Atividade nº 04 - Importação de Dados e Gráficos

Lucas Henrique Nogueira

28/05/2024

Lista de Exercícios

1) Importação online e local de data frames

- Conjunto de dados utilizados nessa primeira parte da lista foi extraído do link abaixo:

Census at School

Contexto: O conjunto de dados "Census at School-500.csv" provém do projeto internacional Census at School. Este projeto educacional global tem como objetivo envolver alunos em atividades estatísticas usando dados reais coletados por eles mesmos. Os alunos respondem a uma série de perguntas sobre diversos aspectos de suas vidas, como características físicas, hábitos, preferências e atividades. O objetivo é tornar o aprendizado de estatística mais interessante e relevante, utilizando dados coletados pelos próprios alunos.

- a) Utilizando as funções `read.csv()` e `read.table()` para importar os dados diretamente da URL:

```
url <- "https://www.stat.auckland.ac.nz/~wild/d2i/FutureLearn/Census.at.School.500_ages9-15.csv"

census_csv <- read.csv(url)
```

```
dim(census_csv)    # Dimensão do conjunto (Linha X Coluna)
```

```
## [1] 483  10
```

```
names(census_csv)  # Nomes das variáveis
```

```
##  [1] "cellsource" "rightfoot"  "travel"     "getlunch"   "height"
##  [6] "gender"     "age"        "year"       "armspan"    "cellcost"
```

```
census_table <- read.table(url, sep = ",", header = TRUE)
head(census_table)
```

```
##   cellsource rightfoot travel getlunch height gender age year armspan cellcost
## 1     pocket        20   walk     home    152   male  12    7     150       30
## 2     parent        25  other   friend    153 female  11    6     152       50
## 3     parent        21  motor     home    137   male  10    6     132       55
## 4     pocket        20   walk     home    115   male   9    5     130       60
## 5     pocket        23  other     home    165 female  14   10     160       20
## 6     parent        19  motor     home    137 female  11    7      50       50
```

- b) Utilizando a função `file.choose()` para fazer uma importação local dos dados:

```
census_local <- read.csv(file.choose())  # Importando o arquivo local do diretório do PC.
```

```
dim(census_local)    # Dimensão do conjunto (Linha X Coluna)
```

```
## [1] 483  10
```

```
names(census_local)    # Nomes das variáveis
```

```
##  [1] "cellsource" "rightfoot"  "travel"     "getlunch"   "height"
##  [6] "gender"     "age"        "year"       "armspan"    "cellcost"
```

```
census_table2 <- read.table(file.choose(), sep = ",", header = TRUE)
head(census_table2)
```

```
##   cellsource rightfoot travel getlunch height gender age year armspan cellcost
## 1     pocket        20   walk     home    152   male  12    7     150       30
## 2     parent        25  other   friend    153 female  11    6     152       50
## 3     parent        21  motor     home    137   male  10    6     132       55
## 4     pocket        20   walk     home    115   male   9    5     130       60
## 5     pocket        23  other     home    165 female  14   10     160       20
## 6     parent        19  motor     home    137 female  11    7      50       50
```

Observação: A função `file.choose()` oferece uma maneira simples e direta para os usuários selecionarem um arquivo no sistema, navegando através das pastas do computador de forma interativa. Porém como a seleção do arquivo é feita manualmente pelo usuário, não é possível automatizar esse processo em scripts ou tarefas programadas, o que pode limitar a eficiência em cenários de automação, além de ser mais adequada para uso em ambientes interativos, como o RStudio.

2) Operações com o conjunto de dados `skulls{ade4}`.

```
data(skulls, package = "ade4")
head(skulls)
```

```
##    V1  V2  V3 V4
## 1 131 138  89 49
## 2 125 131  92 48
## 3 131 132  99 50
## 4 119 132  96 44
## 5 136 143 100 54
## 6 138 137  89 56
```

- a) Manipulando os dados do conjunto de dados:
  - Renomeando as variáveis: V1 por ACr, V2 por BBr, V3 por BAl e V4 por ANs.

```
names(skulls) <- c("ACr", "BBr", "BAl", "ANs")
head(skulls)
```

```
##   ACr BBr BAl ANs
## 1 131 138  89  49
## 2 125 131  92  48
## 3 131 132  99  50
## 4 119 132  96  44
## 5 136 143 100  54
## 6 138 137  89  56
```

- Criando uma variável categórica ‘periodo‘:

```
periodo <- factor(rep(1:5, each = 30), labels = c("período pré-dinástico primitivo",
                                                  "período pré-dinástico antigo",
                                                  "12ª e 13ª dinastias",
                                                  "período Ptolemaico",
                                                  "período Romano"))
skulls$periodo <- periodo
head(skulls)
```

```
##   ACr BBr BAl ANs                        periodo
## 1 131 138  89  49 período pré-dinástico primitivo
## 2 125 131  92  48 período pré-dinástico primitivo
## 3 131 132  99  50 período pré-dinástico primitivo
## 4 119 132  96  44 período pré-dinástico primitivo
## 5 136 143 100  54 período pré-dinástico primitivo
## 6 138 137  89  56 período pré-dinástico primitivo
```

- Criando uma variável quantidade `idade`:

```
idade <- rep(c(-4000, -3300, -1850, -200, 150), each = 30)

skulls$idade <- idade
head(skulls)
```

```
##   ACr BBr BAl ANs                          periodo idade
## 1 131 138  89  49 período pré-dinástico primitivo -4000
## 2 125 131  92  48 período pré-dinástico primitivo -4000
## 3 131 132  99  50 período pré-dinástico primitivo -4000
## 4 119 132  96  44 período pré-dinástico primitivo -4000
## 5 136 143 100  54 período pré-dinástico primitivo -4000
## 6 138 137  89  56 período pré-dinástico primitivo -4000
```

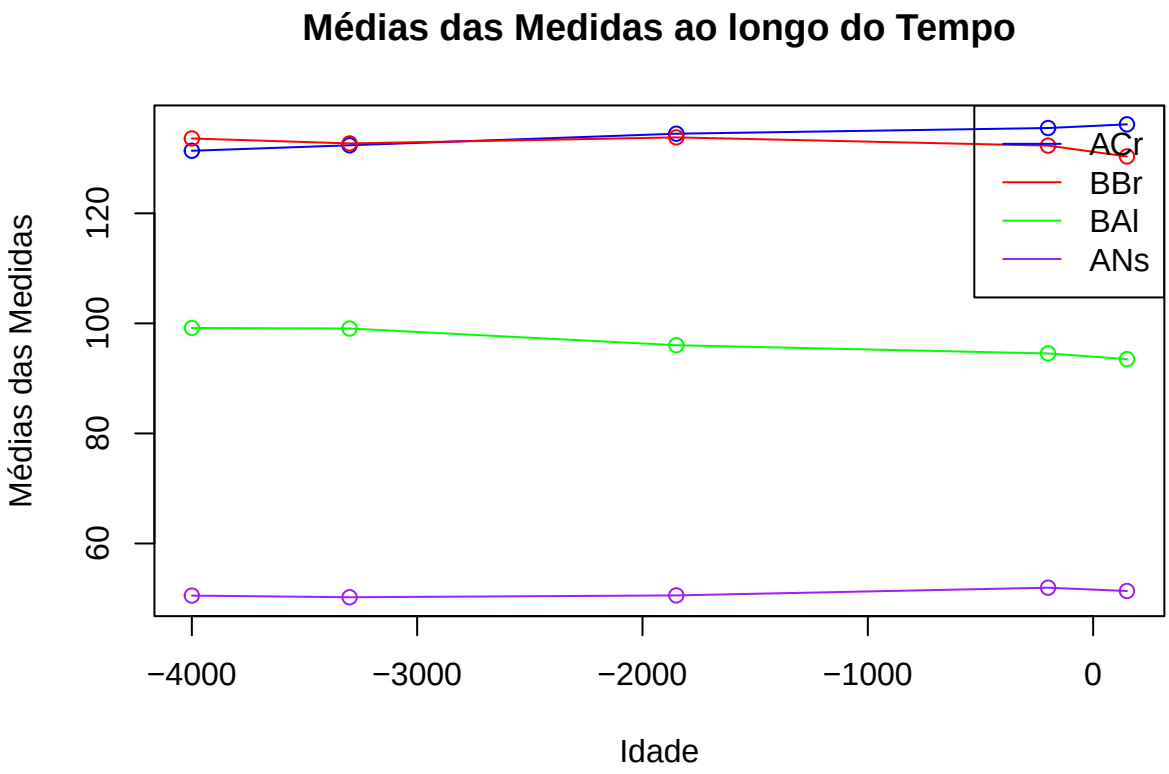
- b) Ampliando a análise exploratória desses dados:
  - Calculando a média de cada uma das medidas por período:

```
medias_periodo <- aggregate(cbind(ACr, BBr, BAl, ANs) ~ periodo, data = skulls, mean)
rownames(medias_periodo) <- c("Primitivo", "Antigo", "Dinastias", "Ptolemaico", "Romano")

medias_periodo    # Matriz (tabela)
```

```
##                                  periodo      ACr      BBr      BAl      ANs
## Primitivo  período pré-dinástico primitivo 131.3667 133.6000 99.16667 50.53333
## Antigo        período pré-dinástico antigo 132.3667 132.7000 99.06667 50.23333
## Dinastias              12ª e 13ª dinastias 134.4667 133.8000 96.03333 50.56667
## Ptolemaico              período Ptolemaico 135.5000 132.3000 94.53333 51.96667
## Romano                      período Romano 136.1667 130.3333 93.50000 51.36667
```

- Gráfico de linhas das médias de cada uma das medidas por idade:

```
medias_idade <- aggregate(cbind(ACr, BBr, BAl, ANs) ~ idade, data = skulls, mean)

plot(medias_idade$idade, medias_idade$ACr, type = "o", col = "blue",
     ylim = range(medias_idade[,2:5]), xlab = "Idade", ylab = "Médias das Medidas",
     main ="Médias das Medidas ao longo do Tempo")
lines(medias_idade$idade, medias_idade$BBr, type = "o", col = "red")
lines(medias_idade$idade, medias_idade$BAl, type = "o", col = "green")
lines(medias_idade$idade, medias_idade$ANs, type = "o", col = "purple")

legend("topright", legend = c("ACr", "BBr", "BAl", "ANs"),
       col = c("blue", "red", "green", "purple"), lty = 1)
```



- c) Conclusão da análise do gráfico:

Visualizando o gráfico das médias das medidas dos crânios ao longo do tempo, podemos observar as seguintes tendências:

1. **ACr (Amplitude máxima do crânio)**:
   - A linha correspondente à ACr mostra uma variação ao longo dos diferentes períodos. Podemos ver que, do período pré-dinástico primitivo para os períodos subsequentes, há uma ligeira tendência de aumento e depois uma estabilização.
2. **BBr (Altura basilobregmática do crânio)**:
   - A altura basilobregmática (BBr) também apresenta mudanças ao longo do tempo, com variações menos pronunciadas comparadas à ACr, mas ainda assim com algumas flutuações.
3. **BAl (Comprimento basiloalveolar do crânio)**:
   - O comprimento basiloalveolar (BAl) dos crânios parece ter uma tendência de aumento gradual ao longo dos períodos históricos, indicando uma possível mudança nas características faciais das populações.
4. **ANs (Altura nasal do crânio)**:
   - A altura nasal (ANs) apresenta variações significativas, com um aumento visível em alguns períodos e uma leve queda em outros. Esse padrão sugere que as características nasais dos crânios sofreram mudanças ao longo do tempo.

Com base nas observações feitas a partir do gráfico, podemos levantar algumas conjecturas sobre as possíveis razões para as mudanças nas medidas dos crânios ao longo do tempo:

1. **Influências Ambientais e Culturais**:
   - As variações nas medidas dos crânios podem ser atribuídas a mudanças nos ambientes e práticas culturais das populações ao longo dos diferentes períodos históricos. Por exemplo, alterações na dieta, práticas de trabalho e condições de vida podem ter impactado o desenvolvimento físico das pessoas.
2. **Evolução Biológica**:
   - As mudanças nas características dos crânios também podem refletir um processo de evolução biológica, onde diferentes pressões seletivas ao longo do tempo resultaram em alterações nas características físicas das populações.
3. **Migrações e Misturas Populacionais**:
   - A chegada de novas populações e a mistura genética com grupos locais podem ter introduzido novas características físicas, resultando em mudanças observáveis nas medidas dos crânios.

3) Operações com os comandos `scan()` e `lower.tri()`.

```
  dados <- scan("E9-14.DAT")
  dados
```

```
##  [1] 1.000 0.505 1.000 0.569 0.422 1.000 0.602 0.467 0.926 1.000 0.621 0.482
## [13] 0.877 0.874 1.000 0.603 0.450 0.878 0.894 0.937 1.000
```

```
# Número de variáveis
n <- 6

# Criar uma matriz vazia de 6x6
R <- matrix(0, n, n, byrow = TRUE)

# Preencher a matriz com os dados fornecidos
R[upper.tri(R, diag = TRUE)] <- dados
R[lower.tri(R)] <- t(R)[lower.tri(R)]
R
```

```
##       [,1]  [,2]  [,3]  [,4]  [,5]  [,6]
## [1,] 1.000 0.505 0.569 0.602 0.621 0.603
## [2,] 0.505 1.000 0.422 0.467 0.482 0.450
## [3,] 0.569 0.422 1.000 0.926 0.877 0.878
## [4,] 0.602 0.467 0.926 1.000 0.874 0.894
## [5,] 0.621 0.482 0.877 0.874 1.000 0.937
## [6,] 0.603 0.450 0.878 0.894 0.937 1.000
```

- a) Calculando o traço e o determinante da matriz de correlações R:

```
  (traco <- sum(diag(R)))                # Traço da matriz R.
```

```
## [1] 6
```

```
  (determinante <- det(R))               # Determinante da matriz R.
```

```
## [1] 0.00116952
```

- b) Calculando os autovetores com o comando `eigen()` e calculando a proporção com o traço da matriz R:

```
  eigen_ <- eigen(R)
  (autovetores <- eigen_$vectors)        # Autovetores da matriz R.
```

```
##            [,1]       [,2]        [,3]        [,4]        [,5]        [,6]
## [1,] -0.3507933  0.3956532  0.84666989  0.05182494 -0.01451715 -0.02561535
## [2,] -0.2862040  0.8146406 -0.50202982  0.02010032 -0.01468155 -0.04236155
## [3,] -0.4399784 -0.2632446 -0.11051604  0.50466755 -0.59955835 -0.33278818
## [4,] -0.4468851 -0.1972029 -0.09896293  0.47037458  0.59797472  0.41567414
## [5,] -0.4488806 -0.1614667 -0.06586761 -0.54823826 -0.36866442  0.57586240
## [6,] -0.4474933 -0.2134503 -0.06906640 -0.46947138  0.38290503 -0.61838409
```

```
  proporcao_autovetores <- autovetores / sum(autovetores)
  proporcao_autovetores                  # Proporção em relação ao traço.
```

```
##           [,1]        [,2]        [,3]         [,4]         [,5]        [,6]
## [1,] 0.1702901 -0.19206700 -0.41100980 -0.025158045  0.007047247  0.01243479
## [2,] 0.1389357 -0.39546140  0.24370676 -0.009757554  0.007127053  0.02056411
## [3,] 0.2135843  0.12779020  0.05364921 -0.244987227  0.291051283  0.16154962
## [4,] 0.2169372  0.09573075  0.04804084 -0.228339954 -0.290282522 -0.20178602
## [5,] 0.2179059  0.07838283  0.03197496  0.266138312  0.178965489 -0.27954825
## [6,] 0.2172324  0.10361793  0.03352778  0.227901501 -0.185878488  0.30019010
```

- c) Comparando o traço da matriz R com a soma de seus autovalores e o determinante da matriz R com o produto de seus autovalores:

```
  (autovalores <- eigen_$values); (soma_autovalores <- sum(autovalores)) # Autovalores e soma.
```

```
## [1] 4.45644850 0.78240991 0.45842506 0.16883257 0.07908774 0.05479622
```

```
## [1] 6
```

```
  traco                                  # Traço.
```

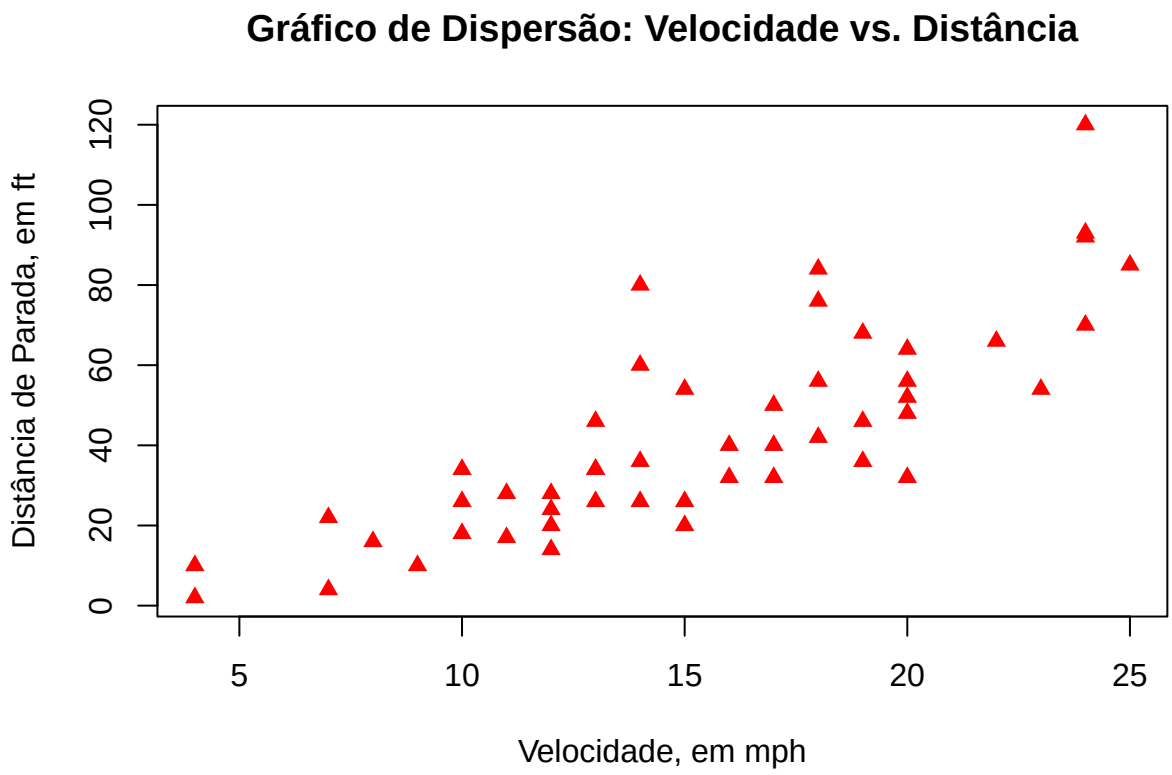
```
## [1] 6
```

4) Conjunto de dados `cars{datasets}`.

```
data(cars)
```

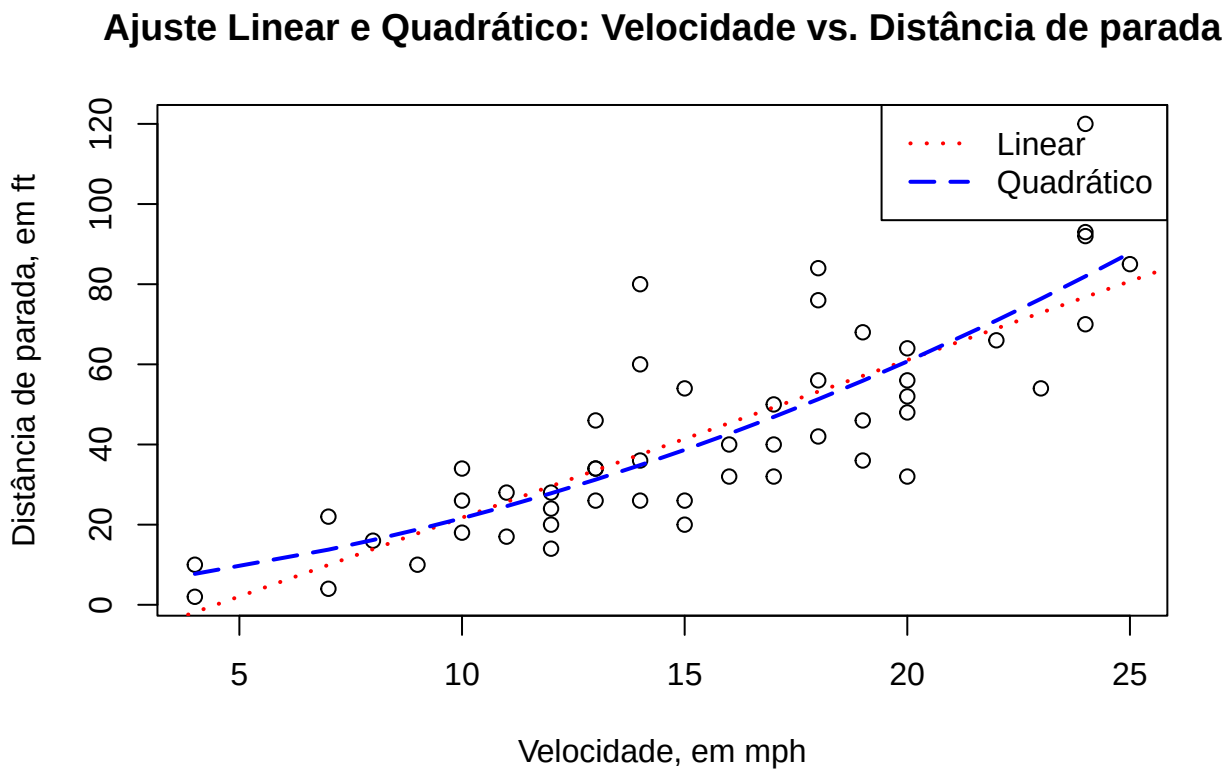
- a), b) e c) Construindo um gráfico de dispersão de `speed` por `dist`:

```
plot(cars$speed, cars$dist, main = "Gráfico de Dispersão: Velocidade vs. Distância",
xlab = "Velocidade, em mph", ylab = "Distância de Parada, em ft", col= "red", pch = 17)
```



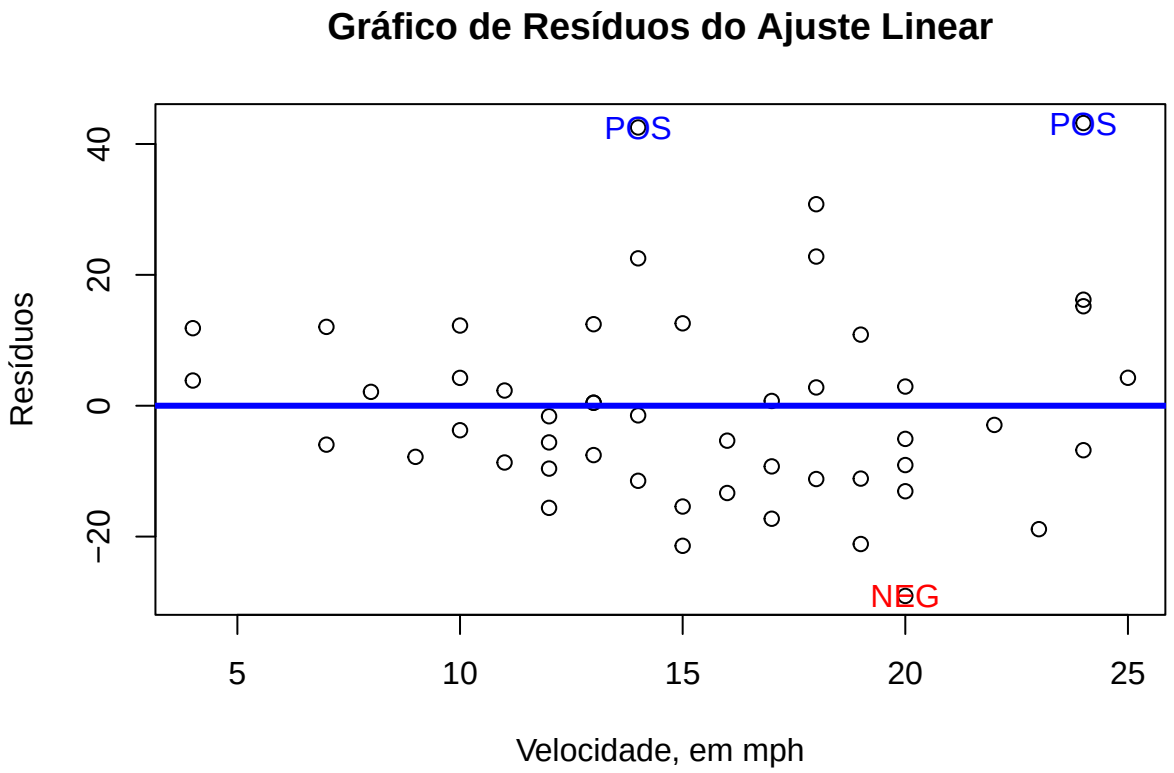
- d), e), f), g) e h) Construindo um gráfico e aplicando os modelos linear e quadrático:

```r
modelo.linear <- lm(dist ~ speed, data = cars)

plot(cars$speed, cars$dist,
   xlab = "Velocidade, em mph",
   ylab = "Distância de parada, em ft",
   main = "Ajuste Linear e Quadrático: Velocidade vs. Distância de parada")

abline(modelo.linear, col = "red", lty = "dotted", lwd = 2)

modelo.quadratico <- lm(dist ~ speed + I(speed^2), data = cars)

lines(cars$speed, predict(modelo.quadratico), col = "blue", lty = "longdash", lwd = 2)

legend("topright", legend = c("Linear", "Quadrático"),
    col = c("red", "blue"), lty = c("dotted", "longdash"), lwd = 2)
```



- i), j), k) e l) Construindo o gráfico de resíduos:

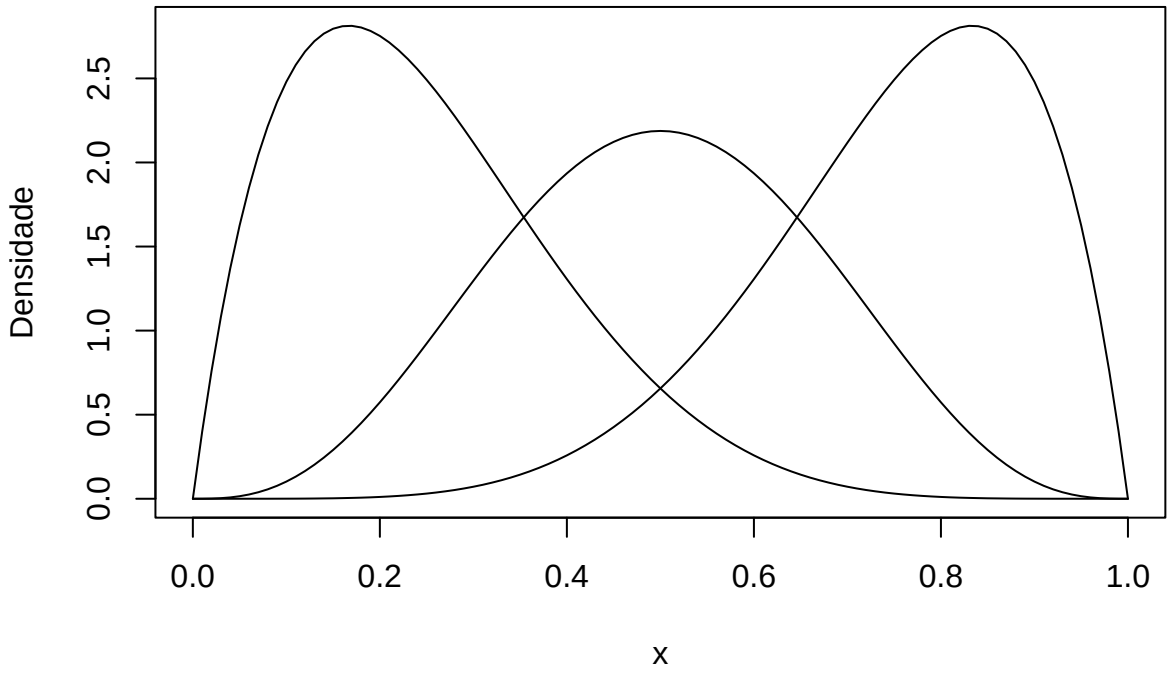
```
plot(cars$speed, modelo.linear$residuals, xlab = "Velocidade, em mph",
   ylab = "Resíduos", main = "Gráfico de Resíduos do Ajuste Linear")

abline(h = 0, col = "blue", lwd = 3)

extremos_positivos <- order(modelo.linear$residuals, decreasing = TRUE)[1:2]
text(cars$speed[extremos_positivos], modelo.linear$residuals[extremos_positivos],
     labels = "POS", col = "blue")

extremo_negativo <- which.min(modelo.linear$residuals)
text(cars$speed[extremo_negativo], modelo.linear$residuals[extremo_negativo],
     labels = "NEG", col = "red")
```



5) Gráfico com função de probabilidade

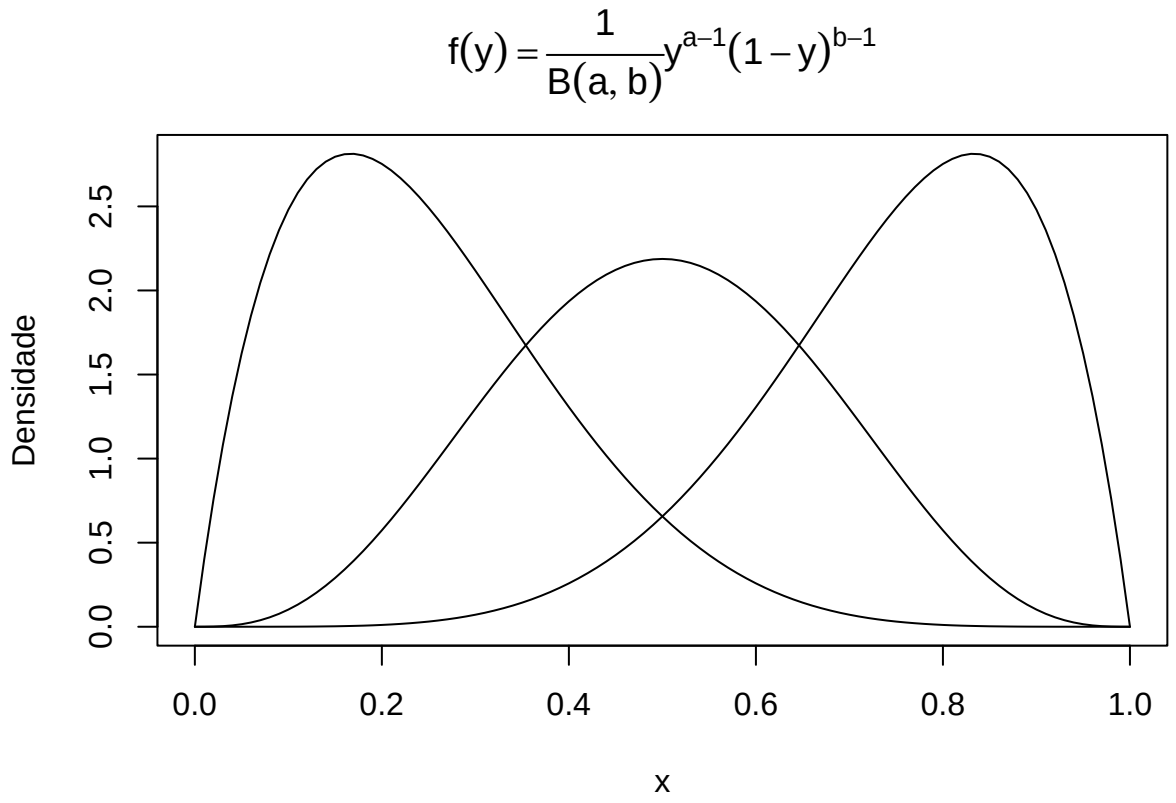
- a) Aplicando as função `curve()` para apresentar as densidades Beta(2,6), Beta(4,4) e Beta(6,2):

```
curve(dbeta(x, 2, 6), from = 0, to = 1, ylab = "Densidade", xlab = "x")

curve(dbeta(x, 4, 4), from = 0, to = 1, add = TRUE)

curve(dbeta(x, 6, 2), from = 0, to = 1, add = TRUE)
```



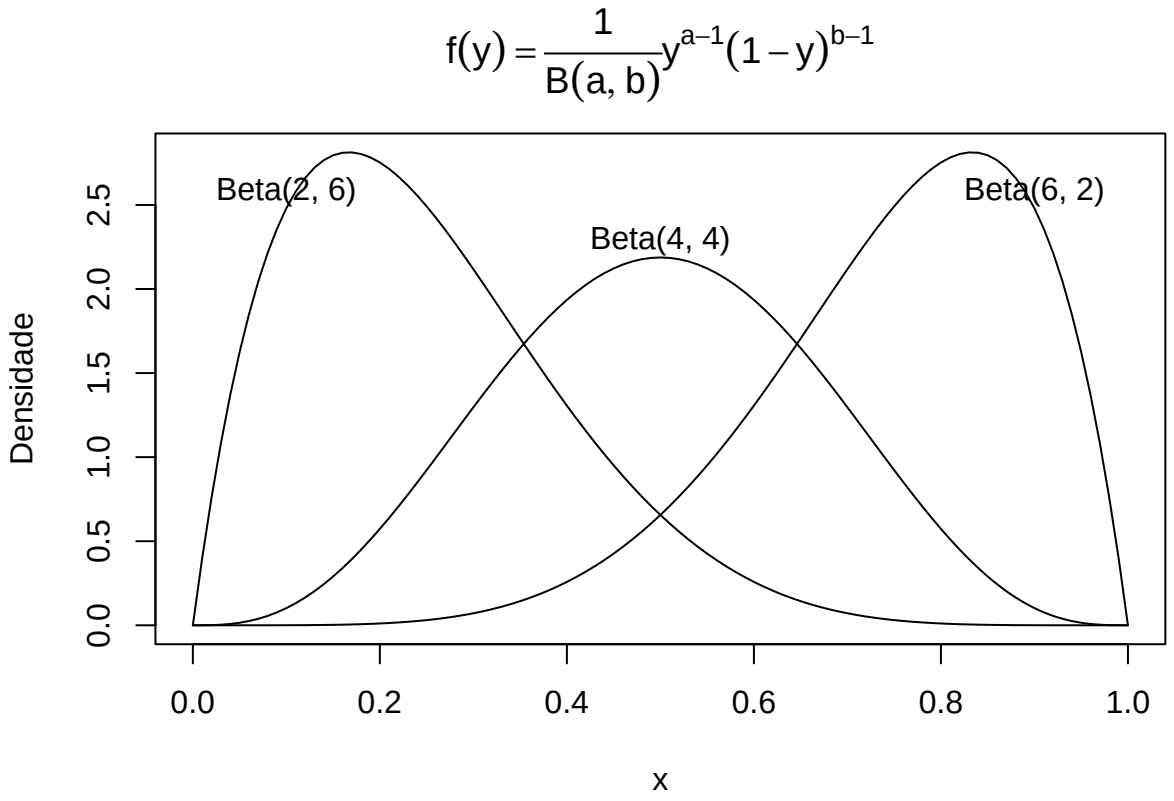
- b) Adicionando título no gráfico:

```
curve(dbeta(x, 2, 6), from = 0, to = 1, ylab = "Densidade", xlab = "x")

curve(dbeta(x, 4, 4), from = 0, to = 1, add = TRUE)

curve(dbeta(x, 6, 2), from = 0, to = 1, add = TRUE)

title(expression(f(y) == frac(1, B(a, b)) * y^{a-1} * (1-y)^{b-1}))
```



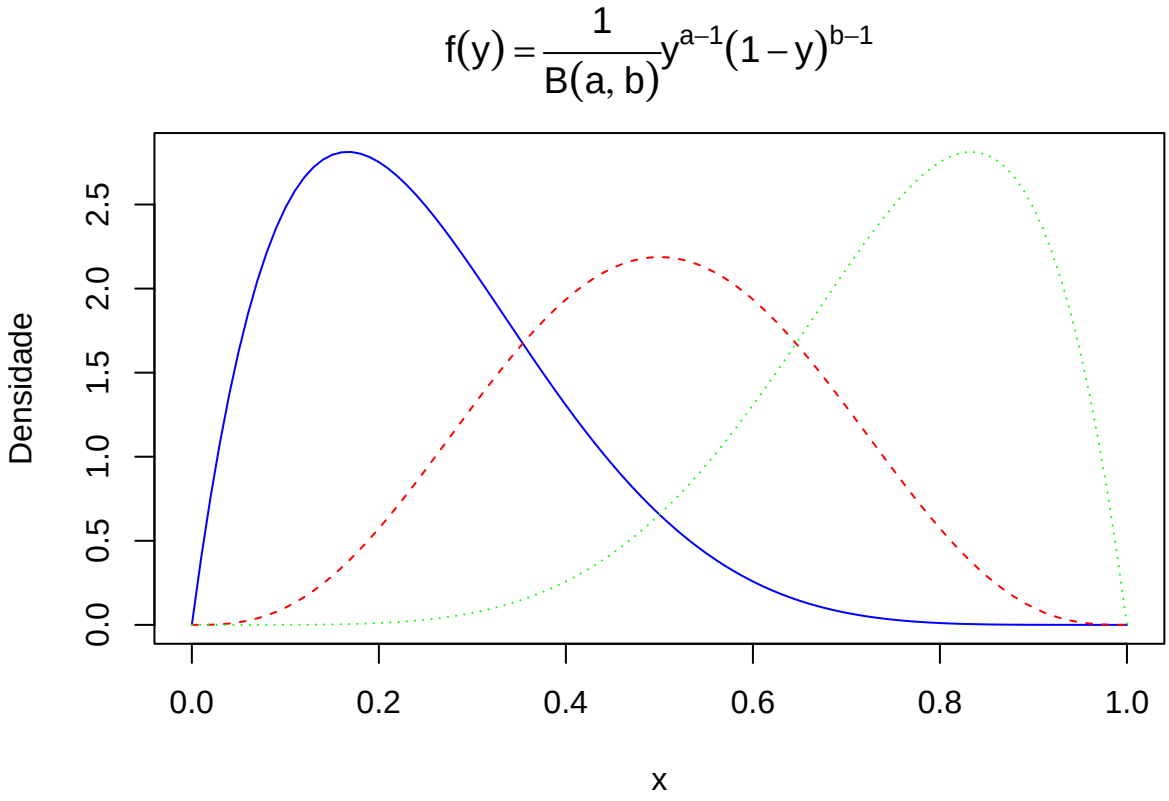
- c) Adicionando rótulos a cada uma das curvas com a função `text()`:

```
curve(dbeta(x, 2, 6), from = 0, to = 1, ylab = "Densidade", xlab = "x")
curve(dbeta(x, 4, 4), from = 0, to = 1, add = TRUE)
curve(dbeta(x, 6, 2), from = 0, to = 1, add = TRUE)

title(expression(f(y) == frac(1, B(a, b)) * y^{a-1} * (1-y)^{b-1}))

text(0.1, dbeta(0.1, 2, 6) + 0.1, "Beta(2, 6)")
text(0.5, dbeta(0.5, 4, 4) + 0.1, "Beta(4, 4)")
text(0.9, dbeta(0.9, 6, 2) + 0.1, "Beta(6, 2)")
```



- d) Refazendo o gráfico do item (a), adicionando cores e tipos de linha diferentes para cada uma das três curvas:

```
curve(dbeta(x, 2, 6), from = 0, to = 1, ylab = "Densidade", xlab = "x", col = "blue", lty = 1)
curve(dbeta(x, 4, 4), from = 0, to = 1, add = TRUE, col = "red", lty = 2)
curve(dbeta(x, 6, 2), from = 0, to = 1, add = TRUE, col = "green", lty = 3)

title(expression(f(y) == frac(1, B(a, b)) * y^{a-1} * (1-y)^{b-1}))
```



- e) Adicionando legenda sem usar a função `text()`:

```
curve(dbeta(x, 2, 6), from = 0, to = 1, ylab = "Densidade", xlab = "x", col = "blue", lty = 1)
curve(dbeta(x, 4, 4), from = 0, to  = 1, add = TRUE, col = "red", lty = 2)
curve(dbeta(x, 6, 2), from = 0, to = 1, add = TRUE, col = "green", lty = 3)

title(expression(f(y) == frac(1, B(a, b)) * y^{a-1} * (1-y)^{b-1}))

legend("topright", legend = c("Beta(2, 6)", "Beta(4, 4)", "Beta(6, 2)"),
       col = c("blue", "red", "green"), lty = c(1, 2, 3))
```