

Função join.frames

Arquivo da função: [join.frames](#)

```
#O objetivo desta função é construir uma matriz a partir de data frames com
números diferentes de linha.
#A primeira coluna dos data frames deverá ser a variável de interesse, e o
restante das colunas, os valores de observação de cada caso.
#A função irá organizar os dataframes levando em conta a variável de
interesse.

join.frames<- function(path, na.zero=F, binary=F, transpose=T, file=F)
{
  filenames<- list.files(path) #Objeto com o nome dos arquivos da pasta
indicada
  filelist<- lapply(filenames, read.delim) #Objeto tipo lista com todos os
data.frames que estão na pasta indicada
  frames<-Reduce(function(x,y) merge(x,y, all=TRUE), filelist) #Junta
todos os arquivos de data.frame num arquivo só. Onde não houver dado de uma
determinada linha em um dos data.frames, ele vai transformar colocar um NA.
  #Verificar se existe algum nome repetido na variável de interesse
  rownames(frames)<- frames[,1] #Coloca a variável de interesse que está
na primeira linha como o nome das linhas.
  frames<- frames[,-1] #Retira a primeira coluna, para deixar o data.frame
apenas numérico
  #Se o argumento na.zero=F, ele vai deixar NA. Se o na.zero=T, ele vai
transformar os NAs em zero.
  if(na.zero==T)
  {
    frames[is.na(frames)]<- 0 #Transforma NA em 0
  }
  #Se o argumento binary=F, ele vai deixar os valores que estão nos
data.frames. Se binary=T, ele vai transformar os NAs zero, deixar onde tem
zero, e transformar todas as posições que tem valor em 1.
  if(binary==T)
  {
    frames[is.na(frames)]<- 0 #Transforma NA em 0
    frames[frames>0] <- 1 #Transforma todos os valores acima de 0 em 1
  }
  #Se o argumento transpose=T, ele vai transpor o data.frame. Caso
transpose=F, ele vai deixar o data.frame do jeito que está.
  if(transpose==T)
  {
    frames<-t(frames) #Transpõe o data.frame
  }
  #Se o argumento file=NULL, ele vai liberar o data.frame na área de
trabalho. Se file="path" ou "file.txt", gravará um arquivo .txt no arquivo
indicado ou no diretório de trabalho ativo.
  if(file==F)
```

```
{  
    return(frames) #Retorna na área de trabalho o data.frame gerado  
}else  
{  
    write.table(frames, file, sep="\t") #Salva o data.frame em um  
arquivo .txt no diretório ativo  
}  
}
```

Página do Help: join.frames

join.frames

package:unknown

R Documentation

Cria um único data frame a partir de outros data frames

Description:

Esta função cria um data.frame a partir de outros data.frames com diferentes números de linha de um diretório especificado. A primeira coluna de cada data.frame deve ser a variável de interesse, e as outras colunas, as observações de cada caso. Esta função irá organizar o data.frame baseado na primeira coluna de cada data.frame, que deverá ser a variável de interesse. Se em algum dos data.frames algum caso da variável de interesse não estiver presente, será colocado um NA.

Usage:

```
join.frames(path, na.zero=F, binary=F, transpose=F, file=F)
```

Arguments:

path diretório onde estão os arquivos .txt que serão lidos na função. Os arquivos serão lidos com a função read.delim().
na.zero se TRUE, transforma os NAs em 0.
binary FALSE - os valores de cada observação serão mantidos como nos arquivos originais. Se TRUE, transforma o data.frame em dados de presença (1) e ausência (0).
transpose se FALSE, as colunas e linhas do data.frame serão mantidos como os arquivos de data.frames originais.
file se FALSE, o data.frame final será lançado no área de trabalho. Se file="file.txt", o data.frame será salvo no diretório atual como arquivo .txt, separado por tabulação.

Details:

Note que o diretório especificado no "path" deve ser exclusivo para os

arquivos que serão trabalhados na função, já que todos os arquivos do diretório serão lidos.

Value:

join.frames gera o data.frame final na área de trabalho. Se for especificado algum nome para o arquivo .txt, será gerado um arquivo .txt separado por tabulação com o data.frame no diretório ativo.

Warning:

A primeira coluna, da variável de interesse, será transformado em nome de linhas em um determinado momento. Caso exista alguma observação repetida ou nome repetido nesta coluna, o rownames() gerará uma mensagem de erro impossibilitando a continuidade da função.

Note:

Os arquivos serão lidos do diretório especificado pela função read.delim(). Certifique-se que os arquivos estão no formato correto.

Author(s):

A. M. Jeckel

See Also:

read.delim()
rownames()

Examples:

```
#Para executar o exemplo, o arquivo Exemplo_Funcao.zip deve ser baixado
(wikialunos de Adriana Moriguchi Jeckel:
http://ecologia.ib.usp.br/bie5782/doku.php?id=bie5782:01_curso_atual:alunos:
trabalho_final:amjeckel:func ), e colocado em um diretório exclusivo, o qual
será o seu "path"
#Assim que baixado, coloque esta pasta como diretório ativo
getwd() #Verifique se o diretório está correto
dir() #Verifique se apenas os arquivos do exemplo estão neste diretório
join.frames(getwd(), na.zero=T, binary=F, transpose=F,
file="example.txt")
```

Link para o exemplo_funcao.zip

[Exemplo_Funcao.zip](#)

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

Permanent link:
http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2017:alunos:trabalho_final:amjeckel:func



Last update: **2020/08/12 06:04**