- Tutorial
- Exercícios
- Apostila

9. Criando Funções Básicas

Nossos Personagens

Pink & Cerebro

Video

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

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

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

O *PINK* que habita dentro de nós

Classe Function

Um objeto de função é uma classe especial de objetos no R que encapsulam algum tarefa. A função `function()` recebe algumas informações através dos seus argumentos e usa essas informações internamente para a realização do procedimento desejado. O procedimento ou tarefa realizada por uma função é conduzido por um algoritmo, que nada mais é que um sequência de comandos concatenados. Quando o objeto de função é chamado, ele retorna o que os outros objetos retornam no console do R, o que foi atribuído a ele, ou seja essas linhas de comando no formato de texto. Entretanto, quando o objeto da classe `function` é chamada com os parênteses `( )` ele realiza a tarefa conduzido pelo conjunto concatenados de comandos que foram atribuídos a ele. Ao final, normalmente, a função retorna um **único** objeto que contém o resultado do procedimento. Para o retorno deste objeto, normalmente usamos uma outra função chamada `return()`.

FAZENDO VERSÕES PIORADAS DE FUNÇÕES EXISTENTES!!!!

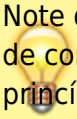
Vamos construir algumas funções simples. A primeira é uma função que calcula a média de um conjunto de valores. A primeira etapa é definir qual o tipo de objetos que a função irá manipular e designar um nome a esse objeto como um argumento. No caso da média podemos definir esse objeto como um vetor numérico x. Em seguida precisamos definir o algoritmo que será executado. Uma forma de fazer isso é através de um pseudocódigo que é a descrição literal do algoritmo. No nosso caso:

Pseudocodigo `media`

1. recebe um vetor `x`
2. soma os valores do vetor no objeto `soma`
3. guarda o tamanho do vetor `x` em `nobs`
4. divide `soma` por `nobs` e guarda no objeto `media`
5. retorna o objeto `media`

Depois de definir o que a função conterá, precisamos abrir um bloco de código para conter as linhas de comando que definem o algoritmo com as chaves `{ }`. Em seguida colocamos as linhas de comando descritas no pseudocodigo e rodamos todo o bloco de código desde a atribuição da função a um nome para construir um objeto da classe `function` na nossa área de trabalho. Rode o código abaixo e cheque se houve a construção do objeto `media` e qual a classe desse objeto:

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



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

Testando a função

Para testar a função que acabamos de fazer, utilizamos ela da mesma maneira que as outras funções que usamos até agora. Com a diferença que esta não tem a documentação que as funções de pacotes precisam ter para poderem ser disponibilizadas no repositório do R. Rode os códigos abaixo para ver a sua função em atividade:

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

Uma função mais elaborada

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

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

Calcular a média do vetor dados

```
media(dados)
```

Função para calcular variância

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

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

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

```
var(dados,na.rm = FALSE)
```

Função para calcular o Índice de Dispersão

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

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

Simulando dados com parâmetros conhecidos

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

Vamos simular dados com diferentes características conhecidas:

- Simulando Aleatório

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

- Uniforme

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

- Agregado

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

Calcular o coeficiente de dispersão

```
ID.curso(aleat)

ID.curso(unif)

ID.curso(agreg)
```

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

Função para criar o teste de hipótese do ID

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

Testanto os dados simulados

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

Outra função

eda.shape

```
eda.shape <- function(x)
    {
    x11()
    par(mfrow = c(2,2))    ## muda o dispositivo gráfico para 2x2
    hist(x)                 ## produz histograma de x
    boxplot(x)
    iqd <- summary(x)[5] -    summary(x)[2]     ## faz a diferença entre o
quinto elemento x e o segundo
    plot(density(x,width=2*iqd),xlab="x",ylab="",type="l")
    qqnorm(x)
    qqline(x)
    par(mfrow=c(1,1))

    }
```

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

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

###aplicar eda.shape para dados.dens

eda.shape(dados.pois20)

eda.shape(dados.norm20)

###aumentando a amostra

eda.shape(rpois(500,6))

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

Modificando uma função

```
eda.shape1 <- function(x)
    {
    x11()
```

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

    }
```

Executando a função modificada

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

Fazendo ciclos de operações

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

Simulando dados de novo!

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

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

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

```
        resultados[i] <- cont.sp
        }
    return(resultados)
    }


##### Aplicando a função

n.spp(sp.oc)
```

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

Mais função!! SIMILARIDADE

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

        }
    return(similar)
    }
```

Aplicando a função SIM

```
sim(sp.oc)

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

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

Agora faça os Exercícios 9 - Construção de Funções para podermos conquistar o MUNDO!!!