e-06 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1
' ' 1
```

Os dois modelos são significativamente diferentes, portanto justifica-se adotar o modelo mais complexo contendo a interação.

Estatística Multivariada: análise de cluster e métodos ordenação

Enquanto que a estatística uni e bivariada analisa como uma ou diversas variáveis independentes (x) influenciam uma única variável dependente (y), na multivariada podemos também ter diferentes variáveis resposta (vários Y). Nestes casos, a estatística normalmente trabalha no ordenamento em 2 ou 3 dimensões das

variáveis com maior variância (como no caso da análise de componentes principais; PCA). Esta redução à bidimensionalidade normalmente acarreta perda de informação; mas, por outro, simplifica tanto à n-dimensionalidade quanto à interpretação correta dos gráficos.

Dentre uma gama de possibilidades, devido à proposta introdutória deste documento, iremos nos focar em apenas três tipos de análises multivariadas: cluster, análise de componentes principais e ordenamento multidimensional não métrico. O foco, entretanto, será nos comandos do R e no produto gráfico gerado; e não no mérito lógico da estatística, o qual deixaremos para outra oportunidade.

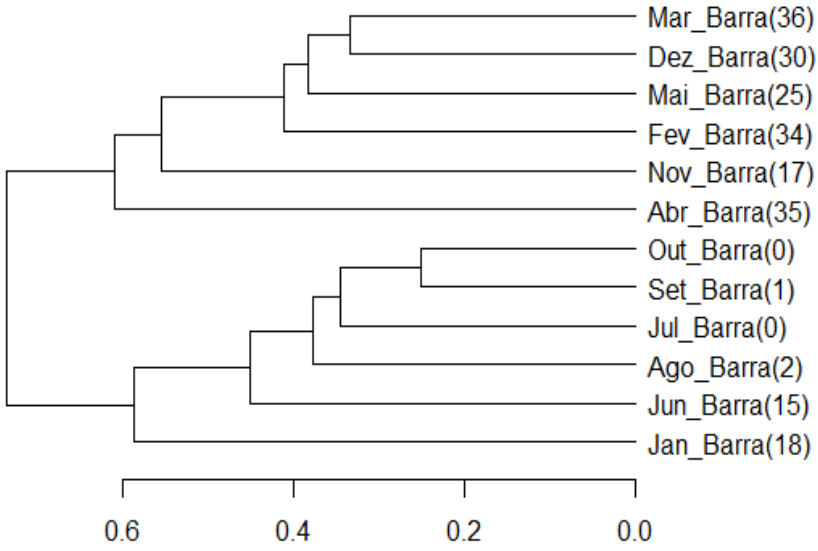
Análise de agrupamento (cluster)

Uma das análises multivariadas exploratórias mais simples é a análise de agrupamento, que cria um dendrograma de relações entre as unidades amostrais, baseado na similaridade ou dissimilaridade (distância) entre elas. Existem inúmeras medidas de similaridade e dissimilaridade (índices ecológicos), como por exemplo Jaccard, Bray-Curtis, distância Euclidiana, distância de Hellinger etc. A discussão sobre critérios de seleção de qual o melhor índice está além dos objetivos desta apostila; aqui iremos apresentar uma demonstração de uma aplicação, lembrando sempre que o usuário tem grande liberdade para ajustar todos os parâmetros ideais para seu caso.

Vamos trabalhar com um novo conjunto de dados: análise de *fingerprinting* (*Temporal Temperature Gradient Gel Electrophoresis*) de bactérias planctônicas na barra do estuário da Lagoa dos Patos ao longo de um ano (junho de 2010 a maio de 2011). Durante o período houve uma transição de um evento de El Niño para um de La Niña, fenômeno este que afeta drasticamente a salinidade do estuário. Uma vez que a composição das bactérias é fortemente afetada pela salinidade, a hipótese é de que a composição da comunidade bacteriana irá apresentar variações no período. Para ter acesso ao banco de dados, abra a planilha “Cluster_TTGE_Barra” e copie para a área de transferência os dados, carregando no R:

```
> TTGE <- read.table("clipboard",row.names=1,header=F)
> TTGE
# observe a estrutura dos dados. Note que os dados são de
presença/ausência para cada Unidade Taxonômica
Operacional (UTO) bacteriana

> TTGE.frame<-as.data.frame(TTGE)
# carregue o pacote “vegan”
> TTGE.frame.bray<-vegdist(TTGE.frame,"bray")
# vegdist calcula a matriz de distâncias entre unidades
amostrais usando a distância de Bray-Curtis. Observe a
estrutura da matriz de distâncias
> TTGE.frame.bray >TTGE.frame.bray.clust<-
hclust(TTGE.frame.bray,method="average")
# hclust seleciona o método de agrupamento, no caso
```

```
"average" é o UPGMA (Unweighted Pair Group Method with
Arithmetic Mean).
> par(mar=c(5,5,5,10))
> TTGE.dendrogram<-as.dendrogram(TTGE.frame.bray.clust)
> plot(TTGE.dendrogram, horiz=T)
# consulte os comandos vegdist para mais opções de
matrizes de distância e hclust para mais opções de
métodos de agrupamento.
```

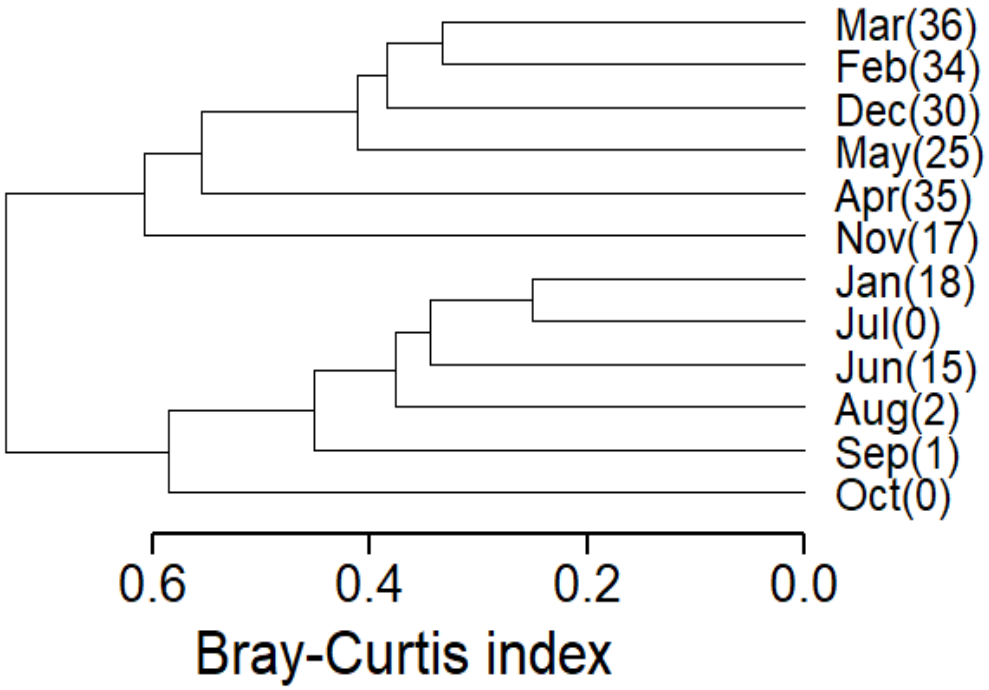


A hipótese parece consistente? Observe que foram formados dois grandes grupos, um com amostras de junho até outubro de 2010 e janeiro de 2011 e outra com amostras de novembro a dezembro de 2010 e fevereiro a maio de 2011. Com exceção da amostra de janeiro, o padrão parece bem plausível, pois as amostras do primeiro período possuem salinidade menor (0-18), enquanto que a do segundo grupo salinidade maior (17-36), com pouca sobreposição.

No entanto, podemos melhorar um pouco o layout do gráfico:

```
> labels<-c(" "," "," "," "," "," "," "," "," "," "," "," "
")
> TTGE.frame <- as.data.frame(TTGE,row.names=labels)
> TTGE.frame.bray <- vegdist(TTGE.frame,"bray")
> TTGE.frame.bray.clust <- hclust(TTGE.frame.bray,
method="ave>rage")
> TTGE.dendrogram<-as.dendrogram(TTGE.frame.bray.clust)
> TTGE.labels <-
c("Oct(0)","Sep(1)","Aug(2)","Jun(15)","Jul(0)","Jan(18)",
"Nov(17)","Apr(35)","May(25)","Dec(30)","Feb(34)","Mar(36)
")
> par(mar=c(5,5,5,6))
> plot(TTGE.dendrogram,axes=F,lwd=3,horiz=T)
> axis(1,lwd=2,cex.axis=1.75)
> axis(4,at=1:12,lab=TTGE.labels,
```

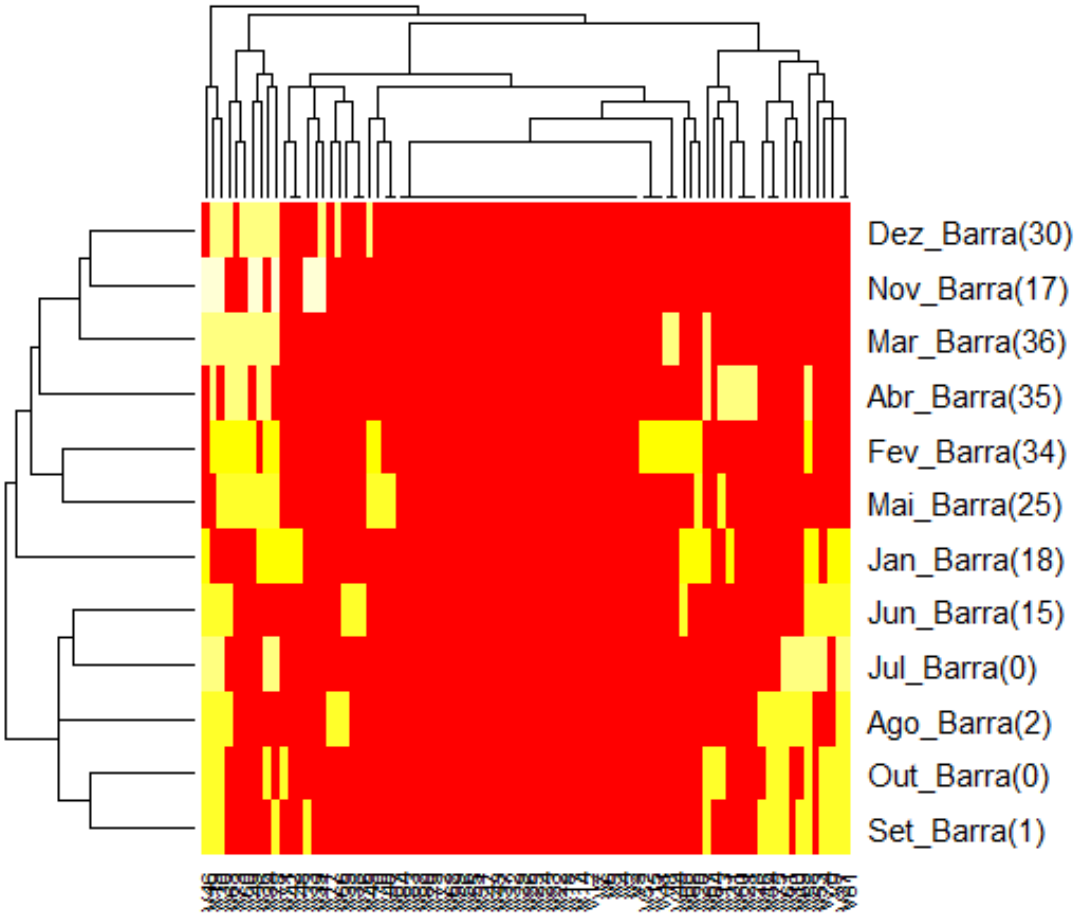
```
cex.axis=1.5,tick=F,line=-1,las=2)
> mtext("Bray-Curtis index",side=1,line=3,cex=2)

#usamos um artifício para remover os rótulos originais dos
dados para customizá-los com o comando TTGE.labels.
Suprimimos os eixos no comando plot colocando axes=F e
pedimos para o cluster ser plotado de maneira horizontal e
não vertical através de horiz=T (horiz=V é o default). Os
eixos foram posteriormente colocados um a um com os
comandos axis e o rótulo do eixo x foi adicionado através
do comando mtext indicando o índice de similaridade usado.
```



Um outro recurso interessante de análise de cluster é o `heatmap`, que plota dois dendrogramas combinados, um por unidades amostrais (à direita) e outro por variáveis (em cima), produzindo uma escala relativa com cores (*false color image*) indicando a média das linhas (unidades amostrais) e nas colunas (variáveis no centro.

Para isto vamos utilizar o data frame e forçar que seja lido como matriz através do comando `as.matrix`. Uma série de parâmetros pode ser controlada através de argumentos dentro da função `heatmap (por exemplo a ordem em que são apresentados)`, mas aqui vamos apenas indicar a distância de Bray-Curtis:

```
> heatmap(as.matrix(TTGE.frame,dist="bray") )
```



Análise de Componentes Principais

A Análise de Componentes Principais (PCA) é uma das formas mais simples e diretas de ordenar variáveis em um espaço bidimensional. O uso primário da PCA é reduzir a dimensionalidade de dados multivariados. Em outras palavras, nós usamos a PCA para criar algumas variáveis-chave que caracterizam provavelmente toda a variação dos dados. O preceito básico é que ao transpor as variáveis a dois eixos arbitrários, eles sempre serão ortogonais entre si, ou seja, não são correlacionados entre si (independentes). Os eixos estão ordenados segundo a variância (inércia) dos dados: o eixo 1 possui a maior parte da variância dos dados, enquanto o eixo 2 a segunda e assim sucessivamente.

Vamos agora apresentar um dos modos de se fazer uma PCA no R, bem como plotar o resultado. Como exemplo, vamos utilizar um conjunto de dados oriundos trabalho de MacLaren *et al.* (2017) sobre a disparidade das mandíbulas de dinossauros herbívoros.

Primeiramente, como todos os casos, vamos fazer o upload dos dados para o R. Vamos seguir o comando padrão, muito embora existam diversos modos de se fazer este passo. Nesta altura vocês já podem tomar a decisão sobre quais os comandos preferem para fazer a inserção de dados no R.

```
> myd <- read.csv("MacLaren.csv", na.strings="?") # notem
o "?" ao invés do ";"
```

Como os dados não são conhecidos da maioria dos leitores, sempre é importante fazermos esta primeira análise que chamamos: conhecendo a estrutura dos dados. No R, estes são alguns dos comandos, os quais já foram previamente apresentados:

```
> str(myd)
> dim(myd)
> head(myd)
> summary(myd)
```

Neste conjunto de dados, temos medidas morfométricas da mandíbula de diversas espécies de dinossauros herbívoros. No total, temos 167 observações. Como citado, o objetivo primário da PCA é reduzir estas variáveis (medidas morfométricas) dentro de um espaço bidimensional, ordenando de acordo com a maior variância destas medidas. Na PCA, que usa distância euclidiana, é importante que todas as medidas estejam na mesma unidade, como é o caso deste exemplo.

O primeiro passo é colocarmos em um novo dataframe apenas as colunas com as observações dos caracteres morfológicos das mandíbulas dos dinossauros. Um exemplo:

```
> data <- myd[, 4:14] # 15 variáveis morfométricas
> group <- factor(myd$Higher.Taxonomy)
#grupos de dinossauros
```

Para reduzir a alta variação dos dados, vamos antes de realizar a PCA, utilizar um método de transformação dos dados:

```
> pca <- decostand(na.omit(data), method = "standardize")
# note que excluímos os dados que estão assinalados como
NAs
# veja mais na ajuda da função decostand do pacote
"vegan".
```

Existem diversos modos de se fazer uma PCA no R. Apresentamos aqui uma destas possibilidades. Vocês irão perceber que, embora a PCA seja uma análise simples e direta, é necessário certo conhecimento de estatística para extrair os resultados corretos no R. O primeiro comando já requer isto:

```
> r2pca <- princomp(x=pca, cor=F, scores=T)
# Este é um comando para uma PCA baseado em uma matriz de
covariância (a mais usual). Por isto, o argumento "cor="
foi assinalado como "F" (False). "cor=T" retornaria uma
PCA baseada em uma matriz de correlação.
```

A PCA retorna autovetores (mais relacionados à direção) e autovalores (relacionados à variância). Deste modo que estamos ilustrando a PCA, precisamos extrair estes resultados (veja a importância da manipulação de dados no R):

```
> r2vectors <- r2pca$loadings # autovetores
> r2values <- r2pca$sdev^2    # autovalores
> r2scores <- r2pca$scores # escores dos eixos
```

Podemos também ver os eixos da PCA:

```
> head(r2pca$scores)
```

Existe um comando para centralizar os eixos em torno do zero:

```
> PCscores <- scale(r2scores)
```

Agora, vamos transformar os escores dos autovalores dos três primeiros eixos em porcentagem e de forma concomitante, utilizar um modo diferente de dar nome aos eixos:

```
> xlab=paste("PC1
[",100*round(r2values[1]/sum(r2values),3),"%]", sep="")
> ylab=paste("PC2
[",100*round(r2values[2]/sum(r2values),3),"%]",sep="")
> zlab=paste("PC3
[",100*round(r2values[3]/sum(r2values),3),"%]",sep="")
```

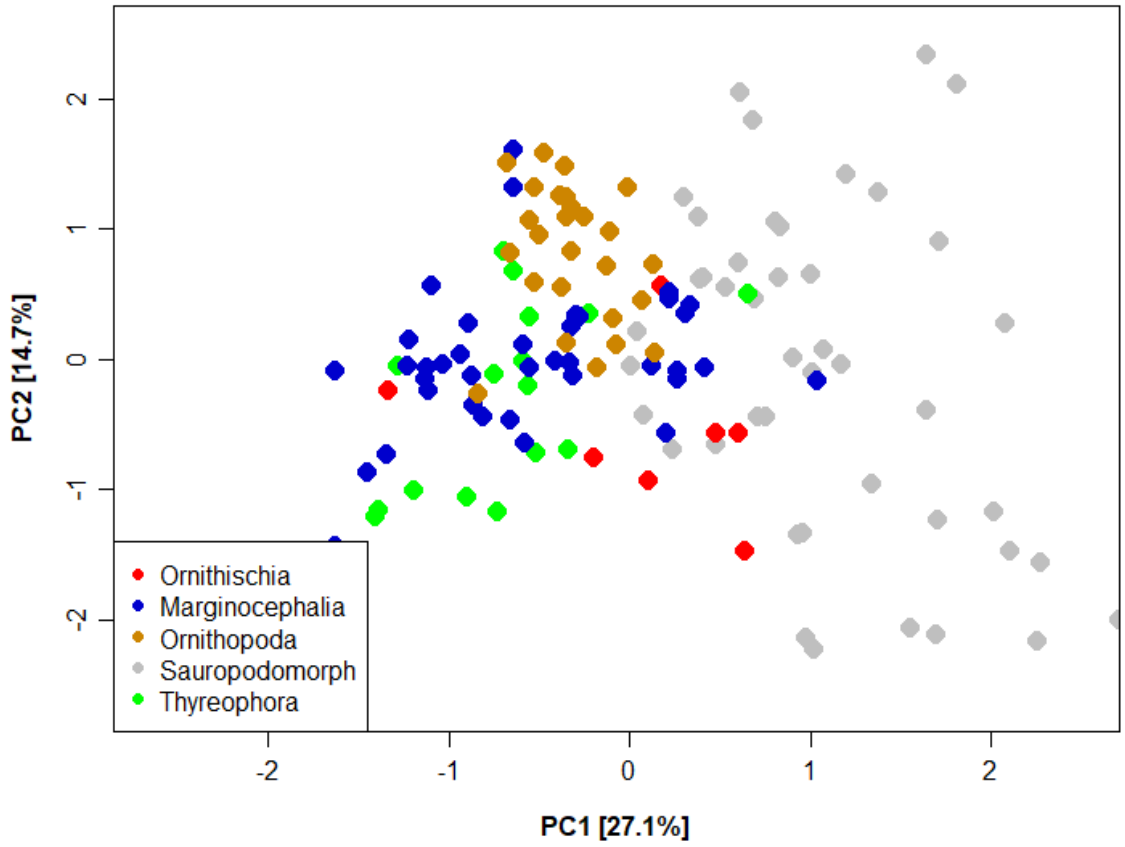
Vamos, antes de plotar a PCA, assinalar a um vetor com os nomes dos grupos de dinossauros:

```
> name_groups <- c("Ornithischia", "Marginocephalia",
"Ornithopoda", "Sauropodomorph", "Thyreophora")
```

Agora sim, vamos plotar a PCA:

```
> op <- par(mfcol=c(1,1), mar=c(4,4,2,1), mgp=c(2.5,
0.75, 0))
> plot(PCscores[,1],PCscores[,2], xlab=xlab, ylab=ylab,
cex=1.6, pch=16, col=c("red", "blue3", "orange3",
"grey75", "green")[group], ylim=c(min(PCscores[,1]),
max(PCscores[,1])), font.lab=2)
> legend("bottomleft", name_groups, col=c("red", "blue3",
"orange3", "grey75", "green"), text.col = "black",
pch=16, cex=1.0, xpd=T)
> op(par)
```

O resultado gráfico será este:



De forma bem resumida, percebam que o eixo 1, aquele que possui a maior parte da variação dos dados, representa 27% da variância, seguido pelo eixo 2 (14.7%). Como exercício, tentam plotar o eixo 1 (x) versus o eixo 3 (y). Como ficou o resultado?

Aqueles que já viram uma PCA antes podem estranhar o formato do gráfico. Uma PCA tradicional poderia ser plotada com o comando abaixo, seguido do resultado gráfico:

```
> biplot(r2pca) # confira o resultado
```

Não obstante, existem ainda outros modos de plotar uma PCA e outras formas de realizar esta análise no R. Como estamos sistematicamente enfatizando, aqui são apresentadas algumas operações apenas como uma primeira introdução à linguagem e aos comandos básicos, sem detalhar as idiossincrasias de cada análise, bem como as possíveis derivações. Por favor, para tópicos mais avançados consulte outros documentos e bibliografias listadas nas referências.

Escalonamento multidimensional não métrico

O escalonamento multidimensional não métrico (MDS, também NMDS e NMS) é uma técnica de ordenação que difere de quase todos os outros métodos de ordenação (como o que vimos anteriormente). Na maioria dos métodos de ordenação,

muitos eixos são calculados, mas apenas alguns são visualizados, devido a limitações gráficas. Em contrapartida, no NMDS, um pequeno número de eixos é explicitamente escolhido antes da análise (observe isto nos argumentos da função que executa o NMDS abaixo). Segundo a maioria dos outros métodos de ordenação são analíticos e, portanto, resultam em solução única para um determinado conjunto de dados. Em contraste, o NMDS é uma técnica numérica que busca uma solução de forma iterativa e a computação é finalizada quando uma solução aceitável for encontrada, ou depois de um número de tentativas, que também é explicitado a priori (também através de um argumento específico, no caso do R). Como resultado, o NMDS não é uma solução única. Uma análise subsequente do mesmo conjunto de dados seguindo a mesma metodologia provavelmente irá resultar em uma ordenação um pouco diferente. Isto pode ser mais evidente em conjunto de dados com um menor número de observações.

Ademais, o NMDS não produz nem um autovetor nem um autovalor como análise na análise de componentes principais (PCA); ou ainda como na análise de correspondência (CA) que ordena os dados de tal forma que o eixo 1 explica a maior parte variância, enquanto o eixo 2 explica a segunda maior variância e assim subsequentemente. Como resultado, a ordenação NMDS pode ser girada, invertida ou centrada em qualquer configuração desejada.

O NMDS tem como rotina encontrar o resultado mais simples possível em termos de ordenação. Além disto, é possível a utilização de qualquer índice de associação (Bray-Curtis, Euclideana, Manhattan etc.). O NMDS não gera um valor probabilístico (como um valor de *p*), mas apenas um valor de STRESS, oriundo da soma residual dos quadrados da diferença entre os valores reais em relação àqueles gerados pelo modelo linear mais simples encontrado. Não existe um valor limítrofe de STRESS; mas, quanto menor o valor de STRESS, mas próxima está a relação entre as distâncias reais e as diferenças no NMDS. Vamos tentar visualizar um pouco disto no R, e aproveitar para aprender os comandos neste tipo de análise. Para tal, vamos voltar aos dados dos insetos (objeto chamado “meusdados”) para ilustrar como realizar uma análise de ordenamento nMDS, bem como o gráfico resultante. Vamos tentar explorar diversos tipos de manipulação de dados antes, como uma forma de revisarmos alguns comandos. Antes de tudo, vamos relembrar quais variáveis estes dados tinham:

```
> head(meusdados)
> dim(meusdados)
[1] 101  35
```

Basicamente, existem colunas de dados ambientais (categorias) e variáveis relacionadas às espécies de insetos (abundância). Podemos separar estas colunas em dois subconjuntos, um representado apenas as espécies e outros as demais informações:

```
> sp <- meusdados[, 5:34]
> var_amb <- meusdados[, 1:4]
```

Arbitrariamente, ainda, poderíamos excluir algumas linhas e colunas que apresentam poucas observações ou poucas espécies, respectivamente:

```
> n <- 10
> o <- 2
```

Podemos, então, excluir este conjunto de dados (isto deve ser feito para os dois subconjuntos):

```
> X <- which(colSums(sp>0)<=o)
> Y <- which(rowSums(sp)<=n)

> Data1 <- sp[-c(Y),-c(X)]
> grupos <- var_amb[-c(Y), ]
```

Vamos verificar com quantas linhas (observações) e com quantas variáveis nossos dados ficaram após estas exclusões. Quantas foram excluídas?

```
> dim(meusdados) - dim(Data1)
```

Muitas vezes, antes da análise propriamente dita, pode ser interessante transformarmos nossos dados. Aqui segue uma modificação chamada de dupla transformação. Para saber mais leia a ajuda do comando `deconstand()`.

```
> Data2 <- decostand(Data1, "max") #divide todos os
valores pelo valor máximo encontrado em uma linha
> NMDSdata <- decostand(Data2, "total") #divide todos os
valores pelo valor máximo encontrado nas colunas
```

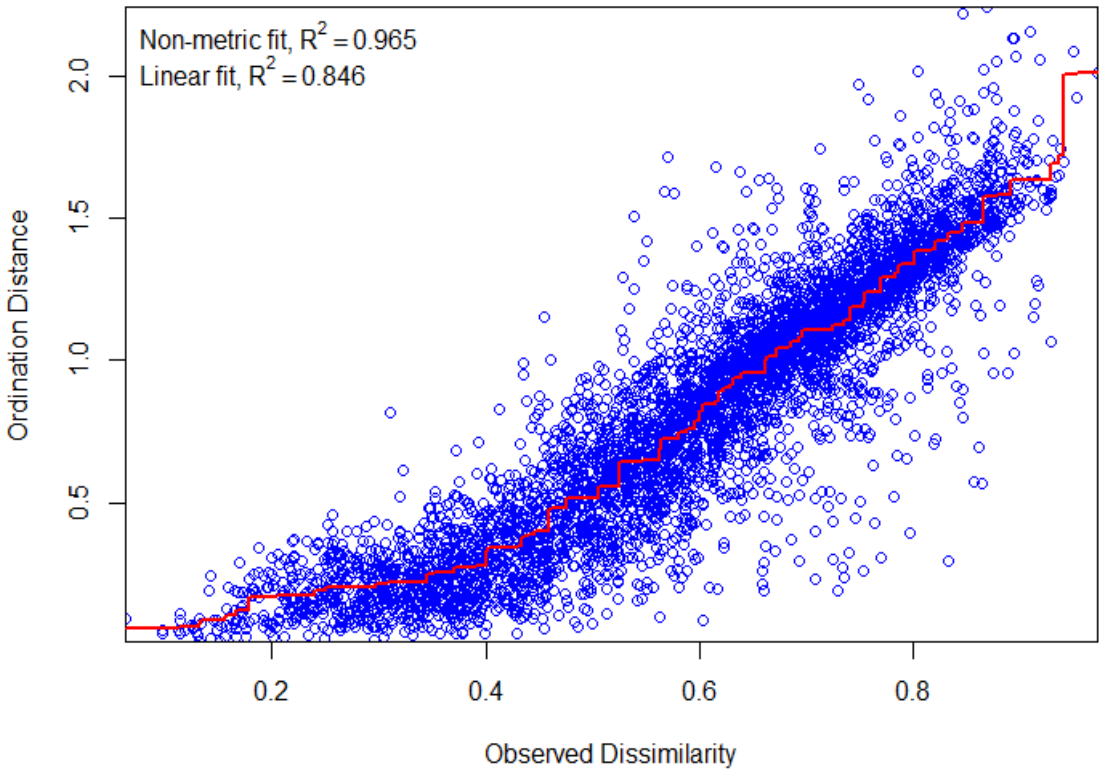
A execução de um nMDS é variável também. Particularmente, preferimos realizar em dois passos. Rodar uma primeira análise e depois novamente sobre os melhores resultados da anterior. Isto não é, todavia, muito comum, mas sim uma particularidade que varia de cientista para cientista.

```
> initial_nMDS1 <- metaMDS(NMDSdata, distance="bray",
k=2, trymax=100)
> nMDS1 <- metaMDS(NMDSdata, previous.best =
initial_nMDS1, k=2, trymax=100)
# Como informamos anteriormente, é possível informar ao R
tanto quantas dimensões queremos (k=), como também
quantas vezes ele irá procurar pelo resultado mais
simples (trymax=). Teoricamente, quanto mais dimensões
(eixos) pedirmos, menor o valor de STRESS. Lembrando que
apenas dois eixos serão ilustrados. Portanto, deixe claro
ao leitor quantos eixos foram arbitrariamente escolhidos.
```

Antes de plotar o resultado final do NMDS, vamos ter uma ideia básica de como

é calculado o valor de STRESS, em termos gráficos. Utilize o comando abaixo e observe a relação entre os dados observados e aqueles oriundos da ordenação:

```
> scarplott(nMDS1)
```

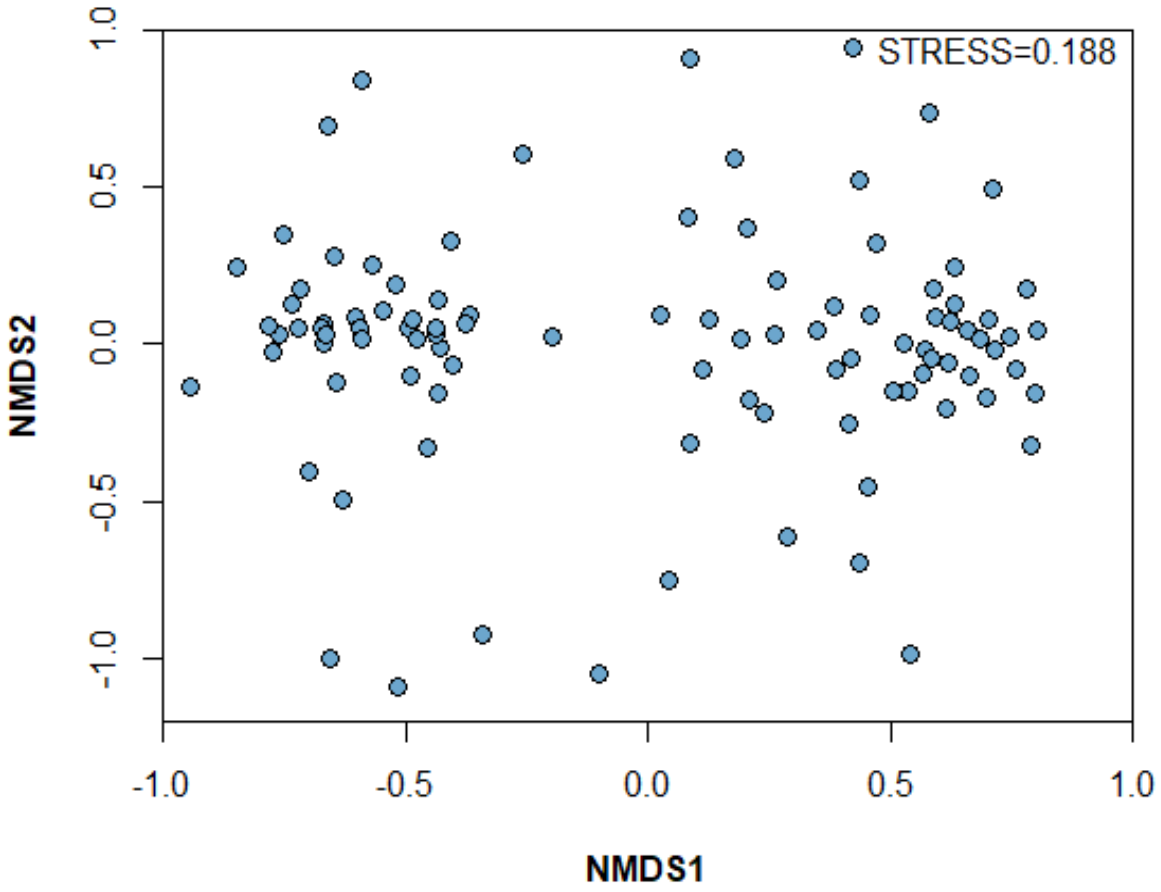


Tente aumentar arbitrariamente tanto o número de dimensões (`k`) quanto de número de interações (`trymax`) e observe como o `stressplot` pode variar, refletindo no valor de STRESS do NMDS.

Agora, finalmente, podemos plotar o resultado gráfico do nMDS. Segue um exemplo de como fazer isto:

```
> op <- par(mar=c(4,4,1,1))
> plot(nMDS1$points[,1], nMDS1$points[,2], font.lab=2,
pch=21, bg="skyblue3", xlab='NMDS1', ylab='NMDS2',
cex=1.6, main="", xlim=c(-1, 1), ylim=c(-1.2, 1))
mtext(side=3, line=-1, adj=0.98,
paste('STRESS=',round(nMDS1$stress, 3),sep=''), cex=1.0)
> par(op)
```

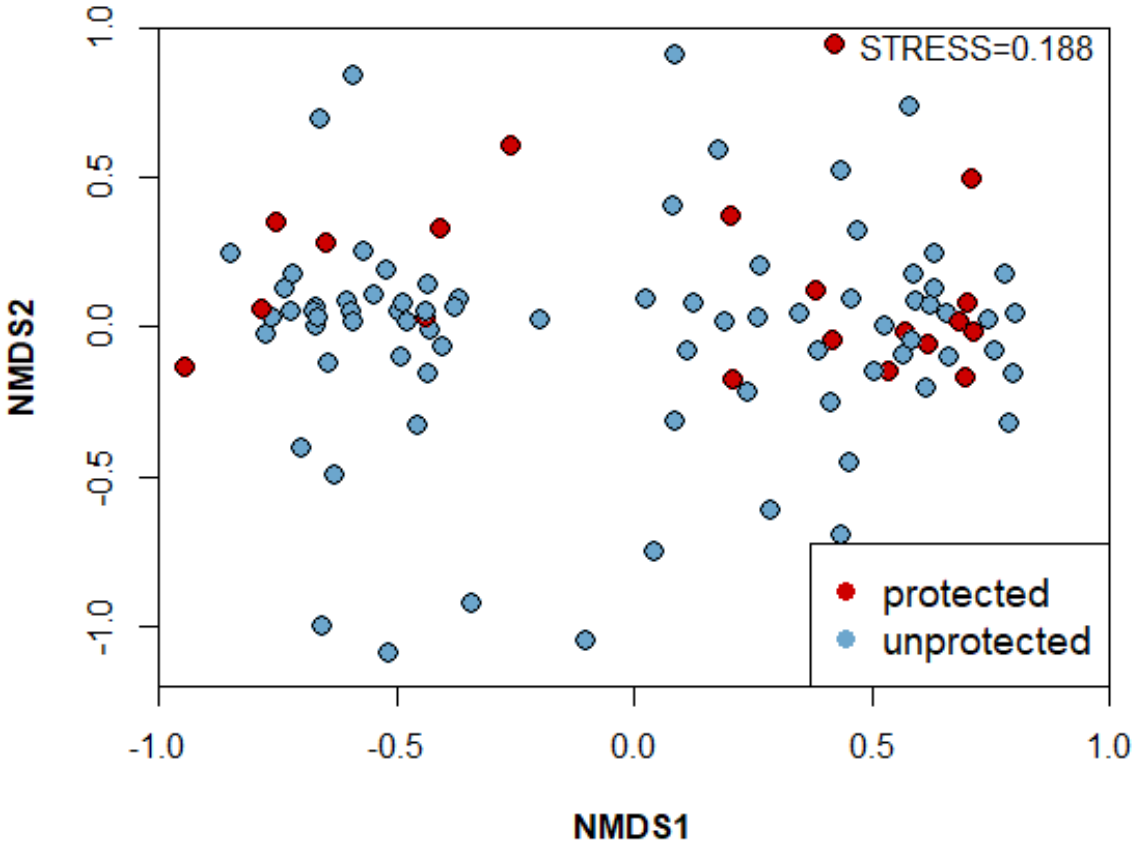
O resultado gráfico será aproximadamente o seguinte:



Um recurso interessante em gráficos de ordenamento é colorir cada observação conforme algum fator de interesse. Aqui, poderíamos colorir em relação ao status dos locais de coleta em termos de áreas protegidas e não protegidas. Isto é facilmente possível manipulando argumentos que já foram inseridos neste gráfico, como veremos a seguir. Dica: o R sempre coloca vetores de caracteres em ordem alfabética.

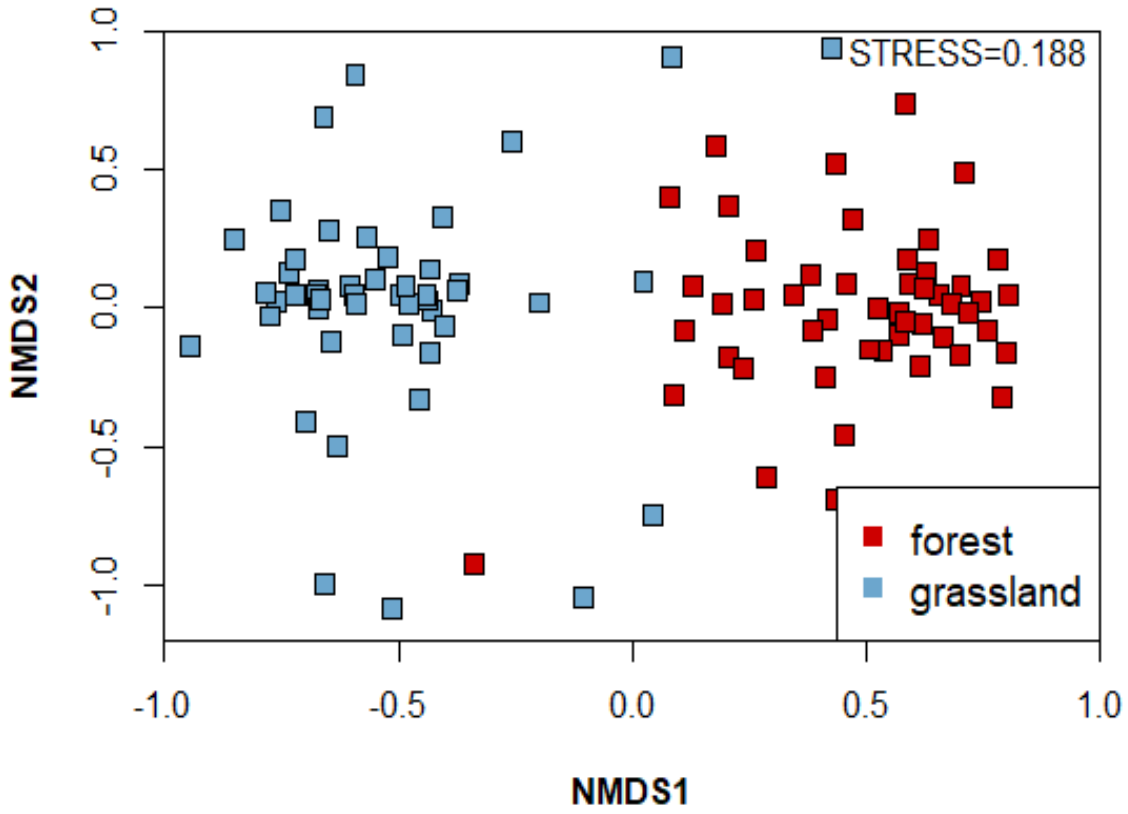
```
> op <- par(mar=c(4,4,1,1))
plot(nMDS1$points[,1], nMDS1$points[,2], font.lab=2,
pch=21, bg=c("red3", "skyblue3")[grupos$status],
xlab='NMDS1', ylab='NMDS2', cex=1.4, main="", xlim=c(-1,
1), ylim=c(-1.2, 1))
> mtext(side=3, line=-1, adj=0.98,
paste('STRESS=',round(nMDS1$stress, 3),sep=''), cex=1.0)
> legend("bottomright", c("protected", "unprotected"),
col=c('red3', "skyblue3"),
       text.col = "black", pch=16, cex=1.2, xpd=T)
```

Observe que adicionamos um comando de legendas. O resultado final será provavelmente este:



Agora, podemos tentar com outros fatores, tal como o hábitat (*forest*, *grassland*). Vamos adicionar alguns outros argumentos possíveis para incrementar o gráfico. Veja os comandos abaixo.

```
> op <- par(mar=c(4,4,1,1))
> plot(nMDS1$points[,1], nMDS1$points[,2], font.lab=2,
pch=22, bg=c("red3", "skyblue3")[grupos$habitat],
xlab='NMDS1', ylab='NMDS2', cex=1.4, main="", xlim=c(-1,
1), ylim=c(-1, 1))
> mtext(side=3, line=-1, adj=0.98,
paste('STRESS=',round(nMDS1$stress, 3),sep=''), cex=1.0)
> legend("bottomright", c("forest", "grassland"),
col=c('red3', "skyblue3"), text.col = "black", pch=17,
cex=1.2, xpd=T)
```



É possível visualizar que as espécies parecem se distribuir de forma relativamente padronizada entre os dois habitats (ao contrário do fato de a área ser protegida ou não; gráfico anterior). Para saber se estes grupos são diferentes, precisamos realizar um teste estatístico multivariado para verificar se a hipótese nula é verdadeira ou falsa. Um teste muito utilizado e válido neste caso é a Análise de variância com permutação (PERMANOVA, na sigla em inglês). A função que realizada a PERMAVA é a `adonis()`, e faz parte do pacote "`vegan`", Veja os comandos abaixo:

```
> permanova <- adonis(NMDSdata ~ grupos$habitat,
permutations=999, distance='bray')
> permanova    # confira os resultados
> str(permanova) # observe como os resultados estão
otaganizados
```

Um ponto importante no R é extrair de uma análise apenas as informações que sejam importantes naquele momento, as quais podemos ainda adicionar no gráfico. Por exemplo, para extrair o valor de F e o valor de *p* da PERMANOVA, poderíamos utilizar os seguintes comandos:

```
> obs.F <- permanova$aov.tab$F.Model[1] # valor de F
> p.value <- permanova$aov.tab$Pr[1]    # valor de p
```

Com isto, podemos adicionar alguns novos argumentos ao gráfico. Veja o

resultado destes comandos:

```
> op <- par(mar=c(4,4,2,1))
> plot(nMDS1$points[,1], nMDS1$points[,2], font.lab=2,
pch=22, bg=c("red3", "skyblue3")[grupos$habitat],
xlab='NMDS1', ylab='NMDS2', cex=1.4, main="", xlim=c(-1,
1), ylim=c(-1.2, 1))
> ordihull(nMDS1,
groups=grupos$habitat,draw="polygon",col=c("grey90",
"grey75")[grupos$habitat],label=F)
> mtext(side=3, line=-1, adj=0.98,
paste('STRESS=',round(nMDS1$stress, 3),sep=''), cex=1.0)
> mtext(side=3, line=0.2, adj=0.5, paste('PERMANOVA, p=',
round(p.value, 3), ', F=',round(obs.F,  3), sep=''),
cex=1.0)
> legend("bottomright", c("forest",
"grassland"),col=c('red3', "skyblue3"),
  text.col = "black", pch=17, cex=1.2, xpd=T)
> par(op)
```

O que você encontrou?

Introdução a séries temporais

Séries temporais são usualmente decorrentes de coleta de informações a longo prazo, como os programas ecológicos de longa duração (PELDs). Aqui, iremos trabalhar com dados artificialmente criados, com o objetivo adicional de enriquecer o vocabulário R dos leitores.

Em nosso exemplo, vamos criar um conjunto de dados fictício que simula o tempo de leitura (em minutos) por dia de um aluno de graduação ao longo do primeiro ano de curso.

```
> dias <- 1:365 # números representando 365 dias do ano
> leitura <- dias/365+2*runif(365,0,(1:365)/10)# cria 365
valores que representam minutos de leitura
```

A série de comandos abaixo irá trabalhar com loops, isto é, funções que repetem uma análise ao longo de uma série especificada. Muito embora os comandos pareçam mais complicados, eles são intuitivos:

```
> resultado <-NULL  # criar um objeto para alocar valores
apenas depois

> n <- length(dias) # um modo de não ficarmos limitados a
um valor, mas sim ao número total de valores de um vetor
```

Aqui, abaixo, vem a parte mais complicada do script. Aqui, vamos utilizar a função `for()`, o qual tem esta estrutura básica:

```
> for(i in conjunto de valores){
  # comandos que
  # serão repetidos
                                }
```

Por exemplo:

```
> for(i in 1:5){
  print(letters[i])
}
[1] "a"
[1] "b"
[1] "c"
[1] "d"
[1] "e"
```

No nosso exemplo, vamos tentar dividir este tempo de leitura a cada 7 dias (série semanal). Para isto, podemos adaptar a lógica do argumento para:

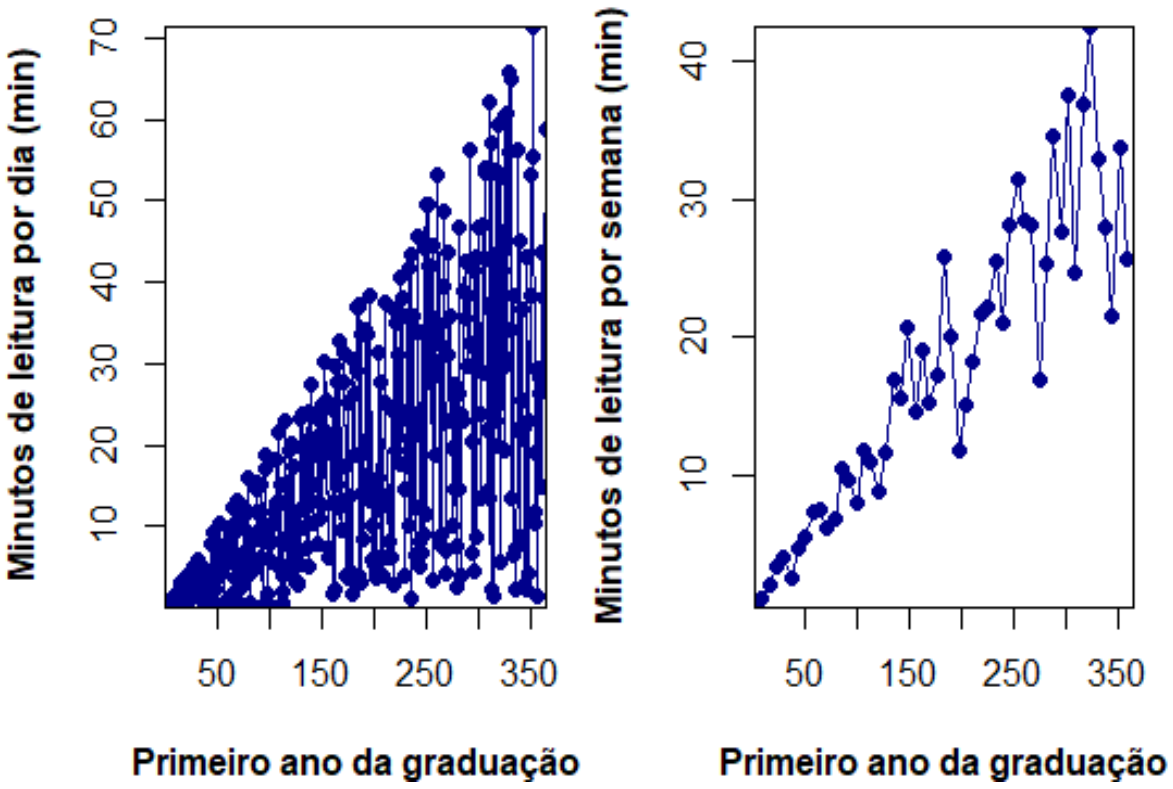
```
>  for (i in seq(1, n ,7)) {
# definimos que o loop será a cada 7 dias. O { define o
início dos argumentos de uma função, como veremos a
seguir

mediasemanal <- cbind(i,mean(leitura[i:(i+6)]))
# aqui estamos dizendo para o R extrair um valor médio a
cada 7 dias; note o detalhe da soma (i + 6), o que soma 7
dias de observações

resultado <- rbind(resultado, mediasemanal)
}

> resultado # Observe o resultado
```

Uma vez que temos valores de tempo de leitura a cada 7 dias, podemos criar um gráfico que representa isto. O uso de gráficos para analisar séries temporais é sempre bem-vindo. Vamos criar dois gráficos em um único painel. O primeiro gráfico irá mostrar a variação diária do tempo de leitura, enquanto que o segundo irá utilizar o resultado da média semanal. Os comandos poderiam ser os seguintes:

```
> op <- par(mfrow = c(1, 2),
mar=c(4,4,3,1),xaxs="i",yaxs="i") #painel

#Gráfico 1 - Por dia
> plot(dias, leitura,pch=16, cex=0.95, col="dark
blue",type="o",xlab="Primeiro ano da graduação",
ylab="Minutos de leitura por dia (min)", main=NULL,
font.lab=2)
```

```
#Gráfico 2 - Por média semanal
> plot(resultado[,1],resultado[,2],pch=16, cex=0.95,
col="dark blue", type="o", xlab="Primeiro ano da
graduação", ylab="Minutos de leitura por semana (min)",
main=NULL, font.lab=2)
> par(op)
```

O resultado para estes comandos será o seguinte gráfico:



Criando sua própria função

Uma das grandes vantagens do R é a liberdade de criação. Como um escritor, ou um artista, um cientista de dados pode, dependendo do seu conhecimento prévio, compor novas funções que atendem às demandas específicas de sua pesquisa; Este tópico, um pouco avançado dentro do objeto primordial deste documento, é uma primeira exposição do poder do R aos usuários iniciantes.

O comando básico para criar uma função é o seguinte:

```
> minhafunção <- function(x) {      }
```

Note que nada foi especificado. Dentro das chaves é possível especificar qual tipo de cálculo (ou atributos lógicos) você quer que a função realize com “x”, que pode ser um vetor, dataframe, matriz etc.

Por exemplo, podemos fazer uma função que calcule o valor de “x” elevado ao quadrado:

```
> X2 <- function(a) {   a^2    }
> X2(10)
[1] 100
```

Outro exemplo um pouco menos simples é uma função que calcula a média final de um conjunto de notas de uma disciplina e ainda assinala o conceito final para cada aluno. Os conceitos finais aqui utilizados, por praticidade, são aqueles aplicados pela UFRGS, sendo atribuído A (ótimo) para notas finais acima de 9.0, conceito B (bom), nota final entre 7.5 e 8.9, conceito C (regular), entre 6.0 e 7.4, e notas finais menores que 6, conceito D (reprovado).

```
> conceitofinal <- function(x) {y=mean(x)
{ifelse (y >= 9.0, "A", ifelse(y >= 7.5 & y <= 8.9, "B",
      ifelse(y >= 6.0 & y <= 7.4, "C", "D")))
  }}

 # o ifelse funciona com os seguintes argumentos (ifelse,
condição, Sim, Não). Note que o “sim” e o “não” pode ser,
novamente, o argumento ifelse.
```

Vamos utilizar um dataframe com a notas parciais de três avaliações de 10 alunos de uma disciplina de graduação (todos os dados são fictícios):

```
> notas <- read.csv("notas201X.csv") #lembre-se que
talvez seja necessário adicionar o argumento sep=”;”.
```

Vamos, por praticidade, adicionar uma nova coluna aos dados com as notas finais (médias das notas parciais), para fazer uma conferência dos conceitos aferidos no próximo comando:

```
> notas$NF <- apply(notas[,2:4], 1, mean)
```

Agora, vamos utilizar a função que criamos para adicionar os conceitos:

```
> notas$Conceito_Final <- apply(notas[,2:4], 1,
conceitofinal)
```

```
> head(notas) # conferir se a NF corresponde ao conceito
assinalado.
```

Ademais, seria útil exportar estes dados para uma planilha do excel para depois enviar aos alunos. Existem formas muito simples de se fazer isto, como o comando abaixo:

```
> write.csv(notas, "Notas__Finais__2019.csv")
# O arquivo,  "Notas__Finais__2019.csv", será exportado,
assim como no caso das figuras, para a pasta que é o
diretório de trabalho do R. Você pode conferir através do
comando getwd().
```

Agora vamos demonstrar uma função mais completa que utiliza aqueles dados prévios da série temporal de leitura por dia durante o primeiro ano da graduação. O objetivo da função é simples; ao invés de utilizar três linhas de comando, vamos colocar tudo dentro de uma única função. Note que a lógica é a mesma dos comandos utilizados na análise de séries temporais:

```
> serietemporal <- function(x, y, serietemporal,
intervalo) {
          timedata <- NULL
          vardata  <- NULL
          for (i in seq(1, serietemporal-intervalo,
intervalo)) {
          timedata <- c(timedata, x[i])
          vardata <- c(vardata, mean(y[i:(i + intervalo-
1)]))
          result <- cbind(timedata, vardata) }
     return(result)       }
```

Vamos testar a função, pedindo para ela calcular uma média de leitura a cada 30 dias:

```
> teste30 <- serietemporal(dias, leitura, 365, 30)
> teste30
# Veja o resultado
```

Agora, podemos plotar o resultado, que é bem similar àqueles que fizemos previamente com as séries temporais.

```
> plot(teste30, pch=16, cex=0.95, col="dark blue",
type="o",xlab="Primeiro ano da graduação", ylab="Minutos
de leitura por mês (min)",  main="", font.lab=2)
```

Confere com o que você esperava?

Considerações finais

Como reportado no início deste documento, o objetivo primário desta introdução é apresentar tanto as funções quanto os argumentos mais comuns que podem ser muito úteis a um iniciante no R. Longe de esgotar qualquer conhecimento sobre o assunto, muitos dos comandos aqui empregados representam o estilo dos autores e, muitas vezes, existem outros modos de realizar a mesma operação. Nós mesmos compartilhamos muitas diferenças em realizar as mesmas operações e adotamos aqui consensos em alguns pontos. Este é um indicativo claro da gama de possibilidades que é trabalhar com R, além de divertido.

O R carece de uso constante e encarar novos desafios nesta plataforma aumentam nossa vivência, assim como no aprendizado de uma nova língua além da materna. É possível criar uma infinidade de resultados no R. Isto apenas demonstra o quanto podemos ainda aprender. São diversos os tipos de usuários; alguns aprendem apenas operações básicas que mais usam no dia a dia, assim como terá alguns que irão fazer de tudo para tornar cada linha de script mais elegante e prática possível.

Assim como este humilde documento, existem uma série de outras apostilas que têm um rico conhecimento sobre esta parte introdutória. Por favor, não fique restrito à apenas este documento. A ajuda (`help()`) e os fóruns oficiais do R também são uma inesgotável fonte de conhecimento. Use sem moderação.

Por fim, porém não menos importante, gostaríamos de reforçar que este documento estará sempre em constante modificação e atualização. Consulte sempre a versão do documento. Como qualquer trabalho, não estamos livres de erros e estes podem (e devem!) ser reportados diretamente aos autores. Sem mais delongas, esperamos que este seja um primeiro passo para você adentrar ao mundo desafiador e fascinante do R.

Referências

Adler, J. 2010. *R in a nutshell - a desktop quick reference*. O'Reilly. 609 p.

Batista, J.L.F., Prado, P.I. & Oliveira, A. A. (eds.) 2009. I*ntrodução ao R - Uma Apostila on-line*. URL: http://ecologia.ib.usp.br/bie5782.

Borcard, D.; Gillet, F. & Legendre, P. 2018. *Numerical Ecology with R*. 2nd ed. New York, Springer-Verlag, 306 p.

Cox, T.F. & Cox, M.A.A. 2001. *Multidimensional scaling*. 2nd ed. Chapman & Hall, 308 p.

Crawley, M. J. 2005. *Statistics - an introduction using R*. John Wiley & Sons, 327 p.

Crawley, M.J. 2012. *The R Book*. 2nd ed. Wiley, 1076 p.

Erthal, F. 2017. *Estatística multivariada em Tafonomia (Atualística)*. *In*: R.S. Horodyski & F. Erthal (orgs.) Tafonomia: métodos, processos e aplicações, CRV, p. 81-113.

Gotelli, N.J. & Ellison, A.M. 2013. *A primer of Ecological statistics*. 2nd ed. Sunderland, Sinauer, 614 p.

Jari Oksanen, F. Guillaume Blanchet, Michael Friendly, Roeland Kindt, Pierre Legendre, Dan McGlinn, Peter R. Minchin, R. B. O'Hara, Gavin L. Simpson, Peter Solymos, M. Henry H. Stevens, Eduard Szoecs and Helene Wagner. 2018. *vegan: Community Ecology Package*. https://CRAN.R-project.org/package=vegan

Landeiro, V. L. 2011. *Introdução ao uso do programa R*. Disponível em: https://cran.r-project.org/doc/contrib/Landeiro-Introducao.pdf [Apostila].

Legendre, P. & Legendre, L. 2012. *Numerical Ecology*. 3rd ed. New York, Elsevier, 1006 p.

MacLaren, J.A.; Anderson, P.S.L.; Barrett, P.M. & Rayfield, E.J. 2017. Herbivorous dinosaur jaw disparity and its relationship to extrinsic evolutionary drivers. *Paleobiology*, **43**:15-33.

Murrell, P. 2006. *R graphics*. Chapman & Hall./CRC. 303 p.

Owen, W. J. 2019. *The R Guide*. Disponível em: https://cran.r-project.org/doc/contrib/Owen-TheRGuide.pdf.

R Development Core Team. 2019. *An Introduction to R*. Disponível em: https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-release/R-intro.pdf

R Development Core Team. 2019. *R language definition*. Disponível em: https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-release/R-lang.pdf.

R Development Core Team. 2019: *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, https://www.r-project.org/.

Steven, H.M. 2009. *A Primer of Ecology with R* (Use R!) 1st ed. Springer, 388 p.

Verzani, J. 2005. *Using R for introductory statistics*. Chapman & Hall/CRC. 402 p.

Verzani, J. 2019. *SimpleR – Using R for Introductory Statistics*. Disponível em: https://cran.r-project.org/doc/contrib/Verzani-SimpleR.pdf.