

# Camila Cassano



Doutoranda do curso de Ecologia, IB/USP

## Exercícios

[exercício 1](#)

[exercício 2](#)

[exercício 3](#)

dados para exercício 3: [registros60min](#)

[exercício 4](#)

[exercício 5](#)

[exercício 6](#)

[exercício 7](#)

[exercício 8](#)

[exercício 9](#)

## Trabalho final

[Planos A e B](#)

## Função

```
sanfona.table = function (tab1, tab2, match.col=c("match.col1",  
"match.col2"), add.col= "add.col1", "add.col2", "add.col3", ...),  
ord.col1=F)  
{  
  dim11 = dim(tab1)[1]  
  dim12 = dim(tab1)[2]  
  dim21 = dim(tab2)[1]  
  nvar = length(add.col)  
  novacol= matrix(NA, nrow=dim11, ncol=nvar)  
  novalin = rep(0, dim21)  
  z=0  
  a = which(colnames(tab1)==match.col[1])
```

```
b = which(colnames(tab1)==match.col[2])
d = which(colnames(tab2)==match.col[1])
e = which(colnames(tab2)==match.col[2])
for (i in 1:dim11)
{
  posi = which(tab2[,d]==tab1[i,a] & tab2[,e]==tab1[i,b])
  novalin [posi] = 1
}
novalin
count = dim21 - sum(novalin)
novamat = matrix(NA, nrow= count, ncol= (dim12+nvar))
for (i in 1:dim21)
{
  if(novalin[i]==1)
  {
    for (j in 1:nvar)
    {
      novacol[tab2[i,d]==tab1[,a] & tab2[i,e]==tab1[,b],j] =
tab2[i,add.col[j]]
    }
  }
  else
  {
    z=z+1
    for(k in 1:dim12)
    {
      if(sum(colnames(tab1[k])==colnames(tab2))==1)
      {
        novamat[z,k]=tab2[i,which(colnames(tab2)==colnames(tab1[k]))]
      }
    }
    for (l in 1:nvar)
    {
      novamat[z,sum(dim12,l)] = tab2[i,add.col[l]]
    }
  }
}
novamat
novatab = data.frame(tab1, novacol)
colnames (novatab) = c(colnames(tab1), add.col)
for(m in 1:dim(novamat)[1])
{
  novatab[dim11+m, ] = novamat[m, ]
}
novatab
if(ord.col1!=F)
{
  novatab = novatab[order(novatab[,ord.col1]), ]
}
return(novatab)
```

```
}
```

## Help

sanfona.table {}  
Documentation

SANFONA TABLE

R

### Description:

Unir duas tabelas em função de linhas comuns e colunas de mesmo nome

### Usage:

```
sanfona.table = function (tab1, tab2, match.col=c("match.col1",  
"match.col2"), add.col= c("add.col1", "add.col2", "add.col3", ...),  
ord.col1=F)
```

### Arguments:

tab1            tabela onde serão inseridas novas linhas e colunas

tab2            tabela da qual serão copiadas linhas e colunas para adição em  
tab1

match.col      vetor com os nomes de duas colunas de referência. Essas colunas  
devem ter nomes iguais em tab1 e tab2.

                A partir dessas colunas serão feitas as relações para decisão  
de incluir ou não incluir nova linha em  
                tab1 (ver detalhes abaixo).

add.col        vetor com os nomes das colunas de tab2 que serão adicionadas à  
tab1.

ord.col1       o nome de uma uma coluna para ordenação dos dados na tabela  
final.

### Details:

São necessárias duas colunas de referência (mach.col) para que a função  
sanfona.table seja executada.

O número de colunas à serem adicionadas em tab1 (match.col) é ilimitado,  
porém é necessário ao menos uma coluna.

\* 1. Se a combinação das colunas de referência na linha "i" de tab2 tiver  
correspondente em tab1, nenhuma linha será adicionada em tab1, mas as novas  
colunas serão preenchidas com os valores correspondentes em tab2.

\* 2. Se a combinação das colunas de referência na linha "i" de tab2 não  
tiver correspondente em tab1, uma nova linha será adicionada em tab1 com as

informações das colunas de mesmo nome em tab1 e tab2 e das novas colunas retiradas de tab2.

A informação de coluna para ordenação dos dados na tabela final (ordcoll) é opcional, por default ord.coll = FALSE

Value:

A função sanfona.table retorna um data.frame com número de colunas igual ao número de colunas de tab1 mais o número de colunas adicionadas e número de linhas igual ao número de linhas de tab1 mais o número de linhas de tab2 para as quais não existe linha correspondente em tab1 (situação 2 em detalhes).

Warning:

A função não será executada se: número de colunas de referência for diferente de 2 e não houver ao menos uma coluna de tab2 para ser adicionada em tab1

Author(s):

Camila Righetto Cassano

See Also:

merge

Examples:

```
# usando uma coluna "sitio" e uma coluna "data" para unir bancos de dados
```

```
data = as.character(c("20/04/2010", "23/04/2010", "25/04/2010",  
"25/04/2010", "26/04/2010", "26/04/2010", "28/04/2010", "28/04/2010",  
"30/04/2010", "28/04/2010"))  
especie = as.character(c("macaco", "macaco", "macaco", "tatu", "tatu",  
"macaco", "tatu", "macaco", "macaco", "macaco"))  
sitio = as.character(c(rep("A",4), rep("B", 3), "A", "B", "A"))  
ambiente = as.character(c(rep("mata",4), "agricultura", "mata",  
"agricultura", rep("mata",3)))  
registros = data.frame( data, especie, sitio, ambiente, stringsAsFactors =  
FALSE)
```

```
data = as.character(c("20/04/2010", "21/04/2010", "22/04/2010",  
"23/04/2010", "24/04/2010", "25/04/2010", "26/04/2010", "27/04/2010",  
"28/04/2010", "29/04/2010", "30/04/2010"))
```

```
sitio = as.character(rep(c("A", "B"), each = 11))
observador = as.character(rep(c("observador1" , "observador2" ), each = 11))
amostragem = data.frame (data, sitio, observador, stringsAsFactors = FALSE)

sanfona.table (registros, amostragem, match.col=c("data", "sitio"), add.col=
c("observador"), ord.coll="sitio")
```

From:

<http://labtrop.ib.usp.br/> - **Laboratório de Ecologia de Florestas Tropicais**

Permanent link:

[http://labtrop.ib.usp.br/doku.php?id=cursos:ecor:05\\_curso\\_antigo:r2010:alunos:trabalho\\_final:camilacassano:start](http://labtrop.ib.usp.br/doku.php?id=cursos:ecor:05_curso_antigo:r2010:alunos:trabalho_final:camilacassano:start) 

Last update: **2020/07/27 18:46**