# Introdução à Estatística com R para Biólogos

Fernando Andrade

# Sumário

# Prefácio

Essa apostila foi criada para ser um guia abrangente e conceitual para pesquisadores de mestrado e doutorado na área de Ciências Biológicas e Zootecnia, com um foco particular em estudos de aves. Reconhecendo que muitos biólogos possuem uma base sólida em suas áreas de especialidade mas podem não ter uma formação apropriada em programação e estatística teórica, este material busca preencher essa lacuna de maneira saudável. O objetivo não é apresentar um oceano de fórmulas matemáticas, mas sim construir uma compreensão intuitiva e rigorosa dos princípios estatísticos e de sua aplicação prática utilizando a linguagem de programação R, um forte e indispensável aliado nos tempos atuais para pesquisadores e cientistas de dados.

A estrutura da apostila foi projetada para seguir uma progressão lógica, começando com as habilidades fundamentais de programação e manipulação de dados em R, e avançando gradualmente para modelos estatísticos mais complexos que são frequentemente necessários para pesquisas biológicas, como os modelos lineares mistos e generalizados mistos. Cada capítulo combina explicações conceituais, exemplos práticos contextualizados na ornitologia e zootecnia, e blocos de códigos em R detalhadamente explicados.

O pressuposto é que a estatística não seja um obstáculo a ser superado, mas uma ferramenta poderosa para analisar criteriosamente os dados, planejar experimentos robustos e extrair conclusões válidas e significativas do trabalho de pesquisa. Ao final desta jornada, é esperado que o leitor estará equipado não apenas para analisar seus próprios dados com confiança, mas também para interpretar criticamente a literatura científica de sua área.

# Parte I

# Ferramentas Essenciais: Dominando o R

Nesta primeira parte, o foco residirá no entendimento das ferramentas computacionais essenciais que fundamentam qualquer análise de dados moderna. Antes de mergulhar nos conceitos estatísticos propriamente ditos, é necessário desenvolver uma fluência básica no ambiente de programação que será utilizado.

A abordagem que será adotada aqui prioriza a eficiência e a intuição, introduzindo o início do ecossistema `tidyverse`, um conjunto de pacotes R projetados para trabalhar em harmonia, tornando a manipulação, exploração e visualização de dados um processo mais humano, lógico e simples.

Ao dominar essa ferramenta, o leitor transformará tarefas árduas de preparação de dados em uma parte integrada e poderosa do processo de descoberta científica.

# 1 Introdução

Para começar essa jornada, o primeiro passo é configurar o ambiente de trabalho. Isso envolve a instalação de dois *softwares* distintos, mas que trabalham juntos: R e RStudio. Compreender o funcionamento de cada um e como eles se interagem é fundamental para as próximas etapas.

## 1.1 O que são R e RStudio?

É comum que iniciantes confundam R e RStudio, mas esta distinção é crucial para o processo.

- **R** é a linguagem de programação e o ambiente de software para computação estatística e gráficos. Pode-se pensar que é o "motor" que executa todos os cálculos, análises e gera os gráficos. Além de tudo, é um projeto de código aberto, gratuito e mantido por uma vasta comunidade de desenvolvedores e estatísticos ao redor do mundo.
- **RStudio** é um Ambiente de Desenvolvimento Integrado (IDE, do inglês *Integrated Development Environment*). Se o R é o motor do carro, o RStudio[1] é o painel, o volante, e todo o interior que torna a condução do carro uma experiência agradável e gerenciável. O RStudio fornece uma interface gráfica e amigável que organiza o trabalho em R, facilitando a escrita de *scripts* (arquivos de códigos), a visualização de gráficos, o gerenciamento de pacotes (bibliotecas) e muito mais. Embora seja possível utilizar o R sem o RStudio, a utilização do RStudio é fortemente recomendada, pois deixa o processo de análise muito mais interativo e organizado.

## 1.2 Instalação passo a passo

A instalação adequada dos programas é um pré-requisito crucial. A ordem de instalação é importante: **R deve ser instalado antes do RStudio**.

[1] Existem outras IDEs que podem ser utilizadas no lugar do RStudio, como o Visual Studio Code. No entanto, focaremos nosso estudo utilizando o RStudio.

1. Instalando o R:

- Acesse o site do *Comprehensive R Archive Network* (CRAN)[2], que é o repositório oficial para o R e seus pacotes.
- Na página inicial, selecione o link de download para o seu sistema operacional (Linux, macOS ou Windows).
- Siga as instruções para baixar a versão mais recente ("base"). É crucial baixar a versão diretamente do CRAN, pois os gerenciadores de pacotes de alguns sistemas operacionais (como o `get-apt` do Ubuntu) podem fornecer versões desatualizadas.
- Execute o arquivo de instalação baixado e siga as instruções padrão, aceitando as configurações padrão.

2. Instalando o RStudio:

- Após a instalação do R, acesse o site da Posit e clique para baixar a versão gratuita do RStudio Desktop.
- Baixe o instalador apropriado para o seu sistema operacional.
- Execute o arquivo de instalação. O RStudio detectará automaticamente a instalação do R existente.

## 1.3 Navegando na interface do RStudio

Ao abrir o RStudio pela primeira vez, a interface se apresenta dividida em quatro painéis ou quadrantes principais, cada um com uma função específica:

1. **Editor de *scripts*** (Superior esquerdo): Este é o seu principal espaço de trabalho. Aqui, você escreverá e salvará seus *scripts* R (arquivos com extensão `.R`). Trabalhar em um *script*, em vez de digitar comandos diretamente no console, é a base da ciência reprodutível, pois permite salvar, comentar e reutilizar seu código.
2. **Console** (Inferior esquerdo): O console é o código R é efetivamente executado. Você pode digitar os comandos diretamente nele para testes rápidos ou executar linhas de códigos do seu *script* (utilizando o atalho `Ctrl+Enter`). A saída dos comandos também aparecerá aqui.
3. **Ambiente e Histórico** (Superior direito): A aba *Environment* mostra todos os objetos (como *datasets*, variáveis, etc.) que foram criadas na sessão atual do R. Já a aba *History* mantém um registro de todos os comandos utilizados.

[2]Um outro repositório conhecido na comunidade científica para pacotes com o intuítuo de modelagem na biologia, em especial na genética, é o Bioconductor.

4. **Arquivos, Gráficos, Pacotes e Ajuda** (Inferior direita): Este painel multifuncional permite navegar pelos arquivos do seu computador (*Files*) , visualizar gráficos gerados (*Plots*), gerenciar pacotes instalados (*Packages*), e acessar documentações de ajuda do R (*Help*).

É importante salientar que o RStudio permite customizações, como a alteração das posições dos painéis.

## 1.4 O conceito de pacotes

A grande força do R reside em seu ecossistema de pacotes. Um pacote é a coleção de funções, dados e documentação que estende as capacidades iniciais do R. Para qualquer tarefa estatística ou de manipulação de dados que se possa imaginar, provavelmente existe algum pacote que a facilita.

### 1.4.1 Instalando e Carregando Pacotes Essenciais

Existe uma distinção básica a ser realizada entre instalar e carregar um pacote.

- **Instalação**: É o ato de baixar o pacote do CRAN e instalá-lo no computador. Isso é realizado apenas uma vez para cada pacote.
- **Carregamento**: É o ato de carregar o pacote instalado em sua sessão do R de forma que as funções adicionais fiquem disponíveis para uso. Isso precisa ser feito toda vez que uma sessão no R é iniciada.

Para este material, os pacotes centrais são: `tidyverse`, `lme4`, `lmerTest` e `nlme`. Um dos métodos para instalar pacotes R no computador é por meio da função `install.packages()`:

```
# Instala o pacote tidyverse, que inclui dplyr, ggplot2 e outros
install.packages("tidyverse")

# Instala o pacote para modelos lineares mistos
install.packages("lme4")

# Instala outros pacotes para modelos mistos
install.packages("lmerTest")
install.packages("nlme")
```

Após a instalação, para usar as funções de um pacote, é preciso carregá-lo com a função `library()`:

```r
library(tidyverse)
```

Cabe ressaltar que, ao longo do uso de diversos pacotes, podem ocorrer conflitos de funções com o mesmo nome. Nesses casos, a solução mais prática é utilizar a notação `pacote::funcao` para indicar explicitamente ao R de qual biblioteca desejamos chamar a função.

## 1.5 Diretório de Trabalho e Projetos RStudio

O diretório de trabalho é a pasta no seu computador onde o R irá procurar por arquivos para ler e onde, também, salvará os arquivos criados (como gráficos, *scripts* e *datasets* modificados). É possível identificar o diretório atual através do comando `getwd()` e, embora também seja possível defini-la manualmente com a função `setwd("caminho/para/sua/pasta")`, essa prática não é aconselhável, visto que o uso de caminhos de arquivos absolutos torna o código não portável; ou seja, ele não irá funcionar se você mover a pasta do projeto ou tentá-la executá-lo em outro computador.

A solução moderna e robusta para esse problema é a utilização de **Projetos RStudio**. Um projeto RStudio (extensão `.Rproj`) é um arquivo que você cria dentro de uma pasta do seu projeto de pesquisa. Ao abrir um projeto, o RStudio automaticamente define o diretório de trabalho para aquela pasta. Isso garante que todos os caminhos de arquivo do seu código possam ser relativos à raiz do projeto, tornando sua análise totalmente reprodutível e compartilhável de forma eficaz. Outra maneira de criar projetos é através do próprio RStudio, através das seguintes instruções `File > New Project > New Directory > New Project` e nesta última etapa, você escolherá um nome para o projeto e a pasta de sua pesquisa, finalizando em `Create Project`. A criação de um projeto para cada análise de pesquisa é uma prática fundamental para a organização e a reprodutibilidade científica.

## 1.6 R Básico

A leitura desta sessão é aconselhada para o leitor que nunca teve contato com o R. Os tópicos introduzidos são especiais para a compreensão do que é um *dataframe*, a estrutura dos *datasets* dentro do R, e quais operações estarão sendo realizadas quando estivermos efetuando filtragens e modificações de suas colunas. Também são importantes para a compreensão do que é uma função no R.

### 1.6.1 Operadores Matemáticos

Os operadores matemáticos, também conhecidos por operadores binários, dentro do ambiente R soam como familiares. A Tabela 1.1 exibe os operadores mais básicos utilizados.

Para exemplificar como efetuar cálculos de expressões matemáticas no R, suponha que desenhamos calcular o valor de:

$$2 \times 2 + \frac{4+4}{2}.$$

Para isso, escrevemos `2*2 + (4+4)/2` no console para determinarmos o resultado

```
2*2 + (4+4)/2
```

```
[1] 8
```

Tabela 1.1: Operadores matemáticos básicos.

| Operadores | Descrição |
|---|---|
| + | Adição |
| - | Subtração |
| * | Multiplicação |
| / | Divisão |
| ^ | Exponenciação |

### 1.6.2 Objetos e funções

O R permite guardar valores dentro de um **objeto**. Um objeto é simplesmente um nome que guarda uma determinada informação na memória do computador, que é criado por meio do operador `<-`. Veja que no código a seguir

```
x <- 10 # Salvando "10" em "x"
x       # Avaliando o objeto "x"
```

```
[1] 10
```

foi salvo que a informação que `x` carrega é o valor `10`. Portanto, toda vez que o objeto `x` for avaliado, o R irá devolver o valor `10`.

É importante ressaltar que há regras para a nomeação dos objetos, dentre elas, não começar com números. Assim, todos os seguintes exemplos são permitidos: `x <- 1`, `x1 <- 1`,

`meu_objeto <- 1`, `meu.objeto <- 1`. Ainda, o R diferencia letras minúsculas de maiúsculas, então objetos como `y` e `Y` são diferentes.

Enquanto que os objetos são nomes que salvam informações de valores, **funções** são nomes que guardam informações de um código R, retornando algum resultado programado. A sintaxe básica de uma função é `nome_funcao(arg1, arg2, ...)`. Os valores dentro dos parênteses são chamados por **argumentos**, que são informações necessárias para o bom funcionamento de uma função. Às vezes, uma função não necessita do fornecimento de argumentos específicos.

Uma função simples, porém útil, é a `sum()`. Ela consiste em somar os valores passados em seu argumento. Suponha que desejamos somar `1+2+3+4+5`. Assim,

```
sum(1,2,3,4,5)
```

```
[1] 15
```

é possível reparar que o resultado é 15.

A classe de um objeto é muito importante na programação em R. É a partir disso que as funções e operadores conseguem entender o que fazer com cada objeto. Há uma infinidade de classes, dentre as mais conhecidas são: `numeric`, `character`, `data.frame`, `logical` e `factor`. Para averiguar o tipo de classe, a função `class()` retorna exatamente a classe do objeto.

```
class("a")
```

```
[1] "character"
```

```
class(1)
```

```
[1] "numeric"
```

```
class(mtcars)
```

```
[1] "data.frame"
```

```
class(TRUE)
```

```
[1] "logical"
```

### 1.6.3 Importanto dados

Uma atividade importante para qualquer análise estatística que vier ser feita no R é importante importar os dados para o ambiente de trabalho, que ficarão guardados dentro de um objeto no projeto RStudio – afinal, como faríamos as análises sem os dados? No contexto da Biologia, isso costuma significar ler arquivos com medidas de peso, contagens de indivíduos, medidas de comprimento etc., geralmente armazenados em formatos de texto (`.csv` ou `.tsv`) ou planilhas (`.xlsx`). As principais funções para cada ocasião de arquivo são:

- CSV com cabeçalho:

```
dados <- read.csv("dados.csv",
  header = TRUE, # indica que há cabeçalho
  sep    = ",",  # separador vírgula
  stringsAsFactors = FALSE # evita conversão automática em fatores
)
```

- TXT ou TSV com tabulação:

```
dados <- read.delim("dadostsv",
  header = TRUE,
  sep    = "\t"
)
```

- Planilhas no Excel (arquivos `.xlsx`):

```
dados <- readxl::read_excel("dados.xlsx",
  sheet = "Planilha1" # aqui você escolhe a planilha a ser lida
)
```

Ressaltamos, neste caso, a necessidade da utilização da biblioteca `readxl` para que seja possível lermos planilhas no R.

### 1.6.4 Vetores e *Data frames*

Vetores são uma estrutura fundamental dentro do R, em especial, é a partir deles que os *data frames* são construídos. Por definição, são conjuntos indexados de valores e para criá-los, basta utilizar a função `c()` com valores separados por vírgula (ex.: `c(1,2,4,10)`). Para acessar um valor dentro de um determinado vetor, utiliza-se os colchetes `[]`:

```r
vetor <- c("a", "b", "c")

# Acessando valor "b"
vetor[2]
```

```
[1] "b"
```

Um vetor só pode guardar um tipo de objeto e ele terá sempre a mesma classe dos objetos que guarda. Caso tentarmos misturar duas classes, o R vai apresentar o comportamento conhecido como **coerção**.

```r
class(c(1,2,3))
```

```
[1] "numeric"
```

```r
class(vetor)
```

```
[1] "character"
```

```r
class(c(1,2,"a","b"))
```

```
[1] "character"
```

Neste caso, todos os elementos do vetor se transformaram em texto.

Assim, também, *data frames* são de extrema importância no R, visto que são os objetos que guardam os dados e são equivalentes a uma planilha do Excel. A principal característica é possuir linha e colunas. Em geral, as colunas são vetores de mesmo tamanho (ou dimensão). Um valor específico de um *data frame* pode ser acessado, também, via colchetes `[]`:

```r
class(mtcars)
```

```
[1] "data.frame"
```

```r
mtcars[1,2]
```

```
[1] 6
```

`mtcars` é um conjunto de dados muito conhecido na comunidade R.

### 1.6.5 Fatores

Fatores são uma classe de objetos no R criada para representar variáveis categóricas numericamente. A característica que define essa classe é o atributo `levels`, que representam as possíveis categorias de uma variável categórica.

A título de exemplificação, considere o objeto `sexo` que contém as informações do sexo de uma pessoa. As possibilidades são: `F` (feminino) e `M` (masculino). Por padrão, o R interpreta essa variável como texto (*character*), no entanto, é possível transformá-la em fator por meio da função `as.factor()`.

```
sexo <- c("F", "F", "M", "M", "F")
class(sexo)
```

```
[1] "character"
```

```
# Transformando em fator
class(as.factor(sexo))
```

```
[1] "factor"
```

```
as.factor(sexo)
```

```
[1] F F M M F
Levels: F M
```

Observa-se que a linha adicional `Levels: F M` indicam as categorias. Por padrão, o R ordena esses níveis em ordem alfabética. Para facilitar os cálculos e análises, o R interpreta os níveis categóricos como sendo números distintos, sendo assim, dentro do nosso exemplo `F` representaria o número `0` e `M` representaria o `1`.

### 1.6.6 Valores especiais

Valores como `NA`, `NaN`, `Inf` e `NULL` ocorrem frequentemente dentro do mundo da programação estatística no R. Em resumo:

- `NA` representa a Ausência de Informação. Suponha que o vetor `idades` que representa a idade de três pessoas. Uma situação que pode ocorrer é `idades <- c(10, NA, NA)`. Portanto, não é sabido a idade das pessoas 2 e 3.

- `NaN` representa indefinições matemáticas. Um exemplo típico é o valor $\log -1$, do qual $x = -1$ não pertence aos possíveis valores de saída da função logarítmica, gerando um `NaN` (*Not a number*).

```
log(-1)
```

```
Warning in log(-1): NaNs produzidos
```

```
[1] NaN
```

- `Inf` representa um número muito grande ou um limite matemático. Exemplos:

```
# Número muito grande
10^510
```

```
[1] Inf
```

```
# Limite matemático
1/0
```

```
[1] Inf
```

- `NULL` representa a ausência de um objeto. Muitas vezes define-se um objeto como nulo para dizer ao R que não desejamos atribuir valores a ele.

### 1.6.7 Pedindo ajuda

Uma das coisas que intimidam novos programadores, independente da linguagem utilizada, é a ocorrência de erros. Neste sentido, o R pode ser um grande aliado, pois ele relata mensagens, erros e avisos sobre o código no console, como se fosse uma espécie de resposta e/ou comunicação. As situações são:

- `Error`: em situações de erro legítimo aparecerá mensagens do tipo `Error in ...` e tentará explicar o que há de errado. Nestas situações o código, geralmente, não é executado. Por exemplo: `Error in ggplot(...) : could not find function "ggplot"`.
- `Warning`: em situações de avisos, o R exibirá uma mensagem do tipo `Warning: ...` e tentará explicar o motivo do aviso. Geralmente, o código será executado, mas com algumas ressalvas. Por exemplo: `Warning: Removed 2 rows containing missing values (geom_point)`.

- `Message`: quando o texto exibido não se enquadra nas duas opções anteriores, dizemos que é apenas uma mensagem. Pense, nessa situação, que tudo está acontecendo como o esperado e está tudo bem.

Quando surgir qualquer uma dessas saídas, não estaremos perdidos, pois o R oferece mecanismos para encontrarmos respostas. Afinal, nem todo mundo decorou todas as funções ou argumentos. Os principais mecanismos são:

- `?função` ou `help(função)` para consultar a documentação oficial.
- `??termo` e `help.search("termo")` para buscas por palavras-chave.

Além disso, o RStudio oferece alguns *Cheatsheets* (resumo de códigos) que podem ajudar com determinados pacotes. E, por fim, existem grandes comunidade online, tais como: Stack Overflow e RStudio Community dos quais também podem serem úteis.

# 2 Tidyverse

O `tidyverse` (WICKHAM ET AL., 2019) é um ecossistema de pacotes R que reúne as tarefas essenciais de qualquer fluxo de trabalho em ciência de dados: importação, organização, manipulação, visualização e programação. Seu principal objetivo é criar uma sintaxe consistente e legível, facilitando a comunicação entre quem escreve o código e quem o executa. Note-se que, embora o tidyverse cubra grande parte do fluxo de trabalho, ele não inclui ferramentas específicas de modelagem estatística.

Para facilitar essa integração, o `tidyverse` utiliza intensamente do operador pipe[1] (%>%) , que passa o resultado de uma etapa diretamente para a próxima, evitando aninhamentos confusos. Ao carregar o pacote, diversos módulos são automaticamente disponibilizados:

```
library(tidyverse)
```

```
-- Attaching core tidyverse packages ------ tidyverse 2.0.0 --
 dplyr     1.1.4      readr     2.1.5
 forcats   1.0.0      stringr   1.5.1
 ggplot2   3.5.2      tibble    3.2.1
 lubridate 1.9.4      tidyr     1.3.1
 purrr     1.0.4
-- Conflicts ------------------------------ tidyverse_conflicts() --
x dplyr::filter() masks stats::filter()
x dplyr::lag()    masks stats::lag()
i Use the conflicted package (http://conflicted.r-lib.org/)
  to force all conflicts to become errors
```

Entre os principais estão:

- `ggplot2` (visualização de dados);
- `dplyr` (manipulação de dados);
- `tidyr` (formatação "*long*"/"*wide*");

[1] A partir da versão 4.1 do R, existe também o operador pipe nativo |>. No entanto, nesta apostila manteremos o uso de %>%, amplamente adotado no contexto do tidyverse.

- `readr` (leitura eficiente de arquivos de texto);
- `tibble` (versão moderna do `data.frame`);
- `purrr` (programação funcional);
- `stringr`, `forcats` e outros.

Como dito, muitos pacotes definem funções com nomes idênticos, sendo costatumum que o console exiba nomes como:

```
The following objects are masked from 'package:stats':
    filter, lag
```

Um pilar do `tidyverse` é a adoção do princípio `tidy` (WICKHAM, 2014), em que:

- Cada variável ocupa uma coluna;
- Cada observação ocupa uma linha;
- Cada tipo de entidade observacional fica em sua própria tabela.

Nesse contexto, a **entidade observacional** é o conceito central que define o que uma linha representa. Pode ser um paciente em um estudo clínico, um país em dados econômicos ou, como nos exemplos a seguir:

- **Aves**: Cada linha corresponde a uma única ave, registrando suas características (peso, envergadura, espécie, etc.).
- **Plantas**: Cada linha representa um vaso de planta em um experimento (altura, número de folhas, tipo de solo, etc.).

A estrutura de dados que implementa essa filosofia no `tidyverse` é o `tibble`. Ele é a versão moderna do `data.frame`, projetado para ser mais prático e informativo, exibindo resumos concisos dos dados e fornecendo diagnósticos mais úteis.

Uma vez apresentada a filosofia e a estrutura de dados do `tidyverse`, o foco se volta para a aplicação prática. A seguir, a concentração do material residirá nos dois pacotes centrais do `tidyverse`: o `dplyr`, para manipulação de dados, e o `ggplot2`, para a criação de gráficos.

## 2.1 Manipulação de dados com o pacote `dplyr`

O `dplyr` é um pacote do `tidyverse` que fornece um conjunto de ferramentas robustas e intuitivas para manipulação de dados. Os comandos oferecidos soam um tanto quanto intuitivos, correspondendo ações comuns na área de análise de dados. Para explorar as principais funções

será utilizado o *dataset* `penguins`, focando em processos de filtragem, organização, transformação e resumos dos dados, permitindo responder a perguntas básicas sobre a biologia e ecologia dos pinguins.

O primeiro passo a ser feito é instalar a biblioteca `palmerpenguins` e, em seguida, carregá-la no ambiente de trabalho, para que possamos realizar uma inspeção inicial na estrutura dos dados.

```
install.packages("palmerpenguins") # Realizar apenas uma única vez
```

```
library(palmerpenguins)
```

Para carregarmos os dados sobre pinguins no ambiente de trabalho, podemos utilizar a função `data()`:

```
data("penguins", package = "palmerpenguins")
```

Podemos observar que no painel **Environment** do RStudio, aparece o objeto `penguins`, isso significa que o conjunto de dados está carregado no ambiente de trabalho e podemos dar início nas inspeções. O primeiro comando que será visto é o `glimpse()`. Ele exibe, de maneira prática e rápida, a estrutura do *dataset* como: dimensão (número de linhas e colunas), o nome de cada coluna, o tipo de dado de cada coluna e as primeiras observações.

```
glimpse(penguins)
```

```
Rows: 344
Columns: 8
$ species           <fct> Adelie, Adelie, Adelie, Adelie, Adelie, Adelie, Adel~
$ island            <fct> Torgersen, Torgersen, Torgersen, Torgersen, Torgerse~
$ bill_length_mm    <dbl> 39.1, 39.5, 40.3, NA, 36.7, 39.3, 38.9, 39.2, 34.1, ~
$ bill_depth_mm     <dbl> 18.7, 17.4, 18.0, NA, 19.3, 20.6, 17.8, 19.6, 18.1, ~
$ flipper_length_mm <int> 181, 186, 195, NA, 193, 190, 181, 195, 193, 190, 186~
$ body_mass_g       <int> 3750, 3800, 3250, NA, 3450, 3650, 3625, 4675, 3475, ~
$ sex               <fct> male, female, female, NA, female, male, female, male~
$ year              <int> 2007, 2007, 2007, 2007, 2007, 2007, 2007, 2007, 2007~
```

A saída deste comando revela que existem 344 observações e 8 variáveis, sendo elas `species`, `island`, `bill_length_mm`, `flipper_length_mm`, `body_mass_g`, `sex` e `year`, com seus respectivos tipos, como `factor` para `species` e `numeric` para `bill_length_mm`. Além disso, é possível observar dados ausentes em algumas variáveis, representados por `NA`. Em geral,

nos *datasets* disponíveis em pacotes R, é possível utilizar o comando `help(penguins)` para buscar informações sobre o conjunto de dados que será trabalhado.

Executando o comando de ajuda, são obtidas as seguintes informações sobre as variáveis:

- `species`: um fator que denota a espécie do pinguim (Adélie, Chinstrap ou Gentoo).
- `island`: um fator que denota ilhas no Arquipélago Palmer na Antártica (Biscoe, Dream ou Torgersen).
- `bill_length_mm`: um número que representa o comprimento do bico (em milímetros).
- `bill_depth_mm`: um número que representa a profundidade do bico (em milímetros).
- `flipper_length_mm`: um número que representa o comprimento da nadadeira (em milímetros).
- `body_mass_g`: um número inteiro que representa a massa do animal (em gramas).
- `sex`: um fator que representa o sexo do animal (feminino ou masculino).
- `year`: um número inteiro que denota o ano de estudo (2007, 2008 ou 2009).

Adicionalmente, também é informado que os dados foram originalmente publicados no estudo de Gorman et al. (2014) e que essa pesquisa fez parte do programa *Palmer Station Long-Term Ecological Research* (LTER). Isso significa que o conjunto de dados que está sendo utilizado possui uma origem científica real, ligada a questões sobre como o ambiente e as diferenças entre sexos afetam a vida dessas aves.

A segunda função que será vista é o `select()`. Frequentemente, um conjunto de dados contém mais informações do que o necessário para uma análise específica. Com isso em mente, a função `select()` permite-nos selecionar colunas de interesse. Em geral, os argumentos são os nomes das colunas.

```
penguins %>%
  select(species, island, sex)
```

```
# A tibble: 344 x 3
   species island    sex
   <fct>   <fct>     <fct>
 1 Adelie  Torgersen male
 2 Adelie  Torgersen female
 3 Adelie  Torgersen female
 4 Adelie  Torgersen <NA>
 5 Adelie  Torgersen female
 6 Adelie  Torgersen male
 7 Adelie  Torgersen female
```

```
 8 Adelie  Torgersen male
 9 Adelie  Torgersen <NA>
10 Adelie  Torgersen <NA>
# i 334 more rows
```

O `dplyr` também oferece "seletores auxiliares" que tornam a seleção mais poderosa e flexível. Por exemplo, caso desejarmos selecionar todas as medidas biométricas contidas no *dataset* que terminam com `_mm`, é possível usar a função-argumento `ends_with()` dentro de `select()`:

```
penguins %>%
  select(
    body_mass_g, ends_with("_mm")
  )
```

```
# A tibble: 344 x 4
   body_mass_g bill_length_mm bill_depth_mm flipper_length_mm
         <int>          <dbl>         <dbl>              <int>
 1        3750           39.1          18.7                181
 2        3800           39.5          17.4                186
 3        3250           40.3          18                  195
 4          NA           NA            NA                   NA
 5        3450           36.7          19.3                193
 6        3650           39.3          20.6                190
 7        3625           38.9          17.8                181
 8        4675           39.2          19.6                195
 9        3475           34.1          18.1                193
10        4250           42            20.2                190
# i 334 more rows
```

Outros seletores úteis incluem `starts_with()` e `contains()`. Para remover colunas, utiliza-se o sinal de menos (`-`). Por exemplo, deseja-se remover as colunas `ano` e `island`:

```
penguins %>%
  select(-year, -island)
```

```
# A tibble: 344 x 6
   species bill_length_mm bill_depth_mm flipper_length_mm body_mass_g sex
   <fct>            <dbl>         <dbl>              <int>       <int> <fct>
 1 Adelie            39.1          18.7                181        3750 male
```

```
 2 Adelie              39.5          17.4               186        3800 female
 3 Adelie              40.3          18                 195        3250 female
 4 Adelie              NA            NA                  NA          NA <NA>
 5 Adelie              36.7          19.3               193        3450 female
 6 Adelie              39.3          20.6               190        3650 male
 7 Adelie              38.9          17.8               181        3625 female
 8 Adelie              39.2          19.6               195        4675 male
 9 Adelie              34.1          18.1               193        3475 <NA>
10 Adelie              42            20.2               190        4250 <NA>
# i 334 more rows
```

Antes prosseguirmos para a próxima função, vale destacar que o conjunto de dados `penguins` é um objeto `tibble` dentro do R e, portanto, por mais que existam 344 observações, o `tibble` enxuga a visualização para somente 10, além de indicar quantas linhas ainda existem.

A terceira função é o `filter()`. Enquanto `select()` trabalha nas colunas, o `filter()` trabalha nas linhas, permitindo-nos manter apenas as observações que satisfazem certas condições. É aqui que é possível responder perguntas investigadas com relação aos dados. Por exemplo, para encontrar todos os pinguins da espécie Adelie que vivem na ilha Torgersen:

```
penguins %>%
  filter(
      species == "Adelie", island == "Torgersen"
    )
```

```
# A tibble: 52 x 8
   species island    bill_length_mm bill_depth_mm flipper_length_mm body_mass_g
   <fct>   <fct>              <dbl>         <dbl>             <int>       <int>
 1 Adelie  Torgersen           39.1          18.7               181        3750
 2 Adelie  Torgersen           39.5          17.4               186        3800
 3 Adelie  Torgersen           40.3          18                 195        3250
 4 Adelie  Torgersen           NA            NA                  NA          NA
 5 Adelie  Torgersen           36.7          19.3               193        3450
 6 Adelie  Torgersen           39.3          20.6               190        3650
 7 Adelie  Torgersen           38.9          17.8               181        3625
 8 Adelie  Torgersen           39.2          19.6               195        4675
 9 Adelie  Torgersen           34.1          18.1               193        3475
10 Adelie  Torgersen           42            20.2               190        4250
# i 42 more rows
# i 2 more variables: sex <fct>, year <int>
```

Neste exemplo, as condições separadas por vírgula são unidas por um "E" lógico. Também é possível utilizar o "OU" lógico para determinar pinguins mais pesados (acima de 6000g) ou com bicos muito longos (mais de 55mm) através do conectivo `|`:

```
penguins %>%
  filter(
    body_mass_g > 6000 | bill_length_mm > 55
  )
```

```
# A tibble: 6 x 8
  species   island bill_length_mm bill_depth_mm flipper_length_mm body_mass_g
  <fct>     <fct>           <dbl>         <dbl>             <int>       <int>
1 Gentoo    Biscoe           49.2          15.2               221        6300
2 Gentoo    Biscoe           59.6          17                 230        6050
3 Gentoo    Biscoe           55.9          17                 228        5600
4 Gentoo    Biscoe           55.1          16                 230        5850
5 Chinstrap Dream            58            17.8               181        3700
6 Chinstrap Dream            55.8          19.8               207        4000
# i 2 more variables: sex <fct>, year <int>
```

O `filter()` também permite encontrar valores ausentes (`NA`s) em conjunto da função `is.na()`. Por exemplo, deseja-se verificar quais pinguins não tiveram seu sexo registrado:

```
penguins %>%
  filter(is.na(sex))
```

```
# A tibble: 11 x 8
   species island    bill_length_mm bill_depth_mm flipper_length_mm body_mass_g
   <fct>   <fct>              <dbl>         <dbl>             <int>       <int>
 1 Adelie  Torgersen           NA            NA                  NA          NA
 2 Adelie  Torgersen           34.1          18.1               193        3475
 3 Adelie  Torgersen           42            20.2               190        4250
 4 Adelie  Torgersen           37.8          17.1               186        3300
 5 Adelie  Torgersen           37.8          17.3               180        3700
 6 Adelie  Dream               37.5          18.9               179        2975
 7 Gentoo  Biscoe              44.5          14.3               216        4100
 8 Gentoo  Biscoe              46.2          14.4               214        4650
 9 Gentoo  Biscoe              47.3          13.8               216        4725
10 Gentoo  Biscoe              44.5          15.7               217        4875
11 Gentoo  Biscoe              NA            NA                  NA          NA
# i 2 more variables: sex <fct>, year <int>
```

A interpretação do `NA` é relativa ao contexto dos dados. No caso das observações sobre os pinguins, os valores ausentes na variável `sex` permite identificar pinguins que não tiveram o sexo avaliado, tornando um provável erro frustrante de coleta de dados para um objeto de investigação. O pacote `tidyr`, também do `tidyverse`, oferece a função `drop_na()`, que remove quaisquer linhas que contenham `NA`s, permitindo a criação de um *dataset* auxiliar:

```
penguins_completos <- penguins %>%
  drop_na()
```

A quarta função que será apresentada é `arrange()`, que permite reordenar as linhas do dataframe com base nos valores de uma ou mais colunas. Isso é útil para encontrar extremos ou simplesmente para organizar a saída de uma forma mais lógica. Para encontrar os pinguins mais leves, ordenamos pela massa corporal em ordem crescente (o padrão):

```
penguins %>%
  arrange(body_mass_g)
```

```
# A tibble: 344 x 8
   species   island   bill_length_mm bill_depth_mm flipper_length_mm body_mass_g
   <fct>     <fct>             <dbl>         <dbl>             <int>       <int>
 1 Chinstrap Dream              46.9          16.6               192        2700
 2 Adelie    Biscoe             36.5          16.6               181        2850
 3 Adelie    Biscoe             36.4          17.1               184        2850
 4 Adelie    Biscoe             34.5          18.1               187        2900
 5 Adelie    Dream              33.1          16.1               178        2900
 6 Adelie    Torgers~           38.6          17                 188        2900
 7 Chinstrap Dream              43.2          16.6               187        2900
 8 Adelie    Biscoe             37.9          18.6               193        2925
 9 Adelie    Dream              37.5          18.9               179        2975
10 Adelie    Dream              37            16.9               185        3000
# i 334 more rows
# i 2 more variables: sex <fct>, year <int>
```

Para ordenar os valores em ordem decrescente (do maior para o menor), utilizamos a função auxiliar `desc()`, desta maneira, encontramos os pinguins mais pesados:

```
penguins %>%
  arrange(desc(body_mass_g))
```

```
# A tibble: 344 x 8
   species island bill_length_mm bill_depth_mm flipper_length_mm body_mass_g
   <fct>   <fct>           <dbl>         <dbl>             <int>       <int>
 1 Gentoo  Biscoe           49.2          15.2               221        6300
 2 Gentoo  Biscoe           59.6          17                 230        6050
 3 Gentoo  Biscoe           51.1          16.3               220        6000
 4 Gentoo  Biscoe           48.8          16.2               222        6000
 5 Gentoo  Biscoe           45.2          16.4               223        5950
 6 Gentoo  Biscoe           49.8          15.9               229        5950
 7 Gentoo  Biscoe           48.4          14.6               213        5850
 8 Gentoo  Biscoe           49.3          15.7               217        5850
 9 Gentoo  Biscoe           55.1          16                 230        5850
10 Gentoo  Biscoe           49.5          16.2               229        5800
# i 334 more rows
# i 2 more variables: sex <fct>, year <int>
```

Também é possível ordenar múltiplas colunas. Por exemplo, para encontrar o pinguim mais pesado dentro de cada espécie:

```r
penguins %>%
  arrange(
    species, # Primeiro por espécie
    desc(body_mass_g) # Depois por massa decrescente
  )
```

```
# A tibble: 344 x 8
   species island    bill_length_mm bill_depth_mm flipper_length_mm body_mass_g
   <fct>   <fct>              <dbl>         <dbl>             <int>       <int>
 1 Adelie  Biscoe              43.2          19                 197        4775
 2 Adelie  Biscoe              41            20                 203        4725
 3 Adelie  Torgersen           42.9          17.6               196        4700
 4 Adelie  Torgersen           39.2          19.6               195        4675
 5 Adelie  Dream               39.8          19.1               184        4650
 6 Adelie  Dream               39.6          18.8               190        4600
 7 Adelie  Biscoe              45.6          20.3               191        4600
 8 Adelie  Torgersen           42.5          20.7               197        4500
 9 Adelie  Dream               37.5          18.5               199        4475
10 Adelie  Torgersen           41.8          19.4               198        4450
# i 334 more rows
# i 2 more variables: sex <fct>, year <int>
```

A quinta função e, com certeza, uma das mais funcionais é a `mutate()`. Ela permite criar novas colunas (variáveis) que são funções de colunas já existentes, sem modificar as originais. Por exemplo, suponha que desejamos mostrar somente as espécies e massas de pinguins em quilogramas (kg):

```
penguins %>%
  mutate(body_mass_kg = body_mass_g/1000) %>%
  select(species, body_mass_kg)
```

```
# A tibble: 344 x 2
   species body_mass_kg
   <fct>          <dbl>
 1 Adelie          3.75
 2 Adelie          3.8
 3 Adelie          3.25
 4 Adelie         NA
 5 Adelie          3.45
 6 Adelie          3.65
 7 Adelie          3.62
 8 Adelie          4.68
 9 Adelie          3.48
10 Adelie          4.25
# i 334 more rows
```

Podemos usar `mutate()` para criar categorias. A função `case_when()` é extremamente útil para criar classificações baseadas em condições lógicas., Suponha que desejamos criar uma categoria de tamanho baseada na massa corporal:

```
penguins %>%
  mutate(
    size_category = case_when(
      body_mass_g > 4750 ~ "Grande",
      body_mass_g < 3500 ~ "Pequeno",
      TRUE ~ "Médio"
    )
  ) %>%
  select(
    species, body_mass_g, size_category
  )
```

```
# A tibble: 344 x 3
   species body_mass_g size_category
   <fct>         <int> <chr>
 1 Adelie         3750 Médio
 2 Adelie         3800 Médio
 3 Adelie         3250 Pequeno
 4 Adelie           NA Médio
 5 Adelie         3450 Pequeno
 6 Adelie         3650 Médio
 7 Adelie         3625 Médio
 8 Adelie         4675 Médio
 9 Adelie         3475 Pequeno
10 Adelie         4250 Médio
# i 334 more rows
```

As funções `group_by()` e `summarise()` formam uma dupla formidável para agrupar e resumir os dados, pertencendo ao coração da análise de dados. A função `summarise()` erve para calcular estatísticas resumidas (como média, total, mínimo etc.) e, quando usada em conjunto com `group_by()` permite gerar resumos por grupo.

Inicialmente, vamos utilizar o `summarise()` no *dataset* completo para obter estatísticas globais. Não obstante, é bom frisar a utilização do argumento `na.rm = TRUE` para instruir a remoção dos valores `NA`.

```
penguins %>%
  summarise(
    massa_media = mean(body_mass_g, na.rm = TRUE),
    nadadeira_max = max(flipper_length_mm, na.rm = TRUE)
  )
```

```
# A tibble: 1 x 2
  massa_media nadadeira_max
        <dbl>         <int>
1       4202.           231
```

No entanto, essas métricas não fornecem informações com relação as espécies de pinguins. Para resolver isso e possibilitar que mais perguntas sejam respondidas, a função `group_by()` permite que o R faça operações em subconjuntos. Por exemplo, suponha que desejamos determinar qual é a massa corporal por espécie:

```r
penguins %>%
  group_by(species) %>%
  summarise(
    massa_media_g = mean(body_mass_g, na.rm = TRUE)
  )
```

```
# A tibble: 3 x 2
  species   massa_media_g
  <fct>             <dbl>
1 Adelie            3701.
2 Chinstrap         3733.
3 Gentoo            5076.
```

Podemos fazer agrupamentos por múltiplas variáveis para investigações mais profundas. Por exemplo, considere que um pesquisador deseja explorar o dimorfismo sexual. Para isso, estatísticas por espécie e sexo serão calculadas.

```r
tabela_resumo <- penguins %>%
  drop_na(sex) %>%
  group_by(species, sex) %>%
  summarise(
    contagem = n(),
    massa_media_g = mean(body_mass_g),
    massa_dp_g = sd(body_mass_g),
    comp_bico_medio_mm = mean(bill_length_mm),
    .groups = "drop"
  )
tabela_resumo
```

Tabela 2.1: Estatísticas descritivas de características biométricas de pinguins, agrupadas por espécie e sexo.

| Espécies | Sexo | Contagem | Massa média (g) | Massa Desvio-padrão (g) | Comprimento médio do bico (mm) |
|---|---|---|---|---|---|
| Adelie | female | 73 | 3368.84 | 269.38 | 37.26 |
| Adelie | male | 73 | 4043.49 | 346.81 | 40.39 |
| Chinstrap | female | 34 | 3527.21 | 285.33 | 46.57 |
| Chinstrap | male | 34 | 3938.97 | 362.14 | 51.09 |
| Gentoo | female | 58 | 4679.74 | 281.58 | 45.56 |
| Gentoo | male | 61 | 5484.84 | 313.16 | 49.47 |

Vale reforçar que a Tabela 2.1 foi gerada usando o `dplyr`, com as funções auxiliares `n()` para realizar a contagem de observações em cada grupo e `drop_na(sex)` para remover as observações onde o sexo é desconhecido, permitindo avaliar dimorfismo sexual em todas as três espécies, especialmente na massa corporal. O grande potencial dessa tabela é obter respostas como:

- Os pinguins Gentoo são, em média, os mais pesados.
- Dentro de cada espécie, os machos são consistentemente mais pesados e têm bicos mais longo que as fêmeas.

Esses resultados permitem tirar conclusões sobre algumas hipóteses biológicas.

Por fim, a última função que será abordada é a `recode()`. Muitas vezes, os nomes das categorias nos conjuntos de dados não são ideais para a análise ou apresentação em gráficos. Podem ser longos demais, estarem em outro idioma ou simplesmente não serem claros. Para isso, a função `recode()` permite renomear valores de uma variável categórica de forma simples e direta. Por exemplo, suponha que desejamos traduzir os termos da variável `sex` da Tabela 2.1 para o português:

```
tabela_resumo %>%
  mutate(
    sex = recode(sex,
                 "female" = "Fêmea",
                 "male" = "Macho")
  )
```

Tabela 2.2: Tradução da variável `sexo` da Tabela 2.1.

| Espécies | Sexo | Contagem | Massa média (g) | Massa Desvio-padrão (g) | Comprimento médio do bico (mm) |
|---|---|---|---|---|---|
| Adelie | Fêmea | 73 | 3368.84 | 269.38 | 37.26 |
| Adelie | Macho | 73 | 4043.49 | 346.81 | 40.39 |
| Chinstrap | Fêmea | 34 | 3527.21 | 285.33 | 46.57 |
| Chinstrap | Macho | 34 | 3938.97 | 362.14 | 51.09 |
| Gentoo | Fêmea | 58 | 4679.74 | 281.58 | 45.56 |
| Gentoo | Macho | 61 | 5484.84 | 313.16 | 49.47 |

As principais funções do pacote `dplyr` que foram vistas estão resumidas e descritas na Tabela 2.3 e agora que aprendemos como manipular os dados com o `dplyr`, podemos avançar para a construção de gráficos com o pacote `ggplot2`.

Tabela 2.3: Descrição das principais funções do `dplyr`.

| Função | Descrição |
|---|---|
| glimpse() | Inspecionar conjuntos de dados. |
| select() | Seleciona colunas pelo nome. |
| filter() | Filtra linhas com base em seus valores. |
| arrange() | Reordena as linhas. |
| mutate() | Cria novas colunas (variáveis). |
| group_by() | Agrupa os dados por uma ou mais variáveis. |
| summarise() | Reduz múltiplos valores a um único resumo. |
| recode() | Renomeia categorias de variáveis. |
| n() | Conta o número de observações. |

## 2.2 Visualização de Dados com `ggplot2`

Se o `dplyr` é a gramática da manipulação de dados, possuindo funções essenciais para esse trabalho, o `ggplot2` (WICKHAM, 2016) é gramática dos gráficos, permitindo construir gráficos por meio de camadas e oferecendo um sistema robusto e flexível para visualização os dados. Nesta seção, continuaremos utilizando os dados dos pinguins para explorar alguns *insights* visuais, desde gráficos mais simples até os mais elaborados.

Todo gráfico no `ggplot2` é constituído por três camadas essenciais:

1. Dados (`data`): O *dataframe* que contém as informações a serem plotadas.
2. Mapeamento Estéticos (`aes`): A função `aes()` (de *aesthetics*) descreve como as variáveis do nosso *dataframe* são mapeadas para as propriedades visuais do gráfico. As estéticas mais comuns são `x` e `y` (os eixos), mas também incluem `color` (cor), `shape` (forma), `size` (tamanho) e `alpha` (transparência/opacidade).
3. Objetos geométricos (`geom`): Os `geoms` definem como os dados são representados visualmente. Por exemplo, `geom_point()` cria um gráfico de dispersão, `geom_bar()` cria um gráfico de barras, `geom_line()` cria um gráfico de linhas, e assim por diante.

### 2.2.1 Estatística descritiva

Antes de explorar as relações gráficas, é útil enfatizar e entender alguns conceitos essenciais da Estatística Descritiva como os tipos de variáveis, normas para tabelas e as definições de frequências.

Em geral, pode-se dizer que existem duas categorias de variáveis dentro da estatística:

1. **Variáveis Qualitativas**: Também chamadas por variáveis categóricas e como o próprio nome diz, expressam qualidade e indicam categoria ou classificação a qual o objeto pertence. Se existir uma ordem entre as possíveis categorias, a variável é dita **qualitativa ordinal**. Caso contrário, é dita ser **qualitativa nominal**.
2. **Variáveis Quantitativas**: São variáveis que tomam valores numéricos e expressam quantidade. Podem ser especificadas por **Variáveis Discretas**, quando assumem valores dentro de um conjunto enumerável (quando é possível contá-las) ou por **Variáveis Continuas**, quando podem assumir infinitos valores de um intervalo não inumerável[2] (não é possível contar o número de valores dentro de um intervalo).

Assim, para explorar e apresentar as informações contidas num conjunto de dados, precisamos resumir essas informações de forma que seja possível enxergá-las rapidamente e adquirir conhecimento sobre o assunto.

O resumo pode ser feito por meio de tabelas, gráficos e cálculo de algumas quantidades representativas. O primeiro passo é identificar o tipo de cada variável para aplicarmos a técnica apropriada.

No entanto, antes de explorarmos a organização dos dados em tabelas e gráficos, são necessários conceitos sobre algumas métricas essenciais denominadas por medidas resumo. Elas oferecem uma forma numérica e concisa de descrever as principais características das variáveis que serão trabalhadas. Em geral, são divididas em duas categorias essenciais: as medidas de tendência central, que informam onde o "centro" dos dados se localiza (como a média, mediana e moda), e as medidas de dispersão, que quantificam o quão espalhados os dados estão (como a amplitude, o desvio padrão e a variância).

A **média aritmética** é definida como sendo a soma de todos os valores dividida pelo número de observações ou indivíduos, ou seja, denotando-se as $n$ observações de uma variável $X$ por $x_1, x_2, \dots, x_n$ e a média por $\bar{x}$ temos:

$$\bar{x} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} x_i$$

As principais propriedades da média são:

- É uma medidas simples e popular;
- É sensível aos valores e discrepantes ou extremos. Portanto, na presença destes, a média pode não ser uma representação de valores típicos;

[2] Tente contar os números do conjunto $A = \{1, 2, 3, 4\}$ e, também, de $B = [1, 4]$. Observe que no conjunto $A$ há 4 elementos, enquanto em $B$ há infinitos valores de 1 a 4.

- É o ponto de equilíbrio da distribuição;
- Para $k$ constante e $X$ variável, têm-se que a média de $(X + k)$ é $(\bar{x} + k)$ e, também, a média de $(kX)$ é $(k\bar{x})$.
- Para $X$ e $Y$ variáveis independentes, a média de $(X \pm Y)$ é $(\bar{x} \pm \bar{y})$.

A **mediana** é o valor do meio de uma distribuição, ou seja, num histograma, é o valor que deixa exatamente 50% dos dados de cada lado. Para determinar o valor exato da mediana é necessário ordenar todos os valores, do menor para o maior. Se $n$, o número de observações, é ímpar então a mediana é o valor que fica exatamente no centro; se $n$ é par, então é a média dos dois valores centrais.

As principais propriedades da mediana são:

- Não é sensível a valores discrepantes e, portanto, é a mais apropriada para representar valores típicos quando a distribuição é assimétrica;
- Não apresenta as propriedades matemáticas convenientes que a média possui.

Quando a distribuição é simétrica, média e mediana são iguais. No entanto, caso contrário, a média estará mais afastada do meio que a mediana no sentido de uma cauda mais longa.

A **moda** é simplesmente o valor mais frequente da variável de estudo e para distribuições simétricas, média, mediana e moda possuem valores iguais.

Uma vez reconhecido o centro da distribuição, é necessário ter uma ideia do quanto os valores estão distantes deste centro. Quanto mais heterogêneo forem os dados, maior a dispersão e vice-versa. Dentre as métricas que dão essa ideia, destacam-se:

A **amplitude** definida pela diferença entre o maior e o menor valor. Além disso, é sensível a valores extremos. O **primeiro quartil** $(q_1)$ e **terceiro quartil** $(q_3)$, que dividem, respectivamente, o conjunto de dados em 25% e 75%. É válido ressaltar que todo conjunto de dados apresentam 3 quartis, dividindo o conjunto ordenado em quatro partes iguais, além disso, o segundo quartil $(q_2)$ é igual a mediana. Essas medidas são úteis na construção do gráfico de caixa (*boxplot*) que será visto em sequência.

O **desvio padrão** $(s)$ é a medida de dispersão mais popular e mede a dispersão de todos os valores em relação à média. Para calculá-lo, primeiramente calcula-se a **variância**, denotada por $s^2$, que é definida por:

$$s^2 = \mathbb{V}(X) = \frac{1}{n-1}\sum_{i=1}^{n}(x_i - \bar{x})^2 = \frac{1}{n-1}\left(\sum_{i=1}^{n} x_i^2 - \frac{\left(\sum_{i=1}^{n} x_i\right)^2}{n}\right)$$

a diferença $(x_i - \bar{x})$ é chamada de desvio, representando o quanto o indivíduo $i$ desviou da média geral. A variância representa a média dos quadrados dos desvios em relação à média. Além disso,

observe que a unidade de medida da variância é a unidade da variável $x$ ao quadrado, dificultando sua interpretação e, para lidar com isso, utiliza-se o desvio-padrão, visto que é seu valor está na mesma escala de medida das observações, em que valores altos indica que os dados estão bastante dispersos e valores baixos, os indivíduos estão próximos da média, mostrando uma homogeneidade nos dados. As principais propriedades da variância (ou do desvio padrão) são:

- Para $k$ constante, $\mathbb{V}(k) = 0$, $\mathbb{V}(k + X) = \mathbb{V}(X)$, $\mathbb{V}(kX) = k^2\mathbb{V}(X)$;
- Para $X$ e $Y$ variáveis independentes, $\mathbb{V}(X \pm Y) = \mathbb{V}(X) + \mathbb{V}(Y)$;
- É sensível aos valores discrepantes e, portanto, só deve ser usada quando a distribuição é simétrica ou aproximadamente simétrica.

Por fim, existe o **coeficiente** de varição (cv), que é uma medida de dispersão em termos de porcentagem da média:

$$\text{cv} = \frac{s}{\bar{x}} \times 100,$$

em que não há unidade de medida e, portanto, serve como métrica de comparação na variação de variáveis diferentes.

Dentro do R, a função `summary()` é a chave mestre que calcula quase todas as métricas que foram vistas. Para exemplificar, selecionaremos apenas a variável `bill_length` do conjunto de dados `penguins` (Tabela 2.4).

```
penguins %>%
  select(bill_length_mm) %>%
  summary()
```

Tabela 2.4: Saída da função `summary()`

| Variável | Min | 1º Quad. | Mediana | Média | 3º Quad. | Max | NAs |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| bill_length_mm | 32.1 | 39.225 | 44.45 | 43.92193 | 48.5 | 59.6 | 2 |

Enquanto as medidas resumo nos fornecem valores pontuais para compreensão do centro e a dispersão, as tabelas oferecem uma visão panorâmica da distribuição dos dados. Organizar as informações de forma tabular é o primeiro para visualizar as frequências de cada categoria ou intervalo, complementando a análise numérica anterior.

As normas gerais para construção de uma tabela envolvem:

- Devem ser auto-explicativas.
- Devem conter um título, que precisa ser simples e claro, indicando informações sobre os dados (do que, onde e quando foram coletados – se forem relevantes).

Além das normas gerais, existem duas convenções importantes a serem seguidas com relação ao título de tabelas e gráficos:

- Em **tabelas** os títulos vem primeiro, em cima da tabela.
- Em **gráficos** os títulos vem por último, embaixo do gráfico.

Se necessário, notas e fontes vêm embaixo, em ambos os casos. Uma tabela começa e termina com um traço horizontal e traços na vertical devem ser evitados, conforme visto na Tabela 2.1 por exemplo.

Uma forma adequada para resumir informações sobre uma variável numa tabela é através da construção de uma **tabela de frequências**, que informa quais valores ou categorias a variável pode tomar, com suas respectivas frequências. Quando a variável é qualitativa, as frequências vão revelar se temos categorias mais comuns (típicas) e categorias raras ou se a distribuição é uniforme/homogênea. Já quando a variável é quantitativa, as frequências revelarão os valores típicos e/ou a distribuição dos valores é simétricas ou assimétrica.

Existem alguns tipos de frequência que podem ser utilizados para resumir as informações, dentre eles:

- Frequência absoluta ou simplesmente frequência ($f$): é a contagem do número de vezes que um valor ou categoria aparece.
- Frequência relativa (fr $= f/n$): quando esse valor é multiplicado por $100$, informa a porcentagem do aparecimento de uma determinada categoria sobre o número total de contagem.
- Frequência acumulada (fa): é a frequência acumulada até um valor específico.
- Frequência acumulada relativa (far $=$ fa$/n$): quando esse valor é multiplicado por $100$, informa a porcentagem acumulada do aparecimento de uma determinada categoria sobre o número total de contagem.

A Tabela 2.5 contém as informações sobre as frequências de cada espécie de pinguim existente no conjunto de dados `penguins`. As informações básicas que podem ser extraídas é que entre as espécies dentro do estudo sobre pinguins 44.2% são *Adelie*, 36% são *Gentoo* e 19.8% são *Chinstrap*.

Tabela 2.5: Distribuição de frequências para as espécies de Pinguins.

| Espécies | Frequência | Frequência absoluta | Porcentagem |
|---|---|---|---|
| Adelie | 152 | 0.442 | 44.2% |
| Gentoo | 124 | 0.360 | 36% |
| Chinstrap | 68 | 0.198 | 19.8% |
| Total | 344 | 1.000 | 100% |

Quando a variável é quantitativa e assume muitos valores distintos, para resumir e capturar o padrão da distribuição, esses valores devem ser agrupados em intervalos. A quantidade de intervalos é arbitrário, no entanto, não pode ser nem muito baixo e nem muito alto. O próximo passo é especificar os intervalos, contando quantos valores aparecem dentro de cada um deles.

Para exemplificar, utilizaremos a variável `body_mass_g` de nosso conjunto de dados sobre os pinguins. Em geral, segue-se os passos:

1. Calcular a amplitude ($A$) dos dados.

```
penguins %>%
  summarise(
    maior = max(body_mass_g, na.rm = TRUE),
    menor = min(body_mass_g, na.rm = TRUE),
    amplitude = max(body_mass_g, na.rm = TRUE) - min(body_mass_g, na.rm = TRUE))
```

```
# A tibble: 1 x 3
  maior menor amplitude
  <int> <int>     <int>
1  6300  2700      3600
```

```
# Ou ainda
A <- penguins %>%
  summarise(
    amplitude = diff(range(body_mass_g, na.rm = TRUE))
  )
```

2. Encontrar o comprimento aproximado de cada intervalo, dividindo $A$ pelo número de intervalos desejados.

```
A/6
```

```
  amplitude
1       600
```

A partir da Tabela 2.6 e pela coluna das frequências relativas, observa-se que a distribuição do peso é assimétrica. Em breve, isso será observado graficamente.

Tabela 2.6: Distribuição de frequências para a massa corporal (g) dos pinguins.

| Massa corporal (g) | Frequência | f.r. (%) | f.a.r. (%) |
|---|---|---|---|
| 2700 ⊢ 3300 | 34 | 9.94% | 9.94% |
| 3300 ⊢ 3900 | 110 | 32.16% | 42.11% |
| 3900 ⊢ 4500 | 80 | 23.39% | 65.5% |
| 4500 ⊢ 5100 | 60 | 17.54% | 83.04% |
| 5100 ⊢ 5700 | 41 | 11.99% | 95.03% |
| 5700 ⊢ 6300 | 17 | 4.97% | 100% |

### 2.2.2 Tipos de gráficos

As distribuições de frequências podem ser representadas em gráficos, que facilitam a interpretação visual do comportamento dos dados. Os gráficos mais comuns, segundo o tipo de variável, são:

- Barras ou colunas: apropriado para variáveis qualitativas e quantitativas discretas.
- Setores: qualitativas nominais com poucas categorias.
- Histograma: qualitativas contínuas.
- Box-plot: quantitativas.
- Diagrama de dispersão: relaciona duas quantitativas.
- Gráfico de linhas: evolução de quantitativa ao longo do tempo ou espaço.

Com esse conhecimento em mente podemos prosseguir para as construções dos gráficos utilizando o `ggplot2`

#### 2.2.2.1 Visualizando uma única variável

Para visualizar a distribuição de uma variável contínua como a massa corporal, utiliza-se o histograma com a função `geom_histogram()`. Como já foi visto, a escolha do número de colunas é arbitrário e pode afetar significativamente a aparência e a interpretação do gráfico.

```
penguins %>%
  ggplot(mapping = aes(x = body_mass_g))+
    geom_histogram(color = "white", fill = "steelblue",
                   breaks = seq(2700, 6300, by = 600),
                   closed = "left")+
    scale_x_continuous(
      breaks = seq(2700, 6300, by = 600),
```

```
    labels = seq(2700, 6300, by = 600),
    limits = c(2700, 6300)
  )+
  labs(
    x = "Massa corporal (g)",
    y = "Contagem"
  )+
  ggthemes::theme_clean()
```

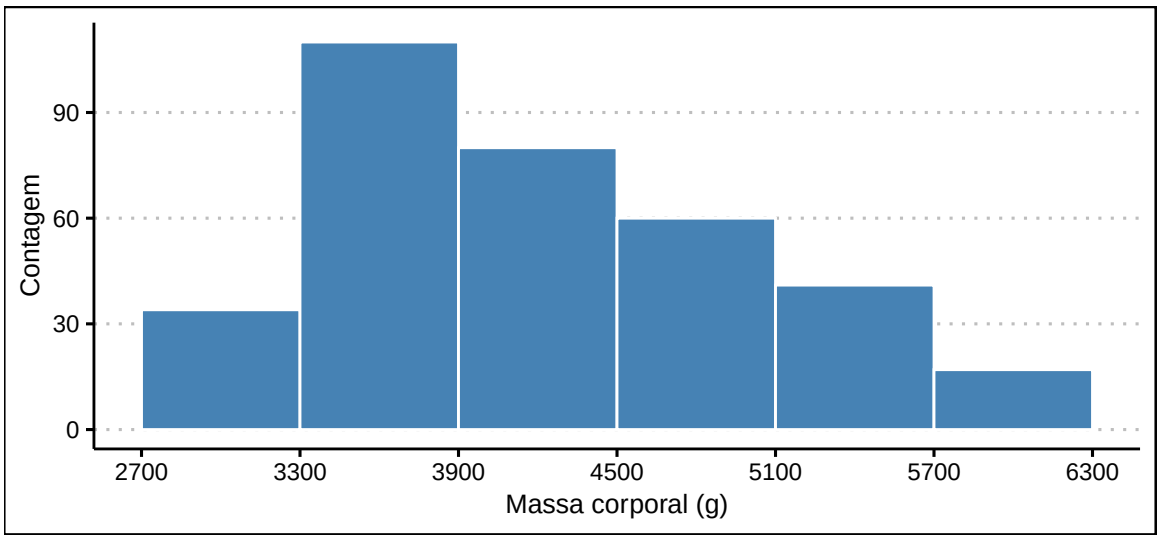



Figura 2.1: Distribuição da massa corporal (g) dos pinguins.

Observe que a biblioteca `ggthemes` foi utilizada para melhorar o aspecto estético do gráfico, fornecendo temas adicionais. Portanto, é recomendável instalá-la e carregá-la no espaço de trabalho.

```
# install.packages("ggthemes")
library(ggthemes)
```

Para variáveis categóricas, como `species`, usamos o `geom_bar()` para criar um gráfico de barras que mostra a contagem de observações em cada categoria.

```
penguins %>%
  ggplot(mapping = aes(x = species, fill = species))+
    geom_bar()+
    labs(
      x = "Espécie",
```

```
    y = "Número de Indivíduos"
  )+
  labs(
      x = "Massa corporal (g)",
      y = "Contagem",
      fill = "Espécies"
    )+
  theme_clean()+
  theme(legend.position = "bottom")
```

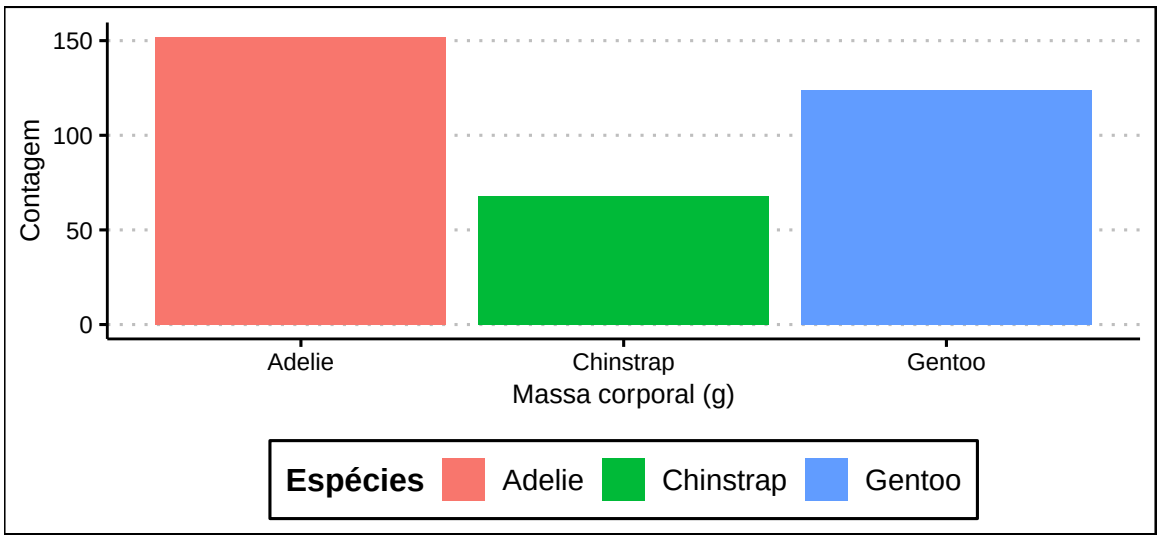



Figura 2.2: Distribuição de Pinguins por Espécie.

#### 2.2.2.2 Relações entre variáveis

O gráfico de dispersão é a ferramenta clássica para explorar relações entre duas variáveis numéricas. Investigaremos a relação existente entre o comprimento da nadadeira e a massa corporal. A hipótese é que pinguins com nadadeiras maiores também serão mais pesados, uma relação positiva e intuitiva que serve como um excelente parâmetro de partida.

```
penguins %>%
  ggplot(aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g))+
    geom_point()+
    labs(
      x = "Comprimento da Nadadeira (mm)",
      y = "Mass corporal (g)"
    )+
```

```
  theme_clean()
```

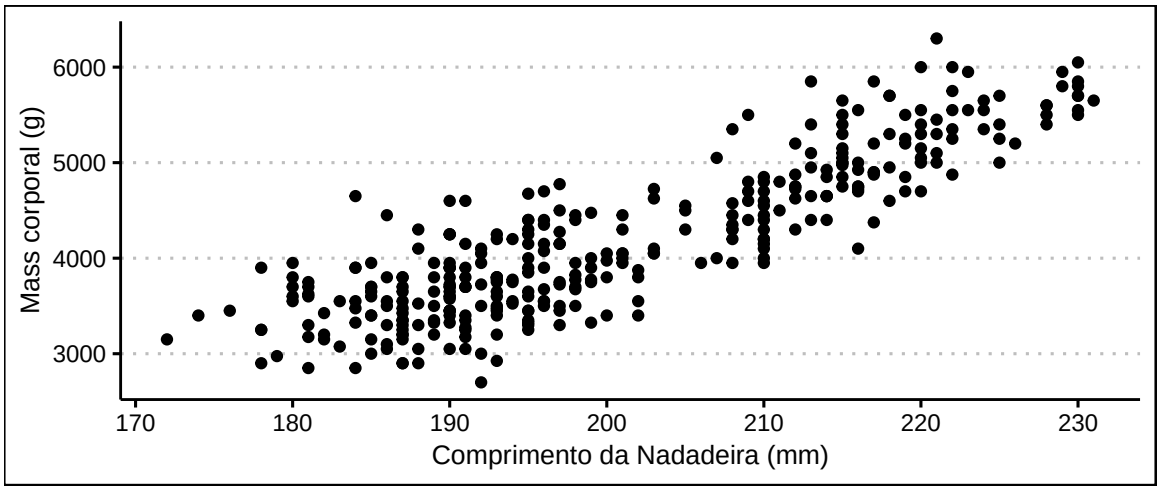



Figura 2.3: Relação entre o tamanho da nadadeira (mm) e o peso corporal (g) dos pinguins.

A Figura 2.3 informa uma clara tendência positiva entre a nadadeira e o peso corporal dos pinguins. Mas será que esse tendência é a mesma para todas as espécies? Para responder essa pergunta, através da função `aes()`, é possível adicionar estéticas adicionais como `shape`, `color` ou `size` para distinguir as espécies no gráfico. O argumento a ser utilizado dependerá onde a imagem será utilizada. Por exemplo, em uma revista científica, que solicita gráficos em preto e branco, é aconselhável utilizar `shape` ou `size`.

```
penguins %>%
  ggplot(aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g, color = species))+
    geom_point()+
    labs(
      x = "Comprimento da Nadadeira (mm)",
      y = "Massa corporal (g)",
      color = "Espécies"
    )+
    theme_clean()+
    theme(legend.position = "bottom")
```

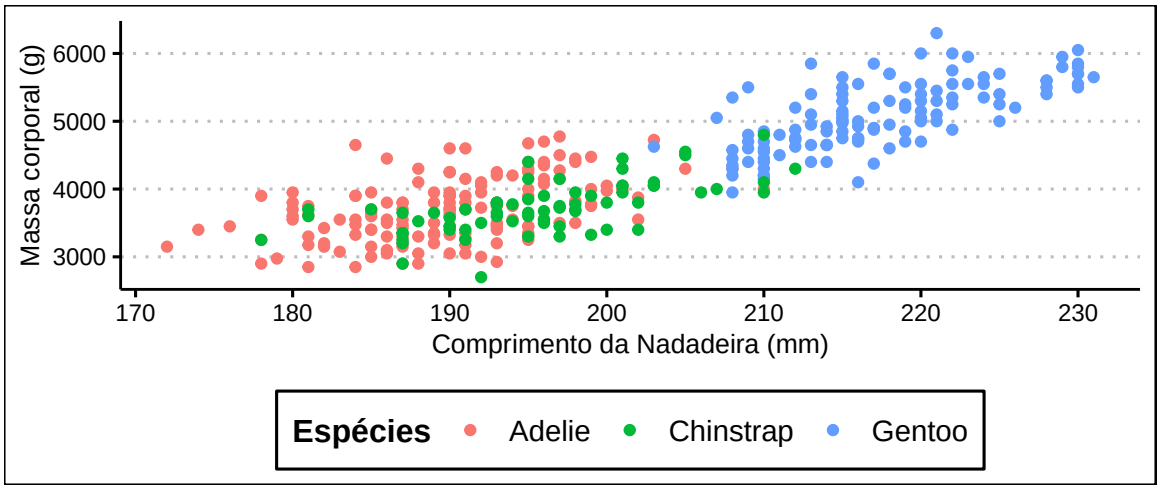



Figura 2.4: Relação entre o tamanho da nadadeira (mm) e o peso corporal (g) por espécie dos pinguins.

A Figura 2.4 revela detalhes mais pertinentes, mostrando que a relação entre massa corporal e comprimento da nadadeira mantêm-se positiva (nível de grupo).

Para comparar a distribuição de uma variável numérica entre diferentes categorias, o boxplot[3] (`geom_boxplot()`) é uma excelente ferramenta. Para isso, vamos comparar a distribuição da massa corporal entre as três espécies.

```
penguins %>%
  ggplot(aes(x = species, y = body_mass_g, fill = species))+
    geom_boxplot()+
    labs(
      x = "Espécies",
      y = "Massa corporal (g)",
      fill = "Espécies"
    )+
    theme_clean()+
    theme(legend.position = "none")
```

[3]Também chamado por gráfico de caixas.

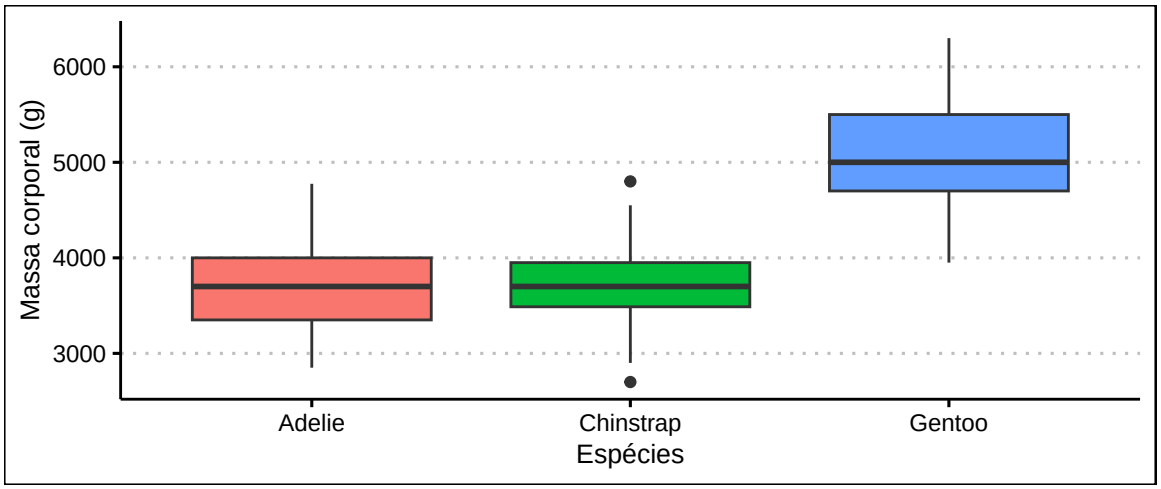
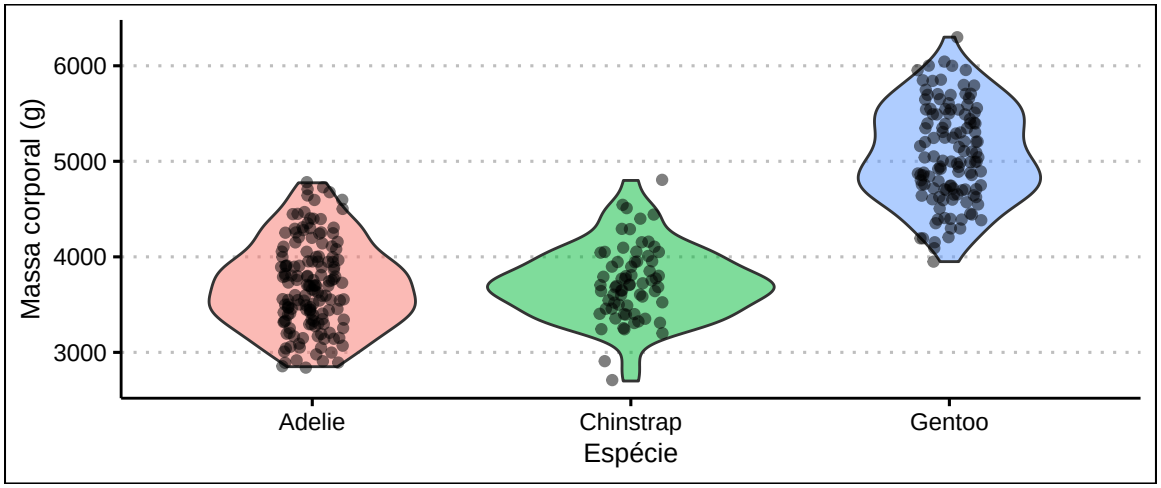



Figura 2.5: Boxplot para a massa corporal (g) por espécies de pinguins.

Uma alternativa ao `geom_boxplot()` é o `geom_violin()`, que traz um detalhamento sobre os dados de uma maneira mais simples. Adicionalmente, podemos utilizar o `geom_jitter()` para evitar a sobreposição dos dados, enriquecendo o visual do gráfico.

```
penguins %>%
  ggplot(aes(x = species, y = body_mass_g, fill = species))+
    geom_violin(alpha = 0.5)+
    geom_jitter(width = 0.1, alpha = 0.5)+
    labs(
      x = "Espécie",
      y = "Massa corporal (g)"
    )+
    theme_clean()+
    theme(legend.position = "none")
```



### 2.2.3 Técnicas avançadas de visualização e comunicação

Com a base da construção de gráficos vista anteriormente, é possível explorar técnicas para criar gráficos mais ricos e informativos, complementando informações descobertas de forma eficaz.

### 2.2.4 Sub-gráficos com `facet_wrap()`

As facetas permitem criar uma matriz de gráficos, dividindo os dados com uma base em uma ou mais variáveis categóricas. Isso é extremamente útil para comparações. Para exemplificar, vamos utilizar o gráfico de dispersão e segmentá-lo para a variável `sex`.

```
penguins %>%
  filter(!is.na(sex)) %>%
  mutate(
  sex = recode(sex,
         "female" = "Fêmea",
         "male" = "Macho")
  ) %>%
  ggplot(aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g, color = species))+
    geom_point()+
    facet_wrap(~ sex)+
    labs(
      x = "Comprimento da nadadeira (mm)",
      y = "Massa corporal (g)",
      color = "Espécies"
    )+
    theme_clean()+
    theme(legend.position = "bottom")
```

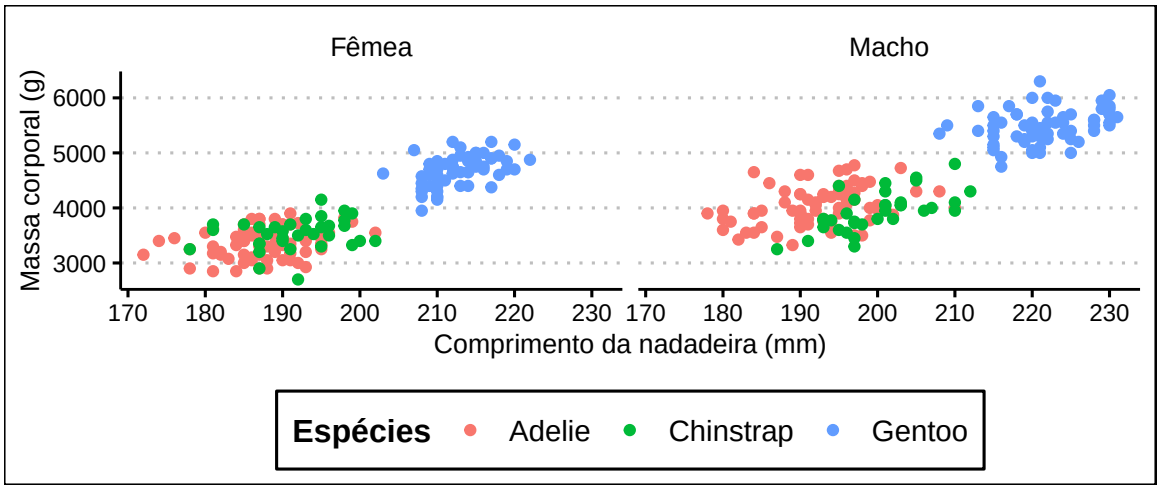



Figura 2.6: Distribuição de massa corporal (g) por espécie.

Neste gráfico, fica evidente que os pinguins fêmeas possuem menos massa corporal que os machos e, quanto as espécies, `Gentoo` é que concentra a maior massa. Contudo, pode ser do interesse do pesquisador além de verificar a massa corporal por sexo, também incluir a variável `island`.

```
penguins %>%
  filter(!is.na(sex)) %>%
  mutate(
  sex = recode(sex,
         "female" = "Fêmea",
         "male" = "Macho")
  ) %>%
  ggplot(aes(x = flipper_length_mm, y = body_mass_g, color = species))+
    geom_point()+
    facet_wrap(island ~ sex)+
    labs(
      x = "Comprimento da nadadeira (mm)",
      y = "Massa corporal (g)",
      color = "Espécies"
    )+
    theme_clean()+
    theme(legend.position = "bottom")
```

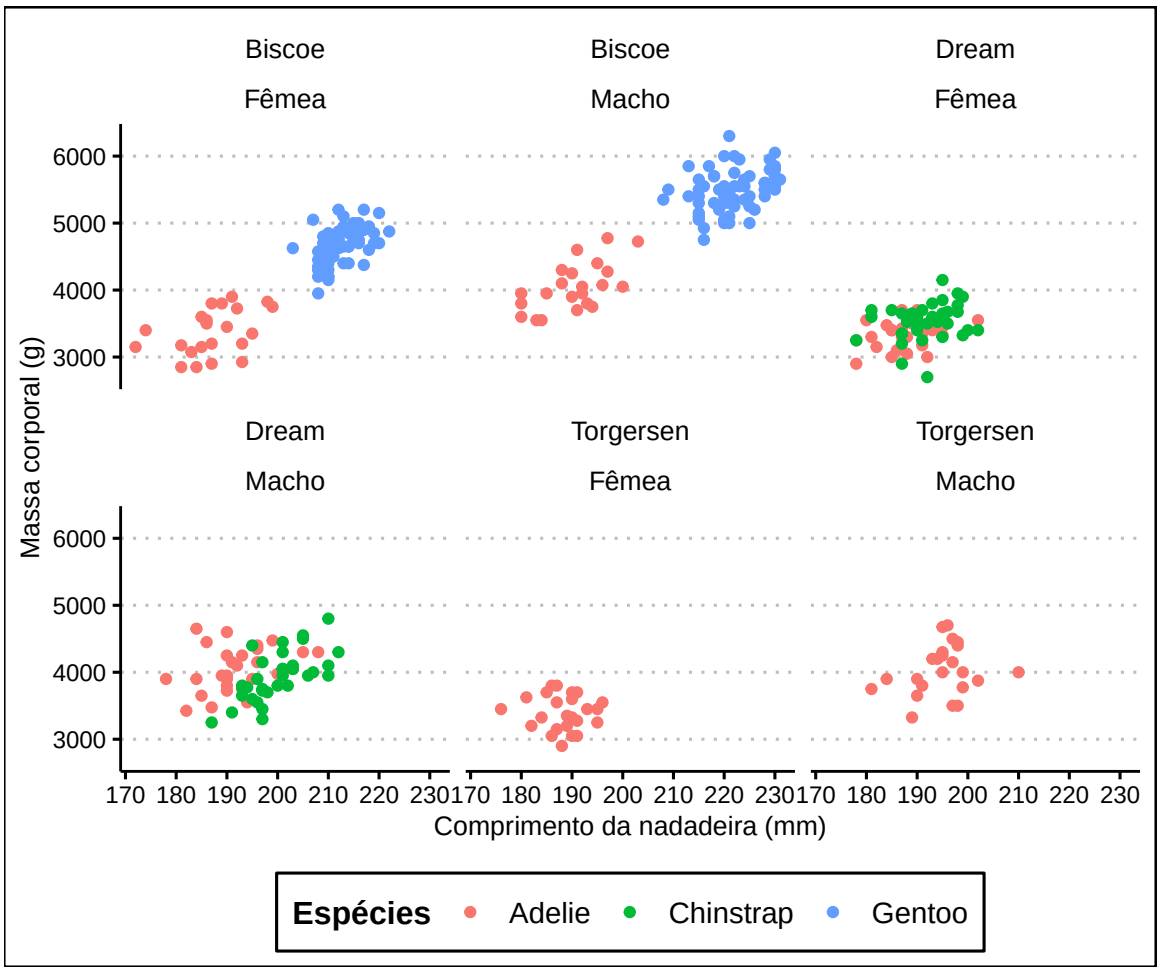



Figura 2.7: Distribuição de massa corporal (g) nas ilhas por espécie.

A partir da Figura 2.7 é possível reparar que nem todas as espécies estão presentes nas três ilhas simultaneamente. Além disso, a ilha de `Biscoe` é a que apresenta o maior percentual de massa corporal dos pinguins, isto é, a espécie `Gentoo` é a predominante.

# 3 Exercícios

**Questão 1.** Faça o que se pede:

(a) Conte quantos registros existe de pinguins *Chinstrap* na ilha de *Dream*.

(b) Filtre apenas os pinguins com `body_mass_g > 5000` e exiba as 10 primeiras linhas.

**Questão 2.** Faça o que se pede:

(a) Conte quantos registros existe de pinguins *Chinstrap* na ilha de *Dream*.

(b) Filtre apenas os pinguins com `body_mass_g > 5000` e exiba as 10 primeiras linhas.

**Questão 3.** Faça o que se pede:

(a) Ordene todo o conjunto de dados em ordem decrescente de `flipper_length_mm`.

(b) Em seguida, dentro de cada espécie, mostre os 3 pinguins mais leves.

**Questão 4.** Faça o que se pede:

(a) Crie a coluna `mass_class` que seja ”Leve” se `body_mass_g < 3500`, ”media” se `body_mass_g` está entre 3500 e 4500 e ”Pesada” se caso contrário.

(b) Recodifique `sex` para ”Fêmea” e ”Macho”.

**Questão 5.** Faça o que se pede:

(a) Calcule, por `species`, a média e o desvio-padrão de `bill_length_mm`.

(b) Depois, agrupe por `species` e `sex`, calculando a média, desvio-padrão e contagem de `body_mass_g`, armazenando em um tibble `resumo_ps`.

**Questão 6.** Faça o que se pede:

(a) Crie dois histogramas de `body_mass_g` lado a lado (facetas): um para *Adelia* e outro para *Gentoo*. Use `facet_wrap( ~ species)`.

(b) Faça um boxplot de contagem por `island`, preenchido por `species`, com barras lado a lado (`position = "dodge"`). Interprete qual é a ilha tem maior diversidade.

**Questão 7.** Faça o que se pede:

(a) Plote a distribuição (`geom_histogram()`) de `body_mass_g` facetada em grade com `facet_grid(island ~ sex)`. O que você observa sobre a diferença de massa entre machos e fêmeas?

(b) No histograma de `body_mass_g`, adicione uma linha vertical (`geom_line()`) na média global e use `annotate("text", ...)` para escrever seu valor médio no gráfico.

**Questão 8.** Faça o que se pede:

(a) Conte quantos registros existe de pinguins *Chinstrap* na ilha de *Dream*.

(b) Filtre apenas os pinguins com `body_mass_g > 5000` e exiba as 10 primeiras linhas.

**Questão 9.** O Paradoxo de Simpson ocorre quando uma tendência aparece em vários grupos de dados, mas desaparece ou se inverte quando esses grupos são combinados.

Um gráfico para comunicação precisa ser claro, informativo e esteticamente agradável. O `ggplot2` oferece total controle sobre cada elemento. A partir das informações abaixo, faça o que se pede em sequência com o conjunto de dados `penguins`.

- `labs()`: Use para adicionar títulos, subtítulos, legendas e para renomear os eixos de forma clara e concisa.
- `theme()`: Altera a aparência geral do gráfico.
- `scale_*()`: Controla como as estéticas são mapeadas, como a cor a ser utilizada no gráfico.

(a) Faça o plot do comprimento do bico *versus* a profundidade do bico para todos os pinguins e adicione uma linha de tendência com `geom_smooth(method = 'lm')`.

(b) Refaça o gráfico anterior, mas com o mapeamento com a variável `species` à estética `color`. O `ggplot2` é inteligente o suficiente para, ao adicionarmos `geom_smooth()`, criar uma linha de tendência separada por cor (ou seja, para cada espécie).

# Parte II

# Fundamentos do Pensamento Estatístico

Após dominar as ferramentas para manipular e visualizar dados na Parte I, agora o foco residirá na teoria que fundamenta a análise estatística. Essa segunda parte da apostila é dedicada aos pilares conceituais da Estatística, garantindo que sua aplicação prática nos capítulos posteriores seja não apenas correta, mas também bem compreendida.

A abordagem será focada em três áreas essenciais: Princípios de Probabilidade, entendendo como os conceitos como variáveis aleatórias e distribuições de probabilidade formam a base para modelar a incerteza inerente a qualquer dado biológico; Inferência Estatística, onde será desvendado o processo de tirar conclusões sobre uma amostra, detalhando o funcionamento de testes de hipóteses e intervalos de confiança; Delineamento de Experimentos, um passo fundamental que precede qualquer análise, visto que com um bom planejamento na coleta de dados é um fator determinante para a validade e a força das conclusões que podemos extrair.

Ao final, espera-se que o leitor tenha uma compreensão clara da teoria, facilitando o entendimento e a aplicação crítica dos modelos estatísticos que serão construídos adiante.

# 4 Princípios de Probabilidade

Para um biólogo, a incerteza não é uma falha de medição, mas uma característica fundamental dos sistemas vivos. A variabilidade genética entre indivíduos, as flutuações ambientais e o acaso inerente a processos como dispersão de sementes ou encontros entre predados e presa fazem da biologia uma ciência da variação. Além disso, raramente é possível estudar todos os indivíduos de uma população; em vez disso, trabalha-se com amostras, o que introduz outra camada de incerteza. A teoria da probabilidade é a linguagem matemática desenvolvida para quantificar e modelar essa incerteza. Seu objetivo não é prever o resultado de um único evento (por exemplo, se um ovo irá eclodir ou não), mas descrever a tendência e a variabilidade de muitos eventos (como a proporção esperadas de ovos que eclodam em uma população).

Métricas como o peso de um pássaro, o número de ovos em um ninho, o tempo de forrageio são medidas que variam naturalmente entre indivíduos, populações e ao longo do tempo. Quando coleta-se dados em estudo de campo ou em laboratórios, é observado apenas uma fração dessa variabilidade, levantando perguntas fundamentais “Como posso usar minha amostra para dizer algo significativo sobre a população inteira?” e “Como separo um efeito biológico real do mero acaso?”.

É a partir desses questionamentos que os fundamentos do pensamento estatístico entram em cena. Contudo, antes de chegar à inferência, é necessário dominar conceitos fundamentais da teoria da probabilidade, pois é a partir deles que se calculam as probabilidades associadas aos fenômenos estudados.

## 4.1 Conceitos Fundamentais

A teoria da probabilidade é a espinha dorsal da inferência estatística (ANDRADE; OGLIARI, 2017). É também o ramo que permite quantificar a chance de ocorrência de um evento sujeito à aleatoriedade. Fenômenos cujos resultados não podem ser previstos com certeza absoluta, como o tempo da germinação de uma semente, são chamados de **fenômenos aleatórios**.

O conceito chave, que fundamenta o restante da teoria deste capítulo é o de **Probabilidade**, que, qualitativamente definida, é uma medida de chance de um evento, que está sujeito à aleatoriedade, ocorrer.

O conceito de **Ensaio aleatório** é qualquer ação ou experimento cujo resultado não pode ser previsto com certeza, embora conheçamos os resultados possíveis e um exemplo é a realização de um cruzamento genético com a observação do fenótipo do descendente. Essa definição é essencial na definição rigorosa de probabilidade, pois permite reconhecermos o conjunto de todos os resultados possíveis do experimento, com isso, definimos o significado de **Espaço Amostral** ($\Omega$). Assim, no cruzamento de indivíduos com genótipos Aa $\times$ Aa, o espaço amostral para os genótipos descendentes é $\Omega = \{\text{AA}, \text{Aa}, \text{aa}\}$. Por outro lado, um **evento** é qualquer subconjunto do espaço amostral, considerando o mesmo exemplo do cruzamento de genótipos, poderíamos dizer que $A = \{\text{AA}, \text{aa}\}$ é um subconjunto de $\Omega$, ou seja, um evento no sentido de "ser homozigoto recessivo".

É possível observar que a teoria de probabilidade está intimamente ligado com a teoria dos conjuntos, então é importante destacar algumas operações importantes, tais como:

- União ($A \cup B$): Representa a ocorrência de pelo menos um dos eventos ($A$ ou $B$ ou amos);
- Intersecção ($A \cap B$): Representa a ocorrência simultânea de ambos os eventos ($A$ e $B$);
- Complementar ($\hat{A}$): Representa a não ocorrência do evento $A$.

Dois eventos são chamados de **mutuamente exclusivos** ou **disjuntos** se eles não podem ocorrer ao mesmo tempo, ou seja, sua intersecção é o conjunto vazio ($A \cap B = \emptyset$). Por exemplo, no lançamento de um dado, os eventos "sair um número par" e "sair um número ímpar" são mutuamente exclusivos.

### 4.1.1 Axiomas e Propriedades da Probabilidade

Um axioma, dentro da matemática, é uma regra que fundamenta uma teoria e dentro da teoria de Probabilidade, há alguns axiomas importantes para

Na matemática, um axioma é uma regra aceita como ponto de partida para desenvolver uma teoria. Na teoria das Probabilidades não é diferente, existem axiomas fundamentais que funcionam como "regras do jogo", servindo de base para a construção de todos os conceitos e resultados da área. Esses axiomas foram propostos por Kolmogorov (1950) e podem ser resumidos, considerando $\mathbb{P}(A)$ a probabilidade de um evento $A$ ocorrer, da seguinte forma:

1. **Não negatividade**: Para qualquer evento $A$, sua probabilidade é sempre um número maior ou igual a zero, isto é, $\mathbb{P}(A) \geq 0$.
2. **Normalização**: O evento certo (ou seja, aquele que sempre acontece) tem probabilidade igual a 1, isto é, $\mathbb{P}(\Omega) = 1$, onde $\Omega$ é o espaço amostral.
3. **Aditividade**: Se dois eventos $A$ e $B$ são mutuamente exclusivos, então a probabilidade de ocorrer $A$ ou $B$ é a soma das probabilidades individuais, isto é, $\mathbb{P}(A \cup B) = \mathbb{P}(A) + \mathbb{P}(B)$.

A partir desses axiomas, derivamos a **Regra da Adição** para quaisquer dois eventos (não necessariamente disjuntos):

$$\mathbb{P}(A \cup B) = \mathbb{P}(A) + \mathbb{P}(B) - \mathbb{P}(A \cap B).$$

Também decorre que a probabilidade do evento complementar é

$$\mathbb{P}(\bar{A}) = 1 - \mathbb{P}(A).$$

Com isso, a probabilidade, em seu conceito mais formal, é "uma função $\mathbb{P}(\cdot)$ que atribui valores numéricos aos eventos do espaço amostral ($\Omega$), satisfazendo os axiomas de Kolmogorov (MAGALHÃES, 2006) e adicionando o conhecimento ou a partir de suposições a respeito de um ensaio aleatório, é possível calcular ou atribuir valores às probabilidades dos eventos. Quando todos os eventos elementares são equiprováveis, temos que:

$$\mathbb{P}(A) = \frac{\text{número de casos favoráveis ao evento } A}{\text{número de casos possíveis}}.$$

Ainda, é importante tomar cuidado quando os casos não são equiprováveis.

### 4.1.2 Probabilidade Condicional e Independência

Muitas vezes, a probabilidade de um evento $A$ é reavaliada quando sabemos que um outro evento $B$ já ocorreu. Então, essa nova probabilidade é chamada por **Probabilidade Condicional** e é calculada por:

$$\mathbb{P}(A \mid B) = \frac{\mathbb{P}(A \cap B)}{\mathbb{P}(B)}.$$

Lê-se "probabilidade de $A$, dado que $B$ ocorreu". A ocorrência de $B$ restringe o espaço amostral ao conjunto $B$. Por fim, dizemos que dois eventos $A$ e $B$ são **independentes** se a ocorrência de um não altera a probabilidade do outro, isto é, $\mathbb{P}(A \mid B) = \mathbb{P}(A)$\$. A grande consequência disso é a simplificação da Regra do Produto:

- Se $A$ e $B$ são independentes:

$$\mathbb{P}(A \cap B) = \mathbb{P}(A) \times \mathbb{P}(B).$$

- Se $A$ e $B$ são dependentes:

$$\mathbb{P}(A \cap B) = \mathbb{P}(A \mid B) \times \mathbb{P}(B).$$

É importante não confundir eventos independentes com eventos mutuamente exclusivos. Eventos mutuamente exclusivos são, por definição, dependentes, visto que a ocorrência de um impede a ocorrência do outro.

O **Teorema de Bayes** é uma das consequências mais importantes da definição de probabilidade condicional, permitindo calcular a probabilidade de um evento $A$ dado que outro evento $B$ ocorreu, relacionando-a à probabilidade de $B$ dado $A$. Matematicamente, tem-se:

$$\mathbb{P}(A \mid B) = \frac{\mathbb{P}(B \mid A)\mathbb{P}(A)}{\mathbb{P}(B)}.$$

De forma intuitiva, esse teorema nos mostra como atualizar a probabilidade de um evento quando novas informação são obtidas. Ainda, um caso prático muito comum na área da saúde é "se $A$ representa o evento 'um paciente tem uma doença' e $B$ representa o evento 'o exame do paciente deu positivo", então o Teorema de Bayes permite calcular a probabilidade do paciente realmente estar doente dado que o exame foi positivo.

A utilidade desse teorema se torna válido, visto que exames diagnósticos não são perfeitos, pois podem apresentar falsos positivos (indicando a doença quando ela não existe) e falsos negativos (não indica doença, quando ela está presente). Portanto, o Teorema de Bayes ajuda a levar em conta essas imperfeições, fornecendo uma visão mais realista sobre o resultado.

## 4.2 Variáveis Aleatórias

Em Estatística Descritiva, foi definido os tipos de variáveis e formas de resumi-las por distribuições de frequências (tabelas e gráficos) e medidas resumo. Isso foi realizado com base em dados conquistados de amostras ou experimentos. Foram estudos empíricos, isto é, com base nas características dos dados.

No entanto, amostras ou experimentos podem ser vistos como ensaios aleatórios, cada um com seu espaço amostral. Os resultados possíveis se manifestam ou não de acordo com suas probabilidades e seus parâmetros. Se as probabilidades e os parâmetros envolvidos fossem conhecidos, o comportamento de uma variável aleatória seria conhecido e não seriam necessários dados nos estudos.

Na realidade, para os problemas relevantes, esses aspectos não são conhecidas, mas caso fossem conhecidos um pouco do comportamento verdadeiro dessas características e em conjunto com o conhecimento empírico, auxiliaria nas descobertas do estudo. Por essa razão, nesta seção, será estudado alguns comportamentos teóricos de variáveis aleatórias denominado por distribuições de probabilidades ou modelos de probabilidades, em princípio, efetuando algumas suposições prévias.

Para aplicar ferramentas matemáticas a fenômenos biológicos, precisamos traduzir as observações em números. Uma **variável aleatória** (v.a.) é formalmente uma função que atribui um valor numérico a cada resultado possível de um experimento ou observação. Magalhães (2006), matematicamente, define a variável aleatória como sendo $X : \Omega \to \mathbb{R}$. Portanto, é a ponte entre o fenômeno observado e o dado analisável.

### 4.2.1 Função de Distribuição

Uma vez definida a variável aleatória como a ligação entre o fenômeno observado e os valores numéricos que foram analisados, surge a necessidade de compreender como esses valores se distribuem. Ou seja, desejamos saber quais valores a variável aleatória tende a assumir e com que frequência ou probabilidade. Para isso, introduzimos a função de distribuição (MAGALHÃES, 2006), que atribui a cada número real a probabilidade de que a variável aleatória assuma um valor menor ou igual a esse número. Formalmente, para uma variável aleatória $X$, sua função de distribuição $F_X$ é definida por:

$$F_X(x) = \mathbb{P}(X \leq x),$$

Essa função, também chamada por **função de probabilidade**, resume todo o comportamento probabilístico da variável aleatória, fornecendo a base para as próximas subseções, nas quais serão explorados as variáveis aleatórias discretas e variáveis aleatórias contínuas, com exemplos aplicados a fenômenos biológicos, como a contagem de indivíduos de uma espécie ou a medida de características morfológicas de aves.

**Exemplo.** Considere o experimento de observar um ninho de uma determinada espécie de ave logo após a postura. Suponha que essa espécie geralmente põe 1 ou 2 ovos. Assim, o espaço amostral pode ser escrito como:

$$\Omega = \{1 \text{ ovo}, 2 \text{ ovos}\}.$$

Se, com base em estudos prévios, acredita-se que cada situação tem a mesma chance de ocorrer, então:

$$\mathbb{P}(\text{cara}) = \mathbb{P}(\text{coroa}) = 1/2.$$

Podemos definir uma variável aleatória $X$, que representa o número de ovos por ninho:

$$X = \begin{cases} 1, & \text{se o ninho contiver 1 ovo,} \\ 0, & \text{se o ninho contiver 2 ovos.} \end{cases}$$

Para obtermos a função de distribuição desta variável aleatória, é conveniente separar os possíveis casos de acordo com os valores que podem ser assumidos pela variável. Nesta ocasião, podemos

ter:

$$F_X(x) = \begin{cases} 0, & \text{se } x < 1, \\ 1/2, & \text{se } 1 \leq x < 2, \\ 1, & \text{se } x \geq 2. \end{cases}$$

Com o exemplo dos ovos em um ninho, vimos como uma variável aleatória pode ser utilizada para traduzir em números um fenômeno biológico e, a partir disso, construir sua função de distribuição. Esse raciocínio evidencia que o próximo passo é entender quais são os modelos matemáticos mais utilizados para descrever variáveis aleatórias em situações práticas.

De um modo geral, uma variável aleatória pode ser classificada em dois tipos principais: **discreta** ou **contínua**.

- Dizemos que uma variável é **discreta** quando assume valores inteiros, muitas vezes resultantes de processos de contagem. Exemplos incluem o número de ovo em um ninho, o número de indivíduos em uma amostra ou o número de vezes que uma ave é observada em um ponto de monitoramento.
- Já uma variável aleatória é dita **contínua** quando pode assumir qualquer valor em um intervalo da reta real, geralmente resultante de processos de mensuração. Exemplos incluem a massa corporal de uma ave, o comprimento do bico ou o tempo de incubação dos ovos.

Em ambos os casos, a função de distribuição fornece uma descrição detalhada do comportamento da variável. No entanto, a forma como são construídas são diferentes:

- Para variáveis **discretas**, trabalha-se com as **probabilidades associadas** a cada valor possível.
- Para variáveis **contínuas**, trabalha-se com as **densidades de probabilidade** e com a noção de área sob uma curva.

### 4.2.2 Valor Esperado e Variância

Ao estudarmos variáveis aleatórias, é comum buscarmos resumos numéricos que descrevam seu comportamento, de maneira análoga ao que foi realizado em estatística descritiva com medidas de posição e dispersão, de modo que seja possível responder perguntas como "qual a média de $X$?", "qual é o desvio padrão de $X$?", etc. No contexto da Probabilidade, essas medidas são denominadas, respectivamente, por **valor esperado** (ou esperança) e **variância**.

O valor esperado de uma variável aleatória $X$, denotada por $\mathbb{E}(X) = \mu_X$, corresponde à média teórica dos valores que $X$ pode assumir, ponderada pelas probabilidades associadas a cada

valor. Formalmente,

$$\mathbb{E}(X) = \begin{cases} \sum x \cdot \mathbb{P}(X = x), & \text{se } X \text{ é uma v.a. discreta,} \\ \int x \cdot f(x)\mathrm{d}x, & \text{se } X \text{ é uma v.a. contínua.} \end{cases}$$

Assim, a esperança pode ser interpretada como o valor médio que esperaríamos observar se o experimento fosse repetido inúmeras vezes.

Já a variância, denotada por $\mathbb{V}(X)$, mede a dispersão em torno da média teórica (esperança), sendo definida como:

$$\mathbb{V}(X) = \sigma_X^2 = \mathbb{E}((X - \mathbb{E}(X))^2),$$

que, após algumas manipulações matemáticas, pode ser escrita como:

$$\sigma_X^2 = \mathbb{E}(X^2) - (\mathbb{E}(X))^2.$$

A primeira parte desta expressão diz: "eleve a variável ao quadrado e calcule a média". Já a segunda, "uma vez calculada a média da variável, eleve-a ao quadrado".

Assim, como foi visto em Estatística Descritiva, o **desvio padrão** é definido como sendo a raiz quadrada da variância, que fornece uma medida da variabilidade na mesma escala de unidade da variável aleatória. Em expressões matemáticas,

$$\sigma_X = \sqrt{\sigma_X^2}$$

**Exemplo.** Suponha que, em uma determinada espécie de ave, o número de ovos por ninho ($X$) tenha a seguinte distribuição:

$$\mathbb{P}(X = 0) = 0.2, \quad \mathbb{P}(X = 1) = 0.5, \quad \mathbb{P}(X = 2) = 0.3.$$

O valor esperado é:

$$\mathbb{E}(X) = 0 \cdot 0.2 + 1 \cdot 0.5 + 2 \cdot 0.3 = 1.1.$$

Isso significa que, em média, espera-se encontrar cerca de $1.1$ ovos por ninho, mesmo que nunca observemos exatamente esse valor. Para fins práticos e interpretativos, pode-se dizer que "espera-se encontrar $1$ ovo por ninho". Já a variância é:

$$\mathbb{V}(X) = (0 - 1.1)^2 \cdot 0.2 + (1 - 1.1)^2 \cdot 0.5 + (2 - 1.1)^2 \cdot 0.3 = 0.49.$$

Logo, o desvio padrão é $\sigma_X = \sqrt{0.49} = 0.7$, indicando a variabilidade típica em torno da média.

## 4.3 Variáveis Aleatórias Discretas

Em muitos estudos biológicos, lidamos com variáveis que assumem apenas determinados valores inteiros, como o número de indivíduos em uma amostra, o número de ovos em um ninho ou, ainda, o número de ocorrências de uma determinada espécie em uma área. Tais variáveis são chamadas de **variáveis aleatórias discretas**.

A função de probabilidade de uma variável discreta é uma função que atribui probabilidade a cada um dos possíveis valores assumido pela variável. Isto é, sendo $X$ uma variável com valores $x_1, x_2, ...$, temos

$$p(x_i) = \mathbb{P}(X = x_i).$$

As características essenciais dessa função são: (i) os valores de $p(x_i)$ estão entre $0$ e $1$ e (ii) a soma de todos os possíveis de $p(x_i)$ deve ser igual a $1$.

Nesta seção, serão abordados três modelos fundamentais para as variáveis discretas – **Bernoulli, Binomial e Poisson** – que, além de possuírem grande importância teórica, são também a base para os modelos que serão vistos futuramente. Cada um desses modelos descreve diferentes tipos de fenômenos, permitindo compreender como traduzir a aleatoriedade observada na natureza em uma estrutura matemática consistente.

### 4.3.1 Distribuição de Bernoulli

Muitos experimentos na prática têm apenas dois resultados possíveis: a ocorrência ou não de uma determinada característica. Entre os exemplos clássicos e biológicos, citamos:

1. O lançamento de uma moeda: o resultado pode ser cara (sucesso) ou coroa (fracasso);
2. A escolha de um animal ao acaso: observa-se se ele é fêmea (sucesso) ou não (fracasso);
3. A observação de um animal em um estudo de campo: verifica-se se está vivo (sucesso) ou morto (fracasso);
4. A observação de um filhote após à estação reprodutiva: verifica-se se está vivo (sucesso) ou morto (fracasso);
5. A observação de uma ave apresentar uma mutação genética (sucesso) ou não (fracasso).

Nesses casos, o interesse está em registrar a ocorrência de **sucesso** (codificado como $1$) ou **fracasso** (codificado como $0$). Assim, é possível definir uma variável aleatória binária $X$ que assume apenas os valores $1$ (sucesso) e $0$ (fracasso). Denota-se por $p$ a probabilidade de sucesso. Então, diz-se que uma variável aleatória segue a distribuição ou modelo de Bernoulli quando assume apenas os valores $0$ ou $1$. A notação para essa relação é dada por:

$$X \sim \text{Bernoulli}(p).$$

A função de probabilidade pode ser expressa numa única equação dada por:

$$p(x)\mathbb{P}(X = x) = p^x \times (1 - p)^{1-x}, \quad \text{para } x = 0, 1,$$

e, também, em sua forma destrinchada:

$$p(1) = \mathbb{P}(X = 1) = p; \quad p(0) = \mathbb{P}(X = 0) = 1 - p.$$

Nesse modelo, o parâmetro é justamente a probabilidade $p$ de sucesso. A esperança e a variância de uma variável de Bernoulli, respectivamente, são:

$$\mathbb{E}(X) = p; \quad \mathbb{V}(X) = p - p^2 = p(1 - p).$$

Trata-se, portanto, de um dos modelos mais simples e fundamentais em probabilidade, servindo de base para problemas mais interessantes, tais como envolvendo a distribuição Binomial.

**Exemplo.** Semear uma semente, com potencial germinativo $p$ e observar se ela germina ou não. O espaço amostral é $\Omega = \{G, \bar{G}\}$, sendo $G$ a representação para ocorrência da germinação. A probabilidade associada é $\mathbb{P}(G) = p$, com $0 < p < 1$. Seja $Y$ a variável que assume o valor 1 se $G$ (sucesso) e o valor 0 se $\bar{G}$ (fracasso). Assim, $Y$ também tem seu espaço amostral que é $\Omega_Y = \{0, 1\}$.

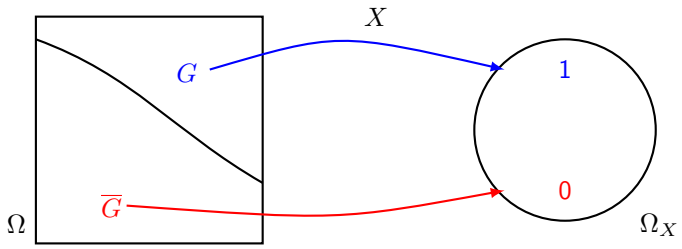



Figura 4.1: Espaço amostral do experimento e da variável aleatória binária $X$.

Suponha $p = 0.4$, então

$$\mathbb{P}(Y = 0) = (1 - p) = 0.6 \quad \text{e} \quad \mathbb{P}(Y = 1) = p = 0.4.$$

Esses dois valores formam a distribuição de probabilidades de $Y$, que é uma variável discreta binária, pois pode assumir um de dois valores (Figura 4.2).

A esperança é dada por:

$$\mathbb{E}(X) = p = 0.4.$$

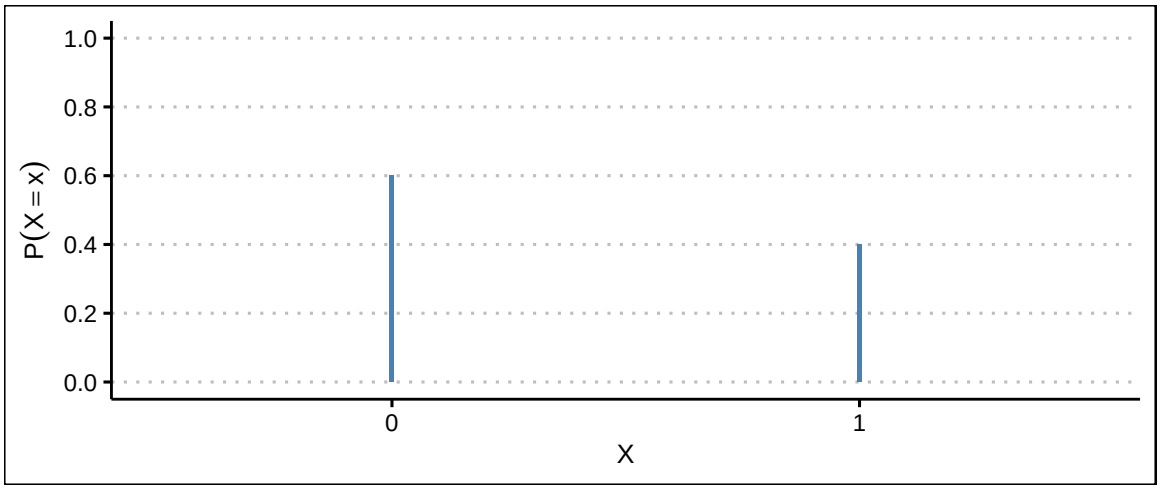



Figura 4.2: Distribuição de probabilidades da variável $X \sim \text{Bernoulli}(0.4)$.

Enquanto que a variância é:

$$\mathbb{V}(X) = p(1-p) = 0.4(1-0.4) = 0.24,$$

deste modo, obtemos que o desvio padrão é $\sigma_X = \sqrt{0.24} = 0.4899$. É importante observar que se soubermos o valor de $p$, é possível calcular "tudo" desta variável.

### 4.3.2 Distribuição Binomial

A distribuição de Bernoulli descreve experimentos com apenas dois resultados possíveis: sucesso ou fracasso. No entanto, na prática, diversas situações envolvem a repetição de um mesmo experimento inúmeras vezes de forma independente. Nessa ocasião, em vez de observar apenas um único resultado (0 ou 1), interessa-nos contar quantos sucessos ocorrem em $n$ repetições e para isso, existe a distribuição Binomial. Exemplos incluem:

1. Repetir 10 vezes o lançamento de uma moeda e contar quantas vezes sai cara;
2. Escolher 20 animais ao acaso e contabilizar a quantidade de fêmeas;
3. Observar 15 animais ao acaso e contabilizar a quantidade de vivos;
4. Observar número de animais sobreviventes em uma ninhada de $n$ filhotes;
5. Examinar 50 aves e verificar a quantidade de animais que possuem mutação genética.

Então, é natural pensar nela como uma extensão da distribuição de Bernoulli, visto que ela modela um único ensaio ($X \sim \text{Bernoulli}(p)$), enquanto que a Binomial modela o número de sucessos em $n$ ensaios de Bernoulli. A notação é $Y \sim \text{Bin}(n, p)$.

Formalmente, se realizarmos $n$ ensaios de Bernoulli independentes, cada um com probabilidade de sucesso $p$, então a variável aleatória $Y$, que representa o número total de sucessos, seguirá

a distribuição Binomial de parâmetros $n$ e $p$. A função da distribuição Binomial é dada por:

$$\mathbb{P}(Y = k) = \binom{n}{k} p^k (1-p)^{n-k}, \quad k = 0, 1, \dots, n,$$

onde $\binom{n}{k} = \frac{n!}{(n-k)!k!}$ representa o número de diferentes sequências possíveis contendo exatamente $k$ sucessos em $n$ ensaios. A esperança e a variância dessa distribuição, respectivamente, são dadas por:

$$\mathbb{E}(Y) = np, \quad \mathbb{V}(Y) = np(1-p)$$

**Exemplo.** Semear 5 sementes similares de forma que uma não interfere no desenvolvimento das outras e observar se cada uma germinou ou não após certo período. Sendo $G$ a ocorrência da germinação, o espaço amostral desse ensaio aleatório é:

$$\Omega = \{GGG, GG\bar{G}, G\bar{G}G, \dots, \bar{G}\bar{G}\bar{G}\}.$$

Esse espaço amostral tem $2^3 = 8$ elementos e podemos definir a variável aleatória $X$ como sendo o número de sementes geminadas em $n = 3$ ensaios. Note que para cada semente $i$ temos uma variável $X_i \sim \text{Bernoulli}(p)$ associada. Neste sentido, o conjunto dos possíveis valores de $X$, ou seja, o espaço amostral de $X$, é $\Omega_X = \{0, 1, 2, 3\}$.

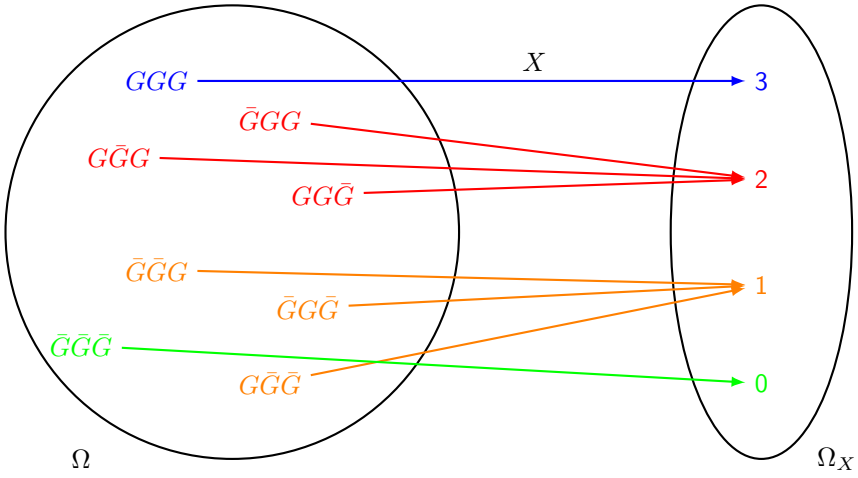



Figura 4.3: Espaço amostral do experimento e da variável aleatória $X$.

Considerando $p = 0.4$, o potencial de germinação, a função de distribuição é dada por:

$$p(x) = \mathbb{P}(X = x) = \binom{3}{x} 0.4^x \cdot 0.6^{3-x}.$$

As probabilidades presentes na Tabela 4.1 mostram a distribuição de probabilidade da variável

Tabela 4.1: Probabilidades germinação de sementes no exemplo.

| Número de sementes geminadas | Probabilidades de germinação |
|---|---|
| 0 | $1 \times 0.4^0 \times 0.6^3 = 0.216$ |
| 1 | $3 \times 0.4^1 \times 0.6^2 = 0.432$ |
| 2 | $3 \times 0.4^2 \times 0.6^1 = 0.288$ |
| 3 | $1 \times 0.4^3 \times 0.6^0 = 0.064$ |

aleatória $X$, que também pode ser representada num gráfico (Figura 4.4).

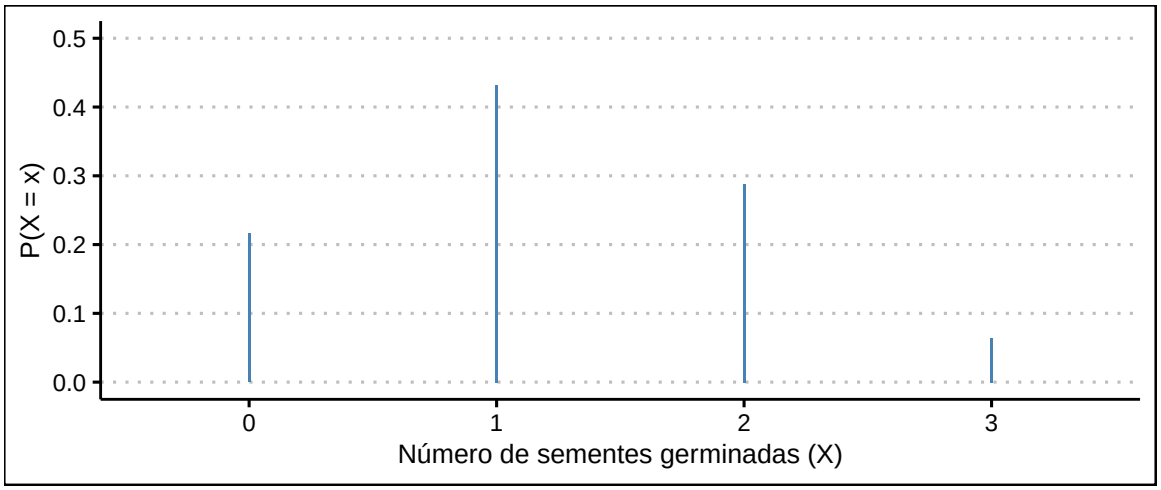



Figura 4.4: Distribuição de probabilidades da variável $X \sim \text{Bin}(3, p)$.

A partir dessas distribuições, é possível responder perguntas como:

1. Qual a probabilidade de ter pelo menos 2 germinações?

$$\mathbb{P}(X \geq 2) = \mathbb{P}(X = 2) + \mathbb{P}(X = 3) = 0.228 + 0.064 = 0.292$$

   Portanto, a probabilidade de ter pelo menos 2 germinações é de 29.2%.
2. Qual a probabilidade de ter germinação?

$$\mathbb{P}(X \geq 1) = 1 - \mathbb{P}(X < 1) = 1 - \mathbb{P}(X = 0) = 1 - 0.216 = 0.785$$

   Portanto, a probabilidade de ter germinação é de 78.5%.
3. Qual a média de germinações? A resposta para essa pergunta provém do valor esperado de $X$. Portanto, basta calcularmos $\mathbb{E}(X)$ a partir dos resultados presentes na Tabela 4.1:

$$\mathbb{E}(X) = 0 \times \mathbb{P}(X = 0) + 1 \cdot \mathbb{P}(X = 1) + 2 \cdot \mathbb{P}(X = 2) + 3 \cdot \mathbb{P}(X = 3) = 1.2$$

No entanto, é possível calcularmos através da fórmula do valor esperado específico da distribuição Binomial:

$$\mathbb{E}(X) = n \times p = 3 \times 0.4 = 1.2,$$

fornecendo o mesmo resultado, mas com contas mais simples.

4. Qual a variância de $X$? Note que seguindo a definição vista, teremos um trabalho árduo de contas a serem feitas à mão. No entanto, o fato de $X \sim \text{Bin}(n, p)$, sabemos que $\sigma_X^2 = np(1-p)$. Portanto, a variância é:

$$\sigma_X^2 = \mathbb{V}(X) = 3 \times 0.4 \times 0.6 = 0.72.$$

### 4.3.3 Distribuição de Poisson

Muitas vezes, o interesse em experimentos não está em verificar apenas sucesso ou fracasso (Bernoulli) nem em contar quantos sucessos ocorreram em $n$ tentativas fixas (Binomial). Existem outras situações práticas, que o objetivo é modelar o número de ocorrências de um evento em um certo intervalo de tempo ou espaço, sem que exista previamente um número fixo de repetições. Exemplos dessas situações incluem:

1. O número de aves que pousam em uma área de observação em 1 horas;
2. O número de mutações em uma sequência de DNA com comprimento fixo;
3. O número de chamadas recebidas em um centro de triagem veterinárias por minutos;
4. O número de insetos que caem em uma armadilha em um dia;
5. O número de casos de doenças transmitidas por semana.

Essa distribuição, conhecida por **distribuição de Poisson**, é particularmente adequada quando (1) os eventos ocorrem de forma independente, (2) a taxa média de ocorrência é constante no tempo ou espaço e (3) a probabilidade de dois ou mais eventos ocorrerem simultaneamente é desprezível.

Desta forma, dizemos que uma variável aleatória $X$ segue a distribuição de Poisson com parâmetro $\lambda > 0$ (taxa média de ocorrência) e denotamos por $X \sim \text{Po}(\lambda)$. A sua função de distribuição é dada por:

$$p(k) = \mathbb{P}(X = k) = \frac{e^{\lambda}\lambda^k}{k!}, \quad k = 0, 1, 2, ...$$

Neste modelo, o parâmetro $\lambda$ representa tanto a média, quanto a variância, isto é:

$$\mathbb{E}(X) = \lambda, \quad \mathbb{V}(X) = \lambda.$$

Note que, na distribuição de Poisson, a esperança e a variância são iguais. Portanto, é uma propriedade característica e restritiva.

**Exemplo.** Suponha que, em média, 2 aves pousam em uma árvore a cada hora em determinada região de estudo. O número de aves que pousam em uma variável pode ser modelado a partir de uma variável aleatória $X \sim \text{Po}(\lambda = 2)$. Assim, o espaço amostral de $X$ é $\Omega_X = \{0, 1, 2, ...\}$ com

$$p(k) = \mathbb{P}(X = k) = \frac{e^{-2}2^k}{k!}, \quad k = 0, 1, 2, ...$$

A distribuição de $X \sim \text{Po}(2)$ está representada na Figura 4.5 e a partir dela, é possível responder alguns questionamentos como:

1. Qual a probabilidade de nenhuma ave pousar em uma hora?

$$\mathbb{P}(X = 0) = \frac{e^{-2}2^0}{0!} = 0.135$$

2. Qual a probabilidade no máximo 2 aves pousarem em uma hora?

$$\mathbb{P}(X \leq 2) = \mathbb{P}(X = 0) + \mathbb{P}(X = 1) + \mathbb{P}(X = 2) = 5e^{-2} = 0.6767.$$

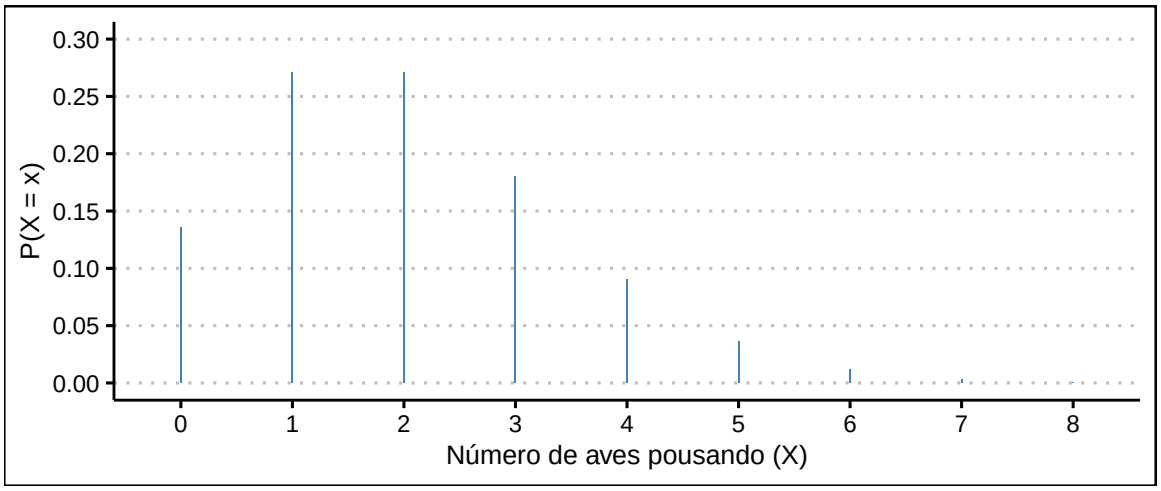



Figura 4.5: Distribuição de probabilidades da variável $X \sim \text{Poisson}(2)$.

## 4.4 Variáveis Aleatórias Contínuas

Na seção anterior lidamos com variáveis que assumem apenas determinados valores inteiros, denominadas por variáveis aleatórias discretas. No entanto, outra parte dos estudos envolvem as

chamadas **variáveis aleatórias contínuas**, que podem assumir qualquer valor em um intervalo da reta real. Compreender sua estrutura é um processo importante de nosso estudo.

Considere o ensaio aleatório "sortear uma planta de uma grande cultura". Assim, o espaço amostral é

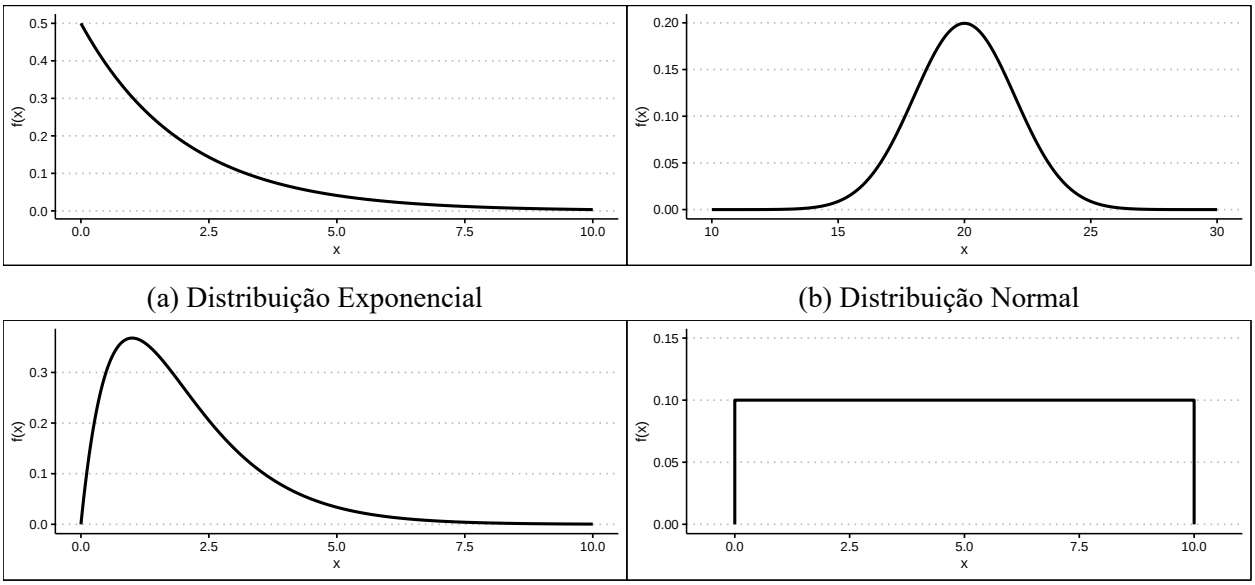
$$\Omega = \{\text{planta}_1, \text{planta}_2, \text{planta}_3, \dots\}.$$

Para cada elemento de $\Omega$ podemos definir a variável aleatória $X$ que representa a produção da planta, resultado no seguinte espaço amostral de $X$:

$$\Omega_X = \{x \mid x > 0\}.$$

A distribuição de probabilidades para uma variável contínua chamada de **densidade de probabilidade** e denotada por $f_X(x)$.

Existe um grande número de funções matemáticas que são modelos de probabilidades. Essas funções podem ser representadas por equações e também em gráficos (Figura 4.6).




(a) Distribuição Exponencial

(b) Distribuição Normal

(c) Distribuição Gamma

(d) Distribuição Uniforme

Figura 4.6: Alguns gráficos de funções densidades de probabilidade.

Uma função $f_X(x)$, definida nos reais, é uma densidade se é **não negativa**, isto é, $f_X(x) \geq 0$ e satisfaz:

$$\int f_X(x)\mathrm{d}x = 1.$$

A segunda propriedade diz que a área sob a curva é igual a 1, totalizando os 100% de possibilidades de valores que $X$ pode assumir. Deste modo, a probabilidade da variável pertencer a um intervalo

qualquer $(a, b)$ é dada pela área sob a curva:

$$\mathbb{P}(a < X < b) = \int_a^b f_X(x)\mathrm{d}x.$$

As consequências imediatas desta definição são:

1. A área à esquerda do ponto $b$ é:

$$\mathbb{P}(X < b) = \int_{-\infty}^b f_X(x)\mathrm{d}x;$$

2. A área à direita do ponto $b$ é:

$$\mathbb{P}(X > b) = \int_b^{\infty} f_X(x)\mathrm{d}x = 1 - \mathbb{P}(X < b);$$

3. A área sob o ponto $b$ é:

$$\mathbb{P}(X = b) = 0.$$

A última propriedade informa que, se a variável é contínua, a probabilidade dela assumir um valor particular qualquer é nula, visto que ponto não possui comprimento, explicitando o conceito que para variáveis contínuas, a probabilidade positiva existe apenas para valores dentro de intervalos.

Ainda, nesta seção, serão destacadas duas distribuições contínuas fundamentais – **Exponencial** e **Normal**. A primeira tem papel essencial por ser a forma mais simples da chamada *família exponencial*, conceito que servirá de base para compreender modelos mais gerais. Já a Normal, é uma das distribuições mais utilizadas e conhecidas dentro da estatística, com aplicações em inúmeras áreas, além de estar presente em diversas premissas que dão suporte aos Modelos Lineares. O estudo dessas distribuições, portanto, é um passo importante para compreender fenômenos contínuos de modo a preparar o caminho para modelos mais avançados que serão vistos a diante.

### 4.4.1 Distribuição Exponencial

Como visto anteriormente, a distribuição de Poisson é utilizada para modelar o número de eventos que ocorrem em um intervalo de tempo ou espaço. A distribuição Exponencial[1] surge quando o interesse do pesquisados está no tempo até a ocorrência do próximo evento.

[1] A distribuição Exponencial é um modelo probabilístico paramétrico amplamente utilizado em estudo de Analise de Sobrevivência, a partir de dados censurados, envolvendo áreas diversas áreas de engenharia, estudos clínicos e agronomia (COLOSIMO; GIOLO, 2021).

Em outras palavras, se sabermos que certo tipo de evento ocorre em média a uma taxa constante, é possível utilizar a distribuição Exponencial para descrever a variação no tempo de espera até esse evento. Exemplos incluem:

1. O tempo até que uma semente germine em condições controladas;
2. O tempo até o surgimento de uma mutação em uma população de bactérias;
3. O tempo de vida de certos organismos unicelulares;
4. O intervalo de tempo entre o pouco de aves em um ponto de observação.

Se a variável aleatória contínua $X$ representa o tempo de espera até o próximo evento, diz-se, então, que $X$ segue uma distribuição Exponencial com parâmetro $\lambda > 0$, denotado por $X \sim \text{Exp}(\lambda)$, em que $\lambda$ representa a taxa média de ocorrência dos eventos. A função densidade de probabilidade (Figura 4.7) é dada por:

$$f_X(x) = \lambda e^{-\lambda x}, \quad x > 0.$$

É possível demonstrar que a esperança e a variância, respectivamente, são dadas por:

$$\mathbb{E}(X) = \frac{1}{\lambda}, \quad \mathbb{V}(X) = \frac{1}{\lambda^2}.$$

A caracterização da esperança ser o inverso da taxa média significa, em termos práticos, que se esperarmos $\mathbb{E}(X) = 2$ horas até a germinação de uma semente, então a taxa de germinação é $\lambda = \frac{1}{2} = 0.5$ horas (30 minutos). Neste sentido, a distribuição Exponencial, portanto, é um modelo simples, mas útil para estudar tempos de espera em processos biológicos e ecológicos.

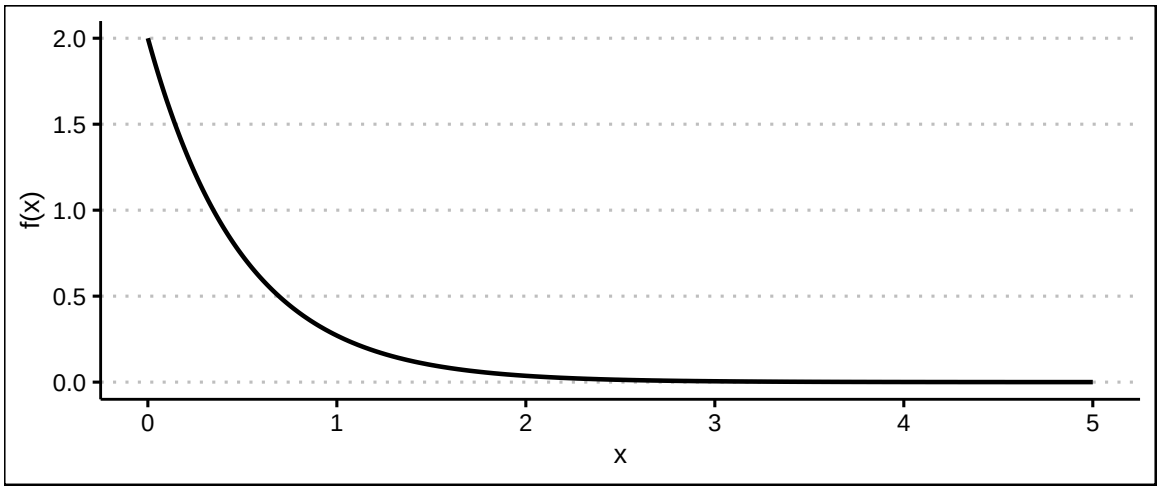



Figura 4.7: Função densidade de probabilidade da Exponencial ($\lambda = 2$).

### 4.4.2 Distribuição Normal

A distribuição normal é, sem dúvida, uma das mais importantes em Estatística, sendo a mais popular, e também conhecida por curva de Gauss[2], aparecendo em diversos contexto, seja na distribuição de característica biológicas, em fenômenos ambientais, ou ainda em processos de erro de medida em experimentos científicos.

Outro fator de sua popularidade esta em sua capacidade de aproximar os histogramas de muitas variáveis observadas na ciência e por descrever o comportamento de médias amostrais.

Dizemos que uma variável aleatória $X$ tem distribuição normal com parâmetros $\mu$ e $\sigma^2$, $-\infty < \mu < \infty$ e $\sigma^2 > 0$, se sua densidade é dada por:

$$f_X(x) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2\sigma^2}(x-\mu)^2}, \quad -\infty < x < \infty.$$

Na fórmula, $x$ representa os valores possíveis de $X$, $\mu = \mu_X$ é a média teórica (valor esperado) e $\sigma = \sigma_X$ é o desvio padrão. Devido a esses fatores, $f_X(x) \geq 0$ e $\int f_X(x)\mathrm{d}x = 1$. O gráfico desta curva possui um formato de sino (Figura 4.8) e por esse motivo, um outro nome alternativo para a distribuição normal (GOTELLI; ELLISON, 2013).

```
Warning in geom_point(aes(x = mu, y = 0), color = "blue", size = 2): All
aesthetics have length 1, but the data has 500 rows.
i Please consider using `annotate()` or provide this layer with data containing
  a single row.
```

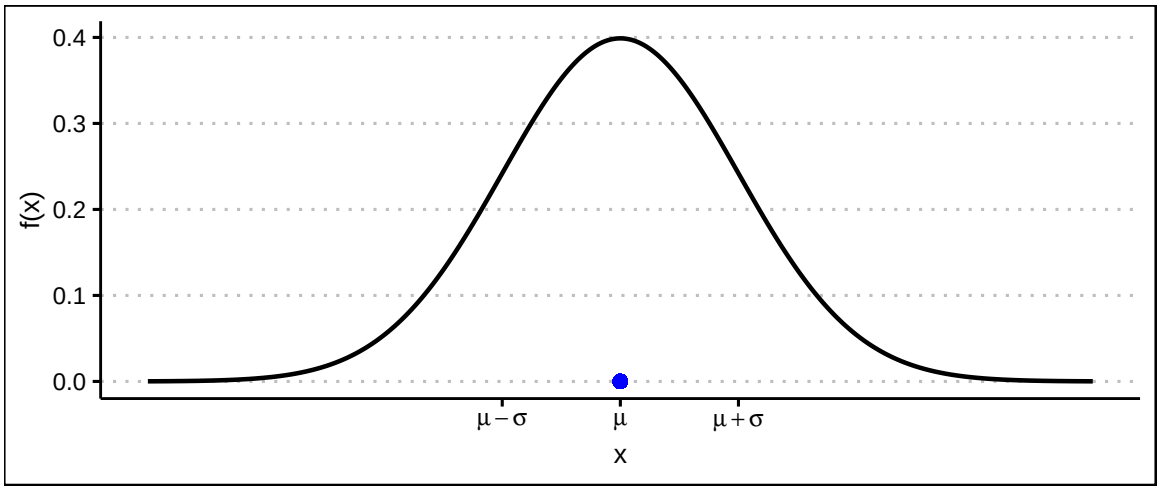



Figura 4.8: Função densidade de probabilidade Normal

[2]Gauss em seus trabalhos sobre erros de observações astronômicas, por volta de 1810, introduziu o nome de distribuição *gaussiana* para este modelo (MORETTIN; BUSSAB, 2010).

```
Warning: `cols` is now required when using `unnest()`.
i Please use `cols = c(x, y)`.
```

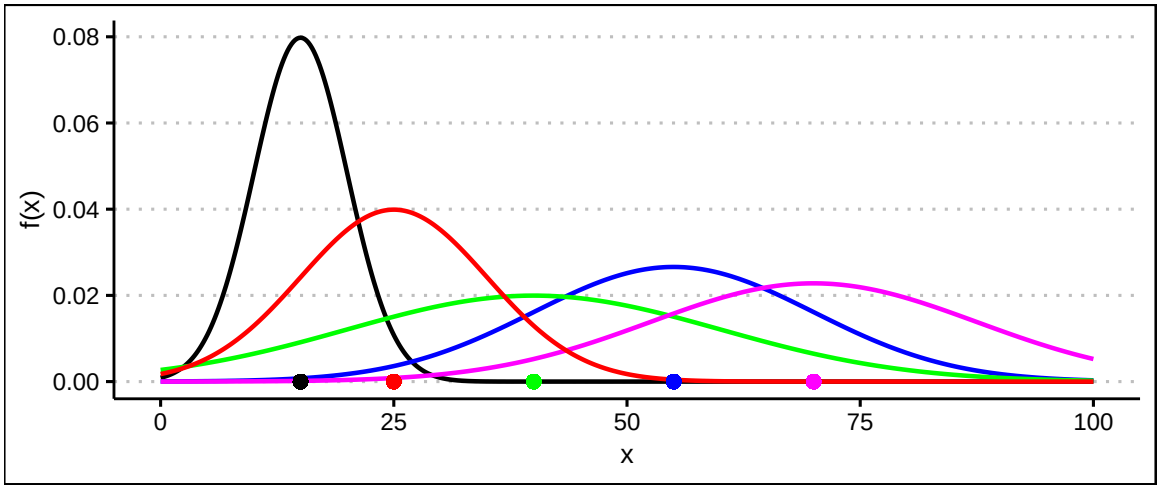



Figura 4.9: Densidades de probabilidade Normal

# 5 A Lógica da Inferência Estatística

Sejam os testes de hipóteses $H_0$ *vs.* $H_A$.

# 6 Delineamento de Experimentos

Um delineamento é…

# Parte III

# Modelagem Estatística de Dados Biológicos

# 7 Modelos Lineares – A Base da Modelagem

Um modelo linear é definido por:

$$Y = X\beta + \epsilon$$

# 8 Entendendo os Modelos Mistos

Os efeitos aleatórios são…

# 9 Modelos Lineares Mistos com `lme4`

O pacote `lme4` nos permite modelar…

# 10 Modelos Lineares Generalizados Mistos

Um GLMM é definino como sendo…

# 11 Validação e Interpretação de Modelos Mistos

Após ajustar os modelos, é boa prática validá-los através de técnicas…

# Parte IV

# Aplicações Práticas e Recursos

# Referências


ANDRADE, Dalton Francisco de; OGLIARI, Paulo José. **Estatística Para as Ciências Agrárias e Biológicas: Com Noções de Experimentação**. 3. ed. *[S.l.]*: EdUFSC, 2017.

COLOSIMO, Enrico Antônio; GIOLO, Suely Ruiz. **Análise de Sobrevivência Aplicada**. *[S.l.]*: Editora Blucher, 2021.

GORMAN, Kristen B. *et al.* Ecological Sexual Dimorphism and Environmental Variability within a Community of Antarctic Penguins (Genus Pygoscelis). **PLOS ONE**, v. 9, n. 3, p. e90081, 2014.

GOTELLI, Nicholas J.; ELLISON, Aaron M. **A Primer of Ecological Statistics**. New York, NY: Oxford University Press, 2013. v. 2

KOLMOGOROV, Andrey Nikolaevich. **Foundations of the Theory of Probability**. New York: Chelsea Pub. Co., 1950.

MAGALHÃES, Marcos Nascimento. **Probabilidade e Variáveis Aleatórias**. *[S.l.]*: EdUSP, 2006.

MORETTIN, Pedro Alberto; BUSSAB, Wilton Oliveira. **Estatística Básica**. São Paulo: Saraiva, 2010. v. 6a Ed.

WICKHAM, Hadley. Tidy Data. **Journal of Statistical Software**, v. 59, p. 1–23, set. 2014.

WICKHAM, Hadley. **Ggplot2**. Cham: Springer International Publishing, 2016.

WICKHAM, Hadley *et al.* Welcome to the Tidyverse. **Journal of Open Source Software**, v. 4, n. 43, p. 1686, nov. 2019.