

# Exploração e visualização de dados

Gilberto Pereira Sassi

Departamento de Estatística  
Instituto de Matemática e Estatística

## Sobre o curso

- Em casa, você pode usar:
  - [colab.research.google.com/#create=true&language=r](https://colab.research.google.com/#create=true&language=r);
  - [posit.cloud](https://posit.cloud).
- No seu dia-a-dia, recomenda-se instalar o R com versão pelo menos 4.1: [cran.r-project.org](https://cran.r-project.org).
- **IDE** recomendadas: *RStudio* e *VSCode*.
  - Caso você queira usar o *VSCode*, instale a extensão da linguagem R.
- Neste curso, usaremos o *framework* **tidyverse**:
  - Instale o framework a partir do repositório CRAN:  
`install.packages("tidyverse")`
- Outras linguagens interessantes: *python* e *julia*.
  - *python*: linguagem interpretada de propósito geral, contemporânea do R, simples e fácil de aprender.
  - *julia*: linguagem interpretada para análise de dados, lançada em 2012, promete simplicidade e velocidade.

A linguagem R:

uma introdução

## O precursor do R: S.

- R é uma linguagem derivada do S.
- S foi desenvolvido em fortran por **John Chambers** em 1976 no **Bell Labs**.
- S foi desenvolvido para ser um ambiente de análise estatística.
- Filosofia do S: permitir que usuários possam analisar dados usando estatística com pouco conhecimento de programação.

## História do R

- Em 1991, **Ross Ihaka** e **Robert Gentleman** criaram o R na **Nova Zelândia**.
- Em 1996, **Ross** e **Robert** liberam o R sob a licença “GNU General License”, o que tornou o R um software livre.
- Em 1997, **The Core Group** é criado para melhorar e controlar o código fonte do R.

- Constante melhoramento e atualização.
- Portabilidade (roda em praticamente todos os sistemas operacionais).
- Grande comunidade de desenvolvedores que adicionam novas capacidades ao R através de pacotes.
- Gráficos de maneira relativamente simples.
- Interatividade.
- Um grande comunidade de usuários (especialmente útil para resolução de problemas).

## Livros

Recomendo principalmente o livro *R for Data Science*.

- **Nível Iniciante:** *R Tutorial* na W3Schools.
- **Nível Iniciante:** *Hands-On Programming with R*.
- **Nível Iniciante:** *R for Data Science*.
- **Nível Intermediário:** *Advanced R*.

---

## Livros em português

- **Nível *cheguei agora aqui*:** *zen do R*.
- **Nível Avançado:** *Advanced R*.
- **Nível Iniciante:** [material.curso-r.com](http://material.curso-r.com).
- **Nível Iniciante:** [ecoR](http://ecoR).
- **Nível Iniciante:** [analises-ecologicas.com](http://analises-ecologicas.com).

## Plataformas de ensino on-line

- **Datacamp:** [datacamp.com](https://datacamp.com)
- **Dataquest:** [dataquest.io](https://dataquest.io)



# O que você pode fazer quando estiver em apuros?

- consultar a documentação do R:

```
help(mean)  
?mean
```

- Peça ajuda a um programador mais experiente.
- Consulte [Rstudio community](#).
- Consulte [pt.stackoverflow.com](#).
- Use ferramentas de busca como o [google](#) e [duckduckgo.com](#).

```
sqrt("Gilberto")
```

- Na ferramenta de busca, pesquise por Error in  
sqrt("Gilberto"): non-numeric argument to mathematical  
function

## Soma

$$1 + 1$$

[1] 2

## Subtração

$$2 - 1$$

[1] 1

## Divisão

$$3 / 2$$

[1] 1.5

## Potenciação

$$2^3$$

[1] 8

# Operações básicas

## Exercício

Qual o resultado das seguintes operações?

- ①  $5.32 + 7.99$
- ②  $5.55 - 10$
- ③  $3.33 * 5.12$
- ④  $1 / 4.55$
- ⑤  $5^{1.23}$

**Função:** é uma ação e tem os seguinte componentes na ordem:

- *nome da função*
- *parênteses*
- *argumentos posicionais*
- *argumentos nomeados*

*nome da função* *parênteses* *argumentos posicionais* *argumentos nomeados* *parênteses*  
`nome_funcao ( valor1, valor2, nome1 = valor3, nome2 = valor4 )`

**example:**

```
read_xlsx('data/raw/casas.xlsx', sheet=1)
```

# Funções na linguagem R

## Exercício

- Obtenha ajuda para `mean` usando a função `help`.
- Calcule o logaritmo de 10 na base 3 usando a função `log`.
- Leia o conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx` usando a função `read_excel` do pacote `readxl`.

- **Tipo de dados:** `character` (character), número real (`double`), número inteiro (`integer`), número complexo (`complex`) e lógico (`logical`).
- **Estrutura de dados:** `atomic vector` (a estrutura de dados mais básica no R), `matrix`, `array`, `list` e `data.frame` (`tibble` no `tidyverse`).
- **Estrutura de dados Homogênea:** `vector`, `matrix` e `array`.
- **Estrutura de dados Heterôgenea:** `list` e `data.frame` (`tibble` no `tidyverse`).

## Número inteiro

```
class(1L)
```

```
[1] "integer"
```

## Número real

```
class(1.2)
```

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

## Número complexo

```
class(1 + 1i)
```

```
[1] "complex"
```

## Número lógico ou valor booleano

```
class(TRUE)
```

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

## Caracter ou *string*

```
class("Gilberto")
```

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



## Vetor

- Agrupamento de valores de mesmo tipo em um único objeto.
- Criação de vetor:
  - `c(...)`;
  - `vector('<tipo de dados>', <comprimento do vetor>)`;
  - `seq(from = a, to = b, by = c)`;
  - `seq_along(<vetor>)` - vetor de números inteiros com o mesmo trabalho de `<vetor>`;
  - `seq_len(<número inteiro>)` - vetor de números inteiros com o tamanho `<número inteiro>`;
  - `<número inicial>:<número final>` - sequência de números inteiros entre `<número inicial>` e `<número final>`
- Podemos checar o tipo de dados de um vetor com a função `class`.

## Vetor de caracteres

```
nomes <- c("Gilberto", "Sassi")  
class(nomes)
```

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

```
nomes
```

```
[1] "Gilberto" "Sassi"
```

```
texto_vazio <- vector("character", 3)  
class(texto_vazio)
```

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

```
texto_vazio
```

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

## Vetor de números reais

```
vetor_real <- c(0.2, 1.35)  
class(vetor_real)
```

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

```
vetor_real
```

```
[1] 0.20 1.35
```

```
vetor_real <- vector("double", 3)  
vetor_real
```

```
[1] 0 0 0
```

```
vetor_real <- seq(from = 1, to = 3.5, by = 0.5)  
vetor_real
```

```
[1] 1.0 1.5 2.0 2.5 3.0 3.5
```

## Vetor de números inteiros

```
vetor_inteiro <- c(1L, 2L)  
class(vetor_inteiro)
```

```
[1] "integer"
```

```
vetor_inteiro
```

```
[1] 1 2
```

```
vetor_inteiro <- vector("integer", 3)  
vetor_inteiro
```

```
[1] 0 0 0
```

```
vetor_inteiro <- 1:4  
vetor_inteiro
```

```
[1] 1 2 3 4
```

```
vetor_real <- seq_along(nomes)
class(vetor_real)
```

```
[1] "integer"
```

```
vetor_real
```

```
[1] 1 2
```

```
vetor_real <- seq_len(5)
class(vetor_real)
```

```
[1] "integer"
```

```
vetor_real
```

```
[1] 1 2 3 4 5
```

## Vetor lógico

```
vetor_logico <- c(TRUE, FALSE)  
class(vetor_logico)
```

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

```
vetor_logico
```

```
[1] TRUE FALSE
```

```
vetor_logico <- vector("logical", 3)  
vetor_logico
```

```
[1] FALSE FALSE FALSE
```

# Estrutura de dados homogênea

## Exercício

Crie os seguintes vetores:

- 1  $(0, 1 \quad 0, 2 \quad 0, 3 \quad 0, 4 \quad 0, 5)$
- 2  $(TRUE \quad TRUE \quad FALSE)$
- 3  $(\text{"Marx"} \quad \text{"Engels"} \quad \text{"Lênin"})$
- 4  $(1 \quad 2 \quad 3)$

## Operações com vetores numéricos (double, integer e complex).

- Operações básicas (operação, subtração, multiplicação e divisão ) realizada em cada elemento do vetor.
- *Slicing*: extrair parte de um vetor (não precisa ser vetor numérico).

### *Slicing*

```
vetor <- c("a", "b", "c", "d", "e", "f", "g", "h", "i")  
# selecionado todos os elementos entre o primeiro e o quinta  
vetor[1:5]
```

```
[1] "a" "b" "c" "d" "e"
```

## Adição (vetores numéricos)

```
vetor_1 <- 1:5  
vetor_2 <- 6:10  
vetor_1 + vetor_2
```

```
[1] 7 9 11 13 15
```



## Subtração (vetores numéricos)

```
vetor_1 <- 1:5  
vetor_2 <- 6:10  
vetor_2 - vetor_1
```

```
[1] 5 5 5 5 5
```

## Multiplicação (vetores numéricos)

```
vetor_1 <- 1:5  
vetor_2 <- 6:10  
vetor_2 * vetor_1
```

```
[1] 6 14 24 36 50
```

## Divisão (vetores numéricos)

```
vetor_1 <- 1:5  
vetor_2 <- 6:10  
vetor_2 / vetor_1
```

```
[1] 6.000000 3.500000 2.666667 2.250000 2.000000
```

# Estrutura de dados homogênea

## Exercício

Realize as seguintes operações envolvendo vetores:

①  $(1 \ 2 \ 3) + (0,1 \ 0,05 \ 0,33)$

②  $(1 \ 2 \ 3) - (0,1 \ 0,05 \ 0,33)$

③  $(1 \ 2 \ 3) * (0,1 \ 0,05 \ 0,33)$

④  $(1 \ 2 \ 3) / (0,1 \ 0,05 \ 0,33)$

## Matriz

- Agrupamento de valores de mesmo tipo em um único objeto de dimensão 2.
- Criação de matriz:
  - `matrix(..., nrow = <integer>, ncol = <integer>, byrow = TRUE)` - preenche a matriz a partir das linhas se `byrow = TRUE`;
  - `diag(<vector>)` - diagonal principal igual a `<vetor>` e outros elementos zero;
  - `rbind()` - especificação das linhas da matriz;
  - `cbind()` - especificação das colunas da matriz.

## Matriz de caracteres

```
matriz_texto <- rbind(c("a", "b"), c("c", "d"))  
matriz_texto
```

```
      [,1] [,2]  
[1,] "a"  "b"  
[2,] "c"  "d"
```

## Matriz de números reais

```
matriz_real <- matrix(seq(from = 0, to = 1.5, by = 0.5),  
                      nrow = 2, byrow = TRUE)  
matriz_real
```

```
      [,1] [,2]  
[1,]    0  0.5  
[2,]    1  1.5
```

## Matriz de inteiros

```
matriz_inteiro <- cbind(c(1L, 2L), c(3L, 4L))  
matriz_inteiro
```

```
      [,1] [,2]  
[1,]     1     3  
[2,]     2     4
```

## Matriz de valores lógicos

```
matriz_logico <- matrix(c(TRUE, F, F, T), nrow = 2)  
matriz_logico
```

```
      [,1] [,2]  
[1,]  TRUE FALSE  
[2,] FALSE  TRUE
```

## Array

- Agrupamento de valores de mesmo tipo em um único objeto em duas ou mais dimensões.
- Criação de array: `array(..., dim = <vector of integers>)`.

```
dados_matriz_1 <- 10:13
dados_matriz_2 <- 14:17
resultado <- array(c(dados_matriz_1, dados_matriz_2),
                  dim = c(2, 2, 2))
resultado
```

, , 1

	[,1]	[,2]
[1,]	10	12
[2,]	11	13

, , 2

	[,1]	[,2]
[1,]	14	16
[2,]	15	17

## **Operações com matrizes numéricas (double, integer e complex).**

- Operações básicas (operação, subtração, multiplicação e divisão) realizada em cada elemento das matrizes.
- Outras operações:
  - Multiplicação de matrizes;
  - Inversão de matrizes;
  - Matriz transposta;
  - Determinante;
  - Solução de sistema de equações lineares.



## Matrizes

```
matriz_a <- rbind(c(1, 2), c(0, 3))  
matriz_b <- matrix(runif(4), ncol = 2)
```

---

## Soma

```
matriz_soma <- matriz_a + matriz_b  
matriz_soma
```

```
      [,1]      [,2]  
[1,] 1.2832783 2.678966  
[2,] 0.9676014 3.515805
```

## Subtração

```
matriz_menos <- matriz_a - matriz_b  
matriz_menos
```

```
      [,1]      [,2]  
[1,] 0.7167217 1.321034  
[2,] -0.9676014 2.484195
```

## Produto de Hadamard

- Multiplicação de matrizes, elemento por elemento.
- Para detalhes consulte [produto de Hadamard](#).

```
matriz_hadamard <- matriz_a * matriz_b  
matriz_hadamard
```

```
      [,1]      [,2]  
[1,] 0.2832783 1.357931  
[2,] 0.0000000 1.547416
```

---

## Multiplicação de matrizes

```
matriz_multiplicacao <- matriz_a %*% matriz_b  
matriz_multiplicacao
```

```
      [,1]      [,2]  
[1,] 2.218481 1.710576  
[2,] 2.902804 1.547416
```

## Matriz inversa

```
matriz_inversa <- solve(matriz_a)
matriz_inversa
```

```
      [,1]      [,2]
[1,]      1 -0.6666667
[2,]      0  0.3333333
```

```
matriz_a %*% matriz_inversa
```

```
      [,1] [,2]
[1,]      1      0
[2,]      0      1
```

## Matriz transposta

```
matriz_transposta <- t(matriz_a)
matriz_transposta
```

```
      [,1] [,2]
[1,]      1      0
[2,]      2      3
```

## Determinante

```
det(matriz_a)
```

```
[1] 3
```

## Solução de sistema de equações lineares

```
b <- c(1, 2)
solve(matriz_a, b)
```

```
[1] -0.3333333  0.6666667
```

## Matriz inversa generalizada

$G$  é a matriz inversa generalizada de  $A$  se  $A \cdot G \cdot A = A$ . Para detalhes vide [matriz inversa generalizada](#).

```
p_load(MASS) # ginv é uma função do pacote MASS
ginv(matriz_a)
```

```
          [,1]      [,2]
[1,] 1.000000e+00 -0.6666667
[2,] -2.775558e-17  0.3333333
```

## Outras operações com matrizes.

Operador ou função	Descrição
$A \% \% B$	produto diádico $A \cdot B^T$
<code>crossprod(A, B)</code>	$A \cdot B^T$
<code>crossprod(A)</code>	$A \cdot A^T$
<code>diag(x)</code>	retorna uma matrix diagonal com diagonal igual a x
<code>diag(A)</code>	retorna um vetor com a diagona de A
<code>diag(k)</code>	retorna uma matriz diagona de ordem k

# Estrutura de dados homogênea

## Exercício

Realize as seguinte operações envolvendo as matrizes:

①  $\begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 2 & 0,5 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 0,1 & 0 \\ 0 & 0,5 \end{pmatrix}$

②  $\begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 2 & 0,5 \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} 0,1 & 0 \\ 0 & 0,5 \end{pmatrix}$

③ Multiplicação de matriz:  $\begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 2 & 0,5 \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} 0,1 & 0 \\ 0 & 0,5 \end{pmatrix}$

④ Divisão elemento a elemento:  $\begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 2 & 0,5 \end{pmatrix} / \begin{pmatrix} 0,1 & 0 \\ 0 & 0,5 \end{pmatrix}$

⑤ Resolva o seguinte sistema de equações:  $\begin{cases} x + 2y = 21 \\ x - 2y = 1 \end{cases}$ .

⑥ Encontre a matriz inversa de  $\begin{pmatrix} 1 & 2 \\ 1 & -2 \end{pmatrix}$ .

# Estrutura de Dados Heterogênea

## Lista

- Agrupamento de valores de tipos diversos e estrutura de dados
- Criação de listas: `list(...)` e `vector("list", <comprimento da lista>)`

```
lista_info <- list(pedido_id = 8001406,
  nome = "Fulano",
  sobrenome = "de Tal",
  cpf = "12345678900",
  itens = list(list(descricao = "Ferrari",
    frete = 0,
    valor = 500000),
    list(descricao = "Dolly", frete = 1.5,
      valor = 3.90)))

lista_info
```

```
$pedido_id  
[1] 8001406
```

```
$nome  
[1] "Fulano"
```

```
$sobrenome  
[1] "de Tal"
```

```
$cpf  
[1] "12345678900"
```

```
$itens  
$itens[[1]]  
$itens[[1]]$descricao  
[1] "Ferrari"
```

```
$itens[[1]]$frete  
[1] 0
```

```
$itens[[1]]$valor  
[1] 5e+05
```

```
$itens[[2]]  
$itens[[2]]$descricao  
[1] "Dolly"
```

```
$itens[[2]]$frete  
[1] 1.5
```

```
$itens[[2]]$valor  
[1] 3.9
```



# Estrutura de dados heterogênea

## Exercício

Crie uma lista, chamada `informacoes_pessoais` com os seguintes campos:

- `nome`: seu nome
- `idade`: sua idade
- `informacao_profissional`: uma lista com os seguintes campos:
  - `matricula`: escolaridade
  - `origem`: variável qualitativa com a sua cidade de origem.
- `matriz`: inclua uma matriz de números reais de dimensão  $2 \times 2$

- *slicing* - `[]` - extrai parte da lista (valor retornado é uma lista).
  - Acessando  $k$ -ésimo valor da lista: `lista[[k]]`.
  - Acessando um valor da lista pela chave (nome do campo):  
`lista$cpf`.
  - Concatenação de listas: `c()`.
- 

## ***Slicing***

```
lista_info[c(2, 4)]
```

```
$nome
```

```
[1] "Fulano"
```

```
$cpf
```

```
[1] "12345678900"
```

## **Acessando elemento pela posição**

```
lista_info[[2]]
```

```
[1] "Fulano"
```

## Acessando elemento pela chave

```
lista_info$nome
```

```
[1] "Fulano"
```

## Concatenação de listas

```
lista_1 <- list(1, 2)
lista_2 <- list("Gilberto", "Sassi")
lista_concatenada <- c(lista_1, lista_2)
lista_concatenada
```

```
[[1]]
```

```
[1] 1
```

```
[[2]]
```

```
[1] 2
```

```
[[3]]
```

```
[1] "Gilberto"
```

```
[[4]]
```

```
[1] "Sassi"
```

# Estrutura de dados heterogênea

## Exercício

Recupe e imprima as seguintes informações da lista `informacoes_pessoais`:

- os três primeiros campos de `informacoes_pessoais`
- os nomes dos campos de `informacoes_pessoais`
- campo nome de `informacoes_pessoais`
- o terceiro campo de `informacoes_pessoais`

## Tidy data

- Dados em formato de tabela.
  - Cada coluna é uma variável e cada linha é uma observação.
- 

## `tibble` (data frame)

- Estrutura de dados tabular.
- Assumimos que os dados estão **tidy**.
- Criação de `tibble`: `tibble(...)` e `tribble(...)`.
- `glimpse` mostra as informações do `tibble`.

```
p_load(tidyverse) # carregando o framework tidyverse
data_frame <- tibble(
  nome = c("Marx", "Engels", "Rosa", "Lênin", "Olga Benário"),
  idade = c(22, 23, 21, 24, 30)
)
glimpse(data_frame)
```

Rows: 5

Columns: 2

\$ nome <chr> "Marx", "Engels", "Rosa", "Lênin", "Olga Benário"

\$ idade <dbl> 22, 23, 21, 24, 30

Valores especiais	Descrição	Função para identificar
NA	Valor faltante.	<code>is.na()</code>
NaN	Resultado do cálculo indefinido.	<code>is.nan()</code>
Inf	Valor que excede o valor máximo que sua máquina aguenta.	<code>is.inf()</code>
NULL	Valor indefinido de expressões e funções (diferente de NaN e NA)	<code>is.null()</code>

# Operações básicas em um tibble

Função	Descrição
<code>head()</code>	Mostra as primeiras linhas de um tibble
<code>tail()</code>	Mostra as últimas linhas de um tibble
<code>glimpse()</code>	Impressão de informações básicas dos dados
<code>add_case()</code>	Adiciona uma nova observação
<code>add_row()</code>	Adiciona uma nova observação



```
head(data_frame, n=2)
```

```
# A tibble: 2 x 2
```

	nome	idade
	<chr>	<dbl>

1	Marx	22
---	------	----

2	Engels	23
---	--------	----

```
tail(data_frame, n=2)
```

```
# A tibble: 2 x 2
```

	nome	idade
	<chr>	<dbl>

1	Lênin	24
---	-------	----

2	Olga Benário	30
---	--------------	----

# Estrutura de dados heterogênea

## Exercício

Realize as seguintes operações no *dataset* `iris` (disponível no R):

- imprima um resumo sobre o *dataset* `iris`.
- pegue as 5 primeiras linhas de `iris`.
- pegue as 5 últimas linhas de `iris`.
- crie *na mão* o seguinte conjunto de dados:

nomes	origem
Fidel Castro	Cuba
Ernesto 'Che' Guevara	Cuba
Célia Sánchez	Cuba

Organização é fundamental

O nome de um objeto precisa ter um *significado*.

O nome deve indicar e deixar claro o que este objeto é ou faz.

- Use a convenção do R:
  - Use apenas letras minúsculas, números e *underscore* (comece sempre com letras minúsculas).
  - Nomes de objetos precisam ser substantivos e precisam descrever o que este objeto é ou faz (seja conciso, direto e significativo).
  - Evite ao máximo os nomes que já são usados ( *buit-in* ) do R. Por exemplo: `c`.
  - Coloque espaço depois da vírgula.
  - Não coloque espaço antes nem depois de parênteses. Exceção: Coloque um espaço ( ) antes e depois de `if`, `for` ou `while`, e coloque um espaço depois de ( ).
  - Coloque espaço entre operadores básicos: `+`, `-`, `*`, `==` e outros. Exceção: `^`.

Mantenha uma estrutura (organização) consistente de diretórios em seus projetos.

- Sugestão de estrutura:
  - dados: diretório para armazenar seus conjuntos de dados.
    - brutos: dados brutos.
    - processados: dados processados.
  - scripts: código fonte do seu projeto.
  - figuras: figuras criadas no seu projeto.
  - output: outros arquivos que não são figuras.
  - legado: arquivos da versão anterior do projeto.
  - notas: notas de reuniões e afins.
  - relatorio (ou artigos): documento final de seu projeto.
  - documentos: livros, artigos e qualquer coisa que são referências em seu projeto.

Para mais detalhes, consulte esse guia do [curso-r: diretórios e .Rproj](#).

## Importação e exportação de dados

## Leitura de arquivos no formato `xlsx` ou `xls`

- **Pacote:** `readxl`
- Parâmetros das funções `read_xls` (arquivos `.xls`) e `read_xlsx` (arquivos `.xlsx`):
  - `path`: caminho até o arquivo.
  - `sheet`: especifica a planilha do arquivo que será lida.
  - `range`: especifica uma área de uma planilha para leitura. Por exemplo: `B3:E15`.
  - `col_names`: Argumento lógico com valor padrão igual a `TRUE`. Indica se a primeira linha tem o nome das variáveis.

Para mais detalhes, consulte a documentação: [documentação de `read\_xl`](#).

## Leitura de arquivos no formato xlsx ou xls

```
p_load(tidyverse)
p_load(readxl)
dados_iris <- read_xlsx("dados/brutos/iris.xlsx")
dados_iris <- clean_names(dados_iris)

glimpse(dados_iris)
```

Rows: 150

Columns: 5

```
$ comprimento_sepala <dbl> 5.1, 4.9, 4.7, 4.6, 5.0, 5.4, 4.6, 5.0, 4.4,
$ largura_sepala      <dbl> 3.5, 3.0, 3.2, 3.1, 3.6, 3.9, 3.4, 3.4, 2.9,
$ comprimento_petala <dbl> 1.4, 1.4, 1.3, 1.5, 1.4, 1.7, 1.4, 1.5, 1.4,
$ largura_petala      <dbl> 0.2, 0.2, 0.2, 0.2, 0.2, 0.4, 0.3, 0.2, 0.2,
$ especies            <chr> "setosa", "setosa", "setosa", "setosa", "set"
```



## Lendo dados no R

### Exercício

Leia o *dataset* `dados_leitura.xlsx` usando o pacote `readxl`.

## As formatações dos arquivos csv

- csv: *comma separated values* (valores separados por coluna). O *separador* varia em diferentes sistemas de medidas.
- 

- No sistema métrico:
    - As casas decimais são separadas por ,
    - O agrupamento de milhar é marcada por .
    - As colunas dos arquivos de texto são separadas por ;
- 

- No sistema imperial inglês (UK e USA):
  - As casas decimais são separadas por .
  - O agrupamento de milhar é marcada por ,
  - As colunas dos arquivos de texto são separadas por ;

***Preste atenção em como o seus dados estão armazenados!***

## Leitura de arquivos no formato csv

- **Pacote:** readr do tidyverse (instale com o comando `install.packages('readr')`).
- Parâmetros das funções `read_csv` (sistema imperial inglês) e `read_csv2` (sistema métrico):
  - `path`: caminho até o arquivo.

Para mais detalhes, consulte a documentação oficial do *tidyverse*:  
[documentação de `read\_r`](#).

## Leitura de arquivos no formato csv

```
dados_mtcarrros <- read_csv2("dados/brutos/mtcarrros.csv")
dados_mtcarrros <- clean_names(dados_mtcarrros)
glimpse(dados_mtcarrros)
```

Rows: 32

Columns: 11

```
$ milhas_por_galao <dbl> 21.0, 21.0, 22.8, 21.4, 18.7, 18.1, 14.3, 24.4, 22.8, ~
$ cilindros        <dbl> 6, 6, 4, 6, 8, 6, 8, 4, 4, 6, 6, 8, 8, 8, 8, 8, 4, ~
$ cilindrada       <dbl> 160.0, 160.0, 108.0, 258.0, 360.0, 225.0, 360.0, 146.~
$ cavalos_forca    <dbl> 110, 110, 93, 110, 175, 105, 245, 62, 95, 123, 123, 1~
$ eixo             <dbl> 3.90, 3.90, 3.85, 3.08, 3.15, 2.76, 3.21, 3.69, 3.92, ~
$ peso            <dbl> 2.620, 2.875, 2.320, 3.215, 3.440, 3.460, 3.570, 3.19~
$ velocidade       <dbl> 16.46, 17.02, 18.61, 19.44, 17.02, 20.22, 15.84, 20.0~
$ forma           <dbl> 0, 0, 1, 1, 0, 1, 0, 1, 1, 1, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 1, ~
$ transmissao      <dbl> 1, 1, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 1, ~
$ marchas          <dbl> 4, 4, 4, 3, 3, 3, 3, 4, 4, 4, 4, 3, 3, 3, 3, 3, 3, 4, ~
$ carburadores      <dbl> 4, 4, 1, 1, 2, 1, 4, 2, 2, 4, 4, 3, 3, 3, 4, 4, 4, 1, ~
```

# Lendo dados no R

## Exercício

Leia o *dataset* `dados_leitura.csv` usando o pacote `readr`.

## Leitura de arquivos no formato ods

- **Pacote:** readODS (instale com o comando `install.packages('readODS')`).
- Parâmetros das funções `read_ods`:
- `path`: caminho até o arquivo.
  - `sheet`: especifica a planilha do arquivo que será lida.
  - `range`: especifica uma área de uma planilha para leitura. Por exemplo: B3:E15.
  - `col_names`: Argumento lógico com valor padrão igual a TRUE. Indica se a primeira linha tem o nome das variáveis.

Para mais detalhes, consulte a documentação do *readODS*: [documentação de readODS](#).

## Leitura de arquivos no formato ods

```
p_load(readODS)
dados_dentes <- read_ods("dados/brutos/crescimento_dentes.ods")
dados_dentes <- clean_names(dados_dentes)

glimpse(dados_dentes)
```

Rows: 60

Columns: 3

```
$ comprimento <dbl> 4.2, 11.5, 7.3, 5.8, 6.4, 10.0, 11.2, 11.2,
$ suplemento   <chr> "Vitamina C", "Vitamina C", "Vitamina C", "V
$ dose         <dbl> 0.5, 0.5, 0.5, 0.5, 0.5, 0.5, 0.5, 0.5, 0.5,
```

# Lendo dados no R

## Exercício

Leia o *dataset* `dados_leitura.ods` usando o pacote `readODS`.



## Salvar no formato .csv (sistema métrico)

`write_csv2` é parte do pacote `readr`.

```
write_csv2(dados_dentes, file = "dados/processados/nome.csv")
```

---

## Salvar no formato .xlsx

`write_xlsx` é parte do pacote `writexl`.

```
write_xlsx(dados_dentes, path = "dados/processados/nome.xlsx")
```

---

## Salvar no formato ods

`write_ods` é parte do pacote `readODS`.

```
write_ods(dados_toothgrowth, path = "dados/processados/nome.ods")
```

# Salvando dados no R

## Exercício

- 1 Salve o objeto `milhas` do pacote `dados` como `milhas.ods` na pasta `output` do seu projeto.
- 2 Salve o objeto `diamante` do pacote `dados` como `diamante.csv` na pasta `output` do seu projeto.
- 3 Salve o objeto `velho_fiel` do pacote `dados` como `velho_fiel.xlsx` na pasta `output` do seu projeto.

O operador pipe  
|>

O valor resultante da expressão do lado esquerdo vira primeiro argumento da função do lado direito.

**Principal vantagem:** simplifica a leitura e a documentação de funções compostas.

---

Executar

```
f(x, y)
```

é exatamente a mesma coisa que executar

```
x |> f(y)
```

```
log(sqrt(sum(x2)))
```

é exatamente a mesma coisa que executar

```
x2 |> sum() |> sqrt() |> log()
```

Exemplo adaptado de 6.1 O operador pipe.

---

Para cozinhar o bolo precisamos usar as seguintes funções:

- `acrescente(lugar, algo)`
- `misture(algo)`
- `asse(algo)`

- Passo 1:

```
acrescente(  
  "tigela vazia",  
  "farinha"  
)
```

- Passo2:

```
acrescente(  
  acrescete(  
    "tigela vazia",  
    "farinha"  
  ),  
  "ovos"  
)
```

- Passo3:

```
acrescente(  
  acrescete(  
    acrescete(  
      "tigela vazia",  
      "farinha"  
    ),  
    "ovos"  
  ),  
  "leite"  
)
```



- Passo4:

```
acrescente(  
  acrescete(  
    acrescete(  
      acrescete(  
        "tigela vazia",  
        "farinha"  
      ),  
      "ovos"  
    ),  
    "leite"  
  ),  
  "fermento"  
)
```

- Passo 5:

```
misture(  
  acrescente(  
    acrescente(  
      acrescente(  
        acrescente(  
          "tigela vazia",  
          "farinha"  
        ),  
        "ovos"  
      ),  
      "leite"  
    ),  
    "fermento"  
  )  
)
```

- Passo 6:

```
asse(  
  misture(  
    acrescente(  
      acrescente(  
        acrescente(  
          acrescente(  
            "tigela vazia",  
            "farinha"  
          ),  
          "ovos"  
        ),  
        "leite"  
      ),  
      "fermento"  
    )  
  )  
)
```

Usando o operador |>.

```
acrescente("tigela vazia", "farinha") |>  
  acrescente("ovos") |>  
  acrescente("leite") |>  
  acrescente("fermento") |>  
  misture() |>  
  asse()
```

## Estatística descritiva

# Estatística Descritiva no R

## Conceitos básicos

- **População:** todos os elementos ou indivíduos alvo do estudo.
- **Amostra:** parte da população.
- **Parâmetro:** característica numérica da população. Usamos letras gregas para denotar parâmetros populacionais.
- **Estatística:** função ou *cálculo* da amostra
- **Estimativa:** característica numérica da amostra, obtida da estatística computada na amostra. Em geral, usamos uma estimativa para estimar o parâmetro populacional.
- **Variável:** *característica mensurável comum a todos os elementos da população.*
  - Usamos letras maiúsculas do alfabeto latino para representar uma variável.
  - Usamos letras minúsculas do alfabeto latino para representar o valor observado da variável em um elemento da amostra.

### Exemplo

- **População:** todos os eleitores nas eleições gerais de 2022.
- **Amostra:** 3.500 pessoas abordadas pelo datafolha.
- **Variável:** candidato a presidente de cada pessoa.
- **Parâmetro:** porcentagem de pessoas que escolhem Lula como presidente entre todos os eleitores.
- **Estatística:** porcentagem de pessoas que escolhem o lula
- **Estimativa:** porcentagem de pessoas que escolhem Lula como presidente entre todos os eleitores da amostra de 3.500 pessoas entrevistadas pelo datafolha.

# Classificação de variáveis

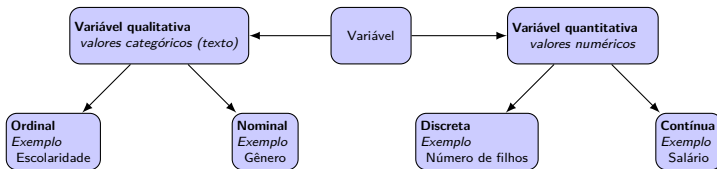


Figura 1: Classificação de variáveis.



Tabela

## Tabela de frequência

### Variável qualitativa

A primeira coisa que fazemos é contar!

$X$	frequência	frequência relativa	porcentagem
$B_1$	$n_1$	$f_1$	$100 \cdot f_1 \%$
$B_2$	$n_2$	$f_2$	$100 \cdot f_2 \%$
$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$
$B_k$	$n_k$	$f_k$	$100 \cdot f_k \%$
Total	$n$	1	100%

Em que  $n$  é o tamanho da amostra.

# Tabela de distribuição de frequências

## Variável qualitativa

- **Pacote:** `janitor`.
- `tabyl`: cria a tabela de distribuição de frequências e tem os seguintes parâmetros:
  - `dat`: *data frame* ou vetor com os valores da variável que desejamos tabular.
  - `var1`: nome da primeira variável.
  - `var2`: nome da segunda variável (opcional).
- `adorn_totals`: adiciona uma linha com os totais de cada coluna
- `adorn_pct_formatting`: acrescenta o sinal de porcentagem e tem o seguinte parâmetro:
  - `digits`: o número de casas decimais depois da vírgula
- `rename` (do pacote `dplyr`) muda os nomes das colunas para português no seguinte formato:
  - `"novo nome" = "velho nome"`

Para mais detalhes, consulte a documentação oficial do *janitor*.  
[documentação de `tabyl`](#).

# Tabela de distribuição de frequências

## Variável qualitativa

```
dados_iris <- read_xlsx("dados/brutos/iris.xlsx")
tab <- tabyl(dados_iris, especies) |>
  adorn_totals() |>
  adorn_pct_formatting(digits = 2) |>
  rename(
    "Espécies" = especies, "Frequência" = n,
    "Porcentagem" = percent
  )
tab
```

Espécies	Frequência	Porcentagem
setosa	50	33.33%
versicolor	50	33.33%
virginica	50	33.33%
Total	150	100.00%

# Tabela de distribuição de frequências

## Variável qualitativa

### Exercício

Para o conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, construa a tabela de distribuição de frequências para as seguintes variáveis:

- `tp_sexo`: gênero que a pessoa se identifica (segundo classificação usada pelo IBGE)
- `tp_cor_raca`: raça (segundo classificação usada pelo IBGE)

# Tabela de distribuição de frequências

## Variável quantitativa discreta

Muito semelhante a tabela de distribuição de frequência para variáveis qualitativas.

$X$	frequência	frequência relativa	porcentagem
$x_1$	$n_1$	$f_1$	$100 \cdot f_1 \%$
$x_2$	$n_2$	$f_2$	$100 \cdot f_2 \%$
$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$
$x_k$	$n_k$	$f_k$	$100 \cdot f_k \%$
Total	$n$	1	100%

Em que  $n$  é o tamanho da amostra e  $\{x_1, \dots, x_k\}$  são os números que são valores únicos de  $X$  na amostra.

# Tabela de distribuição de frequências

## Variável quantitativa discreta

```
dados_mtcarrros <- read_csv2("dados/brutos/mtcarrros.csv")
tab <- tabyl(dados_mtcarrros, carburadores) |>
  adorn_totals() |>
  adorn_pct_formatting(digits = 2) |>
  rename(
    "Carburadores" = carburadores, "Frequência" = n,
    "Porcentagem" = percent
  )
tab
```

Carburadores	Frequência	Porcentagem
1	7	21.88%
2	10	31.25%
3	3	9.38%
4	10	31.25%
6	1	3.12%
8	1	3.12%
Total	32	100.00%

# Tabela de distribuição de frequências

## Variável quantitativa discreta

### Exercício

Para o conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, construa a tabela de distribuição de frequências para a variável `q005`: número de pessoas que moram na casa da(o) candidata(o).



# Tabela de frequência

## Variável quantitativa contínua

X: variável quantitativa contínua

Tabela 7: Tabela de frequências para a variável quantitativa contínua.

X	Frequência	Frequência relativa	Porcentagem
$[l_0, l_1)$	$n_1$	$f_1 = \frac{n_1}{n_1 + \dots + n_k}$	$p_1 = f_1 \cdot 100$
$[l_1, l_2)$	$n_2$	$f_2 = \frac{n_2}{n_1 + \dots + n_k}$	$p_2 = f_2 \cdot 100$
$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$
$[l_{k-1}, l_k]$	$n_k$	$f_k = \frac{n_k}{n_1 + \dots + n_k}$	$p_k = f_k \cdot 100$

- menor valor de  $X = l_0 \leq l_1 \leq \dots \leq l_{k-1} \leq l_k =$  maior valor de  $X$
- $n_i$  é número de valores de  $X$  entre  $l_{i-1}$  e  $l_i$
- $l_0, l_1, \dots, l_k$  quebram o suporte da variável  $X$  (*breakpoints*).
- $l_0, l_1, \dots, l_k$  são escolhidos de acordo com a teoria por trás da análise de dados

## Recomendações:

- use  $l_0, l_1, \dots, l_k$  igualmente espaçados
- e use a **regra de Sturges** para determinar o valor de  $k$ :
  - $k = 1 + \log_2(n)$  onde  $n$  é tamanho da amostra
  - Se  $1 + \log_2(n)$  não é um número inteiro, usamos  $k = \lceil 1 + \log_2(n) \rceil$ .

# Tabela de frequência

## Variável quantitativa contínua

Primeiro agrupamos os valores em faixas usando a regra de Sturges.

---

Usamos a função `cut`, com os seguintes argumentos:

- `breaks` - número de intervalos ou os limites dos intervalos;
  - `include.lowest` - se `TRUE` inclui o valor à esquerda no intervalo;
  - `right` - se `TRUE` inclui o valor à direita no intervalo.
- 

Usamos a função `mutate` para adicionar uma nova coluna em um `tibble`, com os seguintes argumentos:

- `.data` - `tibble` para adicionar uma nova coluna;
- `<nome da variavel> = <vetor>` - adicione uma ou mais colunas separadas por vírgula.

```

k <- ceiling(1 + log(nrow(dados_iris)))
dados_iris2 <- mutate(
  dados_iris,
  comprimento_sepala_int = cut(
    comprimento_sepala,
    breaks = k,
    include.lowest = TRUE,
    right = FALSE
  )
)
glimpse(dados_iris2)

```

Rows: 150

Columns: 6

```

$ comprimento_sepala    <dbl> 5.1, 4.9, 4.7, 4.6, 5.0, 5.4, 4.6, 5.0,
$ largura_sepala        <dbl> 3.5, 3.0, 3.2, 3.1, 3.6, 3.9, 3.4, 3.4,
$ comprimento_petala    <dbl> 1.4, 1.4, 1.3, 1.5, 1.4, 1.7, 1.4, 1.5,
$ largura_petala        <dbl> 0.2, 0.2, 0.2, 0.2, 0.2, 0.4, 0.3, 0.2,
$ especie               <chr> "setosa", "setosa", "setosa", "setosa",
$ comprimento_sepala_int <fct> "[4.81,5.33)", "[4.81,5.33)", "[4.3,4.81

```

# Tabela de frequência

## Variável quantitativa contínua

Agora podemos contar a frequência de cada intervalo.

```
tabyl(dados_iris2, comprimento_sepala_int) |>
  adorn_totals() |>
  adorn_pct_formatting(digits = 2) |>
  rename(
    "Comprimento de sépala" = comprimento_sepala_int,
    "Frequência absoluta" = n,
    "Porcentagem" = percent
  )
```

Comprimento de sépala	Frequência absoluta	Porcentagem
[4.3,4.81)	16	10.67%
[4.81,5.33)	30	20.00%
[5.33,5.84)	34	22.67%
[5.84,6.36)	28	18.67%
[6.36,6.87)	25	16.67%
[6.87,7.39)	10	6.67%
[7.39,7.9]	7	4.67%
Total	150	100.00%

# Tabela de frequência

## Variável quantitativa contínua

### Exercício

Para o conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, construa as seguintes tabelas de distribuição de frequências:

- `nu_nota_mt` (nota da prova em matemática):  $l_0, l_1, \dots, l_k$  são igualmente espaçados com  $l_k - l_{k-1} = 100$
- `nu_nota_cn` (nota da prova de ciências humanas): use a regra de Sturges

## Gráficos



- **Pacote:** `ggplot2`.
- Permite gráficos personalizados com uma sintaxe simples e rápida, e iterativa *por camadas*.
- Começamos com um camada com os dados `ggplot(dados)`, e vamos adicionando as camadas de anotações, e sumários estatísticos.
- Usa a *gramática de gráficos* proposta por Leland Wilkinson: *Grammar of Graphics*.
- Ideia desta gramática: delinear os atributos estéticos das figuras geométricas (incluindo transformações nos dados e mudança no sistema de coordenadas).

Para mais detalhes, você pode consultar *ggplot2: elegant graphics for data analysis* e documentação do `ggplot2`.

## Estrutura básica de ggplot2

```
ggplot(data = <data possible tibble>) +  
  <Geom functions>(mapping = aes(<MAPPINGS>)) +  
  <outras camadas>
```

Você pode usar diversos temas e extensões que a comunidade cria e criou para melhorar a aparência e facilitar a construção de ggplot2.

Lista com extensões do ggplot2: [extensões do ggplot2](#).

---

Indicação de extensões:

- Temas adicionais para o pacote ggplot2: [ggthemes](#).
- Gráfico de matriz de correlação: [ggcorrplot](#).
- Gráfico quantil-quantil: [qqplotr](#).

## Gráfico de barras no ggplot2

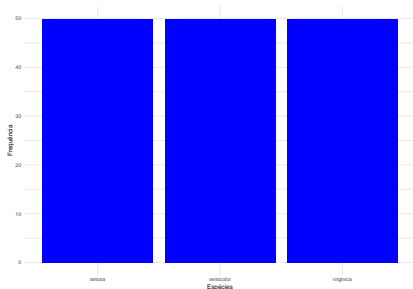
- **função:** `geom_bar()`. Para porcentagem: `geom_bar(x = <variável no eixo x>, y = after_stat(prop * 100))`.
- Argumentos adicionais:
  - `fill`: mudar a cor do preenchimento das figuras geométricas.
  - `color`: mudar a cor da figura geométrica.
- Rótulos dos eixos
  - **Mudar os rótulos:** `labs(x = <rótulo do eixo x>, y = <rótulo do eixo y>)`.
  - **Trocar o eixo-x pelo eixo-y:** `coord_flip()`.

# Gráfico de barras

## Variável qualitativa

Gráfico de barras para a variável qualitativa especies do conjunto de dados iris.xlsx.

```
ggplot(dados_iris) +  
  geom_bar(mapping = aes(especies), fill = "blue") +  
  labs(x = "Espécies", y = "Frequência") +  
  theme_minimal()
```



# Gráfico de barras

## Variável qualitativa

### Exercício

Para o conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, construa o gráfico de barras para as seguintes variáveis:

- `tp_sexo`: gênero que a pessoa se identifica (segundo classificação do IBGE);
- `tp_cor_raca`: raça autodeclarada (segundo classificação do IBGE).

# Tabela de distribuição de frequências

## Variável quantitativa discreta

De maneira similar, podemos contar quantas vezes cada valor de uma variável quantitativa discreta foi amostrado.

$X$	frequência	frequência relativa	porcentagem
$x_1$	$n_1$	$f_1$	$100 \cdot f_1 \%$
$x_2$	$n_2$	$f_2$	$100 \cdot f_2 \%$
$x_3$	$n_3$	$f_3$	$100 \cdot f_3 \%$
$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$
$x_k$	$n_k$	$f_k$	$100 \cdot f_k \%$
Total	$n$	1	100%

Em que  $n$  é o tamanho da amostra.

# Tabela de distribuição de frequências

## Variável quantitativa discreta

Vamos construir a tabela de distribuição de frequências para a variável quantitativa discreta carburadores do conjunto de dados mtcarrros.

```
tab <- tabyl(dados_mtcarrros, carburadores) |>
  adorn_totals() |>
  adorn_pct_formatting(digits = 2) |>
  rename(
    "Número de carburadores" = carburadores,
    "Frequência (absoluta)" = n,
    "Porcentagem" = percent
  )
tab
```

Número de carburadores	Frequência (absoluta)	Porcentagem
1	7	21.88%
2	10	31.25%
3	3	9.38%
4	10	31.25%
6	1	3.12%
8	1	3.12%
Total	32	100.00%



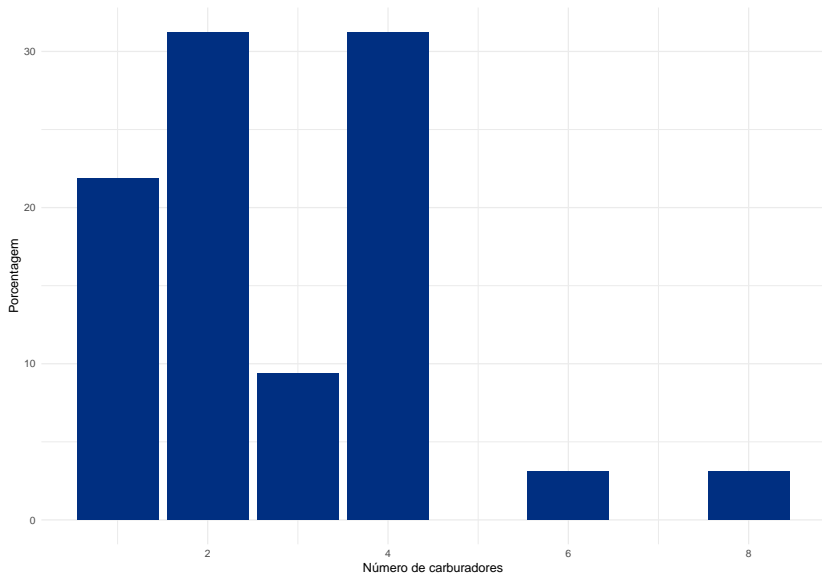
# Gráfico de barras

## Variável quantitativa discreta

Gráfico de barras para a variável quantitativa discreta carburadores do conjunto de dados `mtcarros.csv`.

- `after_stat(prop)` retorna a *frequência relativa* ou *proporção* de um valor (ou categoria) de uma variável.
- `after_stat(count)` retorna a *frequência absoluta* de um valor (ou categoria) de uma variável.

```
ggplot(dados_mtcarrros) +  
  geom_bar(  
    mapping = aes(carburadores, after_stat(100 * prop)),  
    fill = "#002f81"  
  ) +  
  labs(x = "Número de carburadores", y = "Porcentagem") +  
  theme_minimal()
```



# Gráfico de barras

## Variável quantitativa discreta

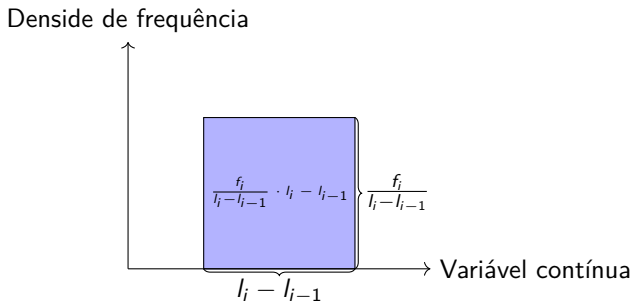
### Exercício

- Para a variável q005 do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, construa o gráfico de barras onde o eixo y é a frequência absoluta.
- Para a variável q005 do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, construa o gráfico de barras onde o eixo y é a frequência relativa.
- Para a variável q005 do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, construa o gráfico de barras onde o eixo y é a porcentagem.

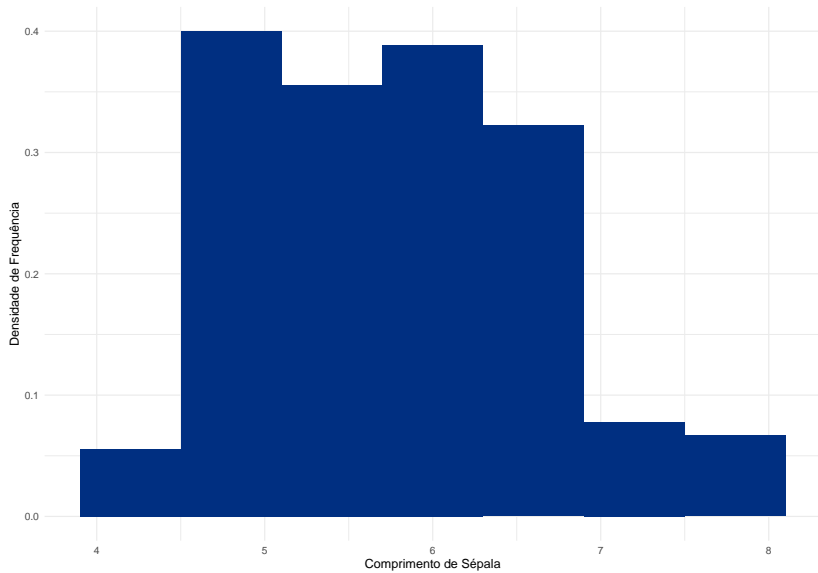
Para variáveis quantitativas contínuas, geralmente não construímos gráficos de barras, e sim uma figura geométrica chamada de *histograma*.

- O histograma é um gráfico de barras contíguas em que a área de cada barra é igual à frequência relativa.
- Cada faixa de valor  $[l_{i-1}, l_i)$ ,  $i = 1, \dots, n$ , será representada por um barra com área  $f_i$ ,  $i = 1, \dots, n$ .
- Como cada barra terá área igual a  $f_i$  e base  $l_i - l_{i-1}$ , e a altura de cada barra será  $\frac{f_i}{l_i - l_{i-1}}$ .
- $\frac{f_i}{l_i - l_{i-1}}$  é denominada de densidade de frequência.
- Podemos usar os seguintes parâmetros (**obrigatório o uso de apenas um deles**):
  - bins: número de intervalos no histograma (usando, por exemplo, a regra de Sturges)
  - binwidth: tamanho (ou largura) dos intervalos
  - breaks: os limites de cada intervalo

Figura 2: Representação de uma única barra de um histograma.



```
ggplot(dados_iris) +  
  geom_histogram(  
    aes(x = comprimento_sepala, y = after_stat(density)),  
    bins = k,  
    fill = "#002f81"  
  ) +  
  theme_minimal() +  
  labs(  
    x = "Comprimento de Sépala",  
    y = "Densidade de Frequência"  
  )
```



- Para a variável `nu_nota_mt` do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, construa o histograma onde os intervalos tem o mesmo tamanho igual a 100.
- Para a variável `nu_nota_cn` do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, construa o histograma usando a regra de Sturge.

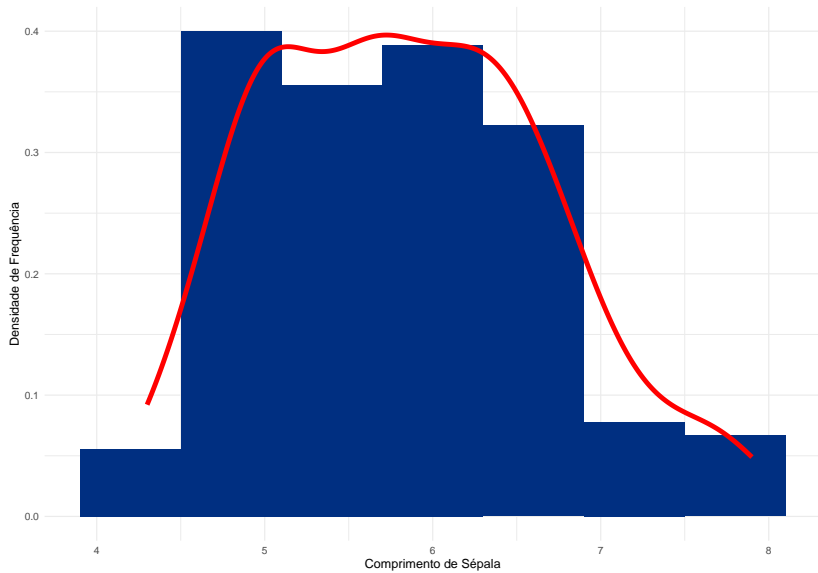


# Histograma

## Linha de densidade

- Podemos adicionar uma linha que acompanha o formato do histograma.
- Chamamos esta linha de densidade.
- Podemos fazer isso com a função `geom_density` do pacote `ggplot2`.

```
ggplot(dados_iris, aes(x = comprimento_sepala,  
                       y = after_stat(density))) +  
  geom_histogram(  
    bins = k,  
    fill = "#002f81"  
  ) +  
  geom_density(size = 2, color = "red") +  
  theme_minimal() +  
  labs(  
    x = "Comprimento de Sépala",  
    y = "Densidade de Frequência"  
  )
```



- Para a variável `nu_nota_mt` do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, construa o histograma onde os intervalos tem o mesmo tamanho igual a 100. Adicione a curva de densidade ao histograma.
- Para a variável `nu_nota_cn` do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, construa o histograma usando a regra de Sturge. Adicione a curva de densidade ao histograma.

## Medidas de resumen

A ideia é encontrar um ou alguns valores que sintetizem todos os valores.

---

### Medidas de posição (tendência central)

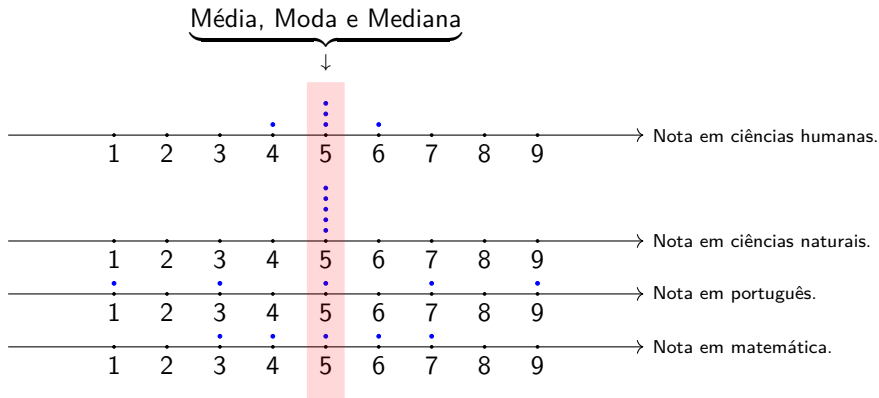
A ideia é encontrar um valor que representa *bem* todos os valores.

- **Média:**  $\bar{x} = \frac{x_1 + \dots + x_n}{n}$ .
- **Mediana:** valor que divide a sequência ordenada de valores em duas partes iguais.
  - Ordene os valores do menor ao maior;
  - Valor que divide os valores entre os 50% menores e os 50% maiores:
    - 50% dos valores  $x_i$  satisfazem:  $x_i \leq \text{Mediana}$ ;
    - 50% dos valores  $x_i$  satisfazem:  $x_i \geq \text{Mediana}$ .

# Medidas resumo

## Variável quantitativa

Figura 3: Representação gráfica para nota em matemática, português, ciências naturais e ciências humanas.



A variáveis *nota em matemática*, *nota em português*, *nota em ciências naturais*, e *nota em ciências humanas* têm a mesma média, moda e mediana, mas as variáveis não são guais.

Precisamos analisar como os valores são distribuídos.

---

## Medidas de dispersão

A ideia é medir a homogeneidade dos valores.

- **Variância:**  $s^2 = \frac{(x_1 - \bar{x})^2 + \dots + (x_n - \bar{x})^2}{n - 1}$ .
- **Desvio padrão:**  $s = \sqrt{s^2}$  (mesma unidade dos dados).
- **Coeficiente de variação**  $cv = \frac{s}{\bar{x}} \cdot 100\%$  (adimensional, ou seja, “sem unidade”).

Podemos usar a função `summarise` do pacote `dplyr` (incluso no pacote `tidyverse`).

```
dados_iris |>
  summarise(
    media = mean(comprimento_sepala),
    mediana = median(comprimento_sepala),
    dp = sd(comprimento_sepala),
    cv = dp / media
  )
```

```
# A tibble: 1 x 4
  media mediana    dp    cv
  <dbl>   <dbl> <dbl> <dbl>
1  5.84     5.8 0.828 0.142
```



## Medidas resumo: exemplo

Podemos usar a função `group_by` para calcular medidas resumo por categorias de uma variável qualitativa.

```
tabela <- dados_iris |>
  group_by(especies) |>
  summarise(
    media = mean(comprimento_sepala),
    mediana = median(comprimento_sepala),
    dp = sd(comprimento_sepala),
    cv = dp / media
  )
tabela
```

# A tibble: 3 x 5

	especies	media	mediana	dp	cv
	<chr>	<dbl>	<dbl>	<dbl>	<dbl>
1	setosa	5.01	5	0.352	0.0704
2	versicolor	5.94	5.9	0.516	0.0870
3	virginica	6.59	6.5	0.636	0.0965

# Medidas de resumo

## Exercício

- Calcule média, mediana, o desvio padrão e coeficiente de variação para a variável `nu_nota_mt` do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx` por gênero (`tp_sexo`).
- Calcule média, mediana, o desvio padrão e coeficiente de variação para a variável `nu_nota_cn` do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx` por gênero (`tp_sexo`).
- Calcule média, mediana, o desvio padrão e coeficiente de variação para a variável `nu_nota_mt` do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx` por raça (`tp_cor_raca`).
- Calcule média, mediana, o desvio padrão e coeficiente de variação para a variável `nu_nota_cn` do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx` por raça (`tp_cor_raca`).

## Ideia

$q(p)$  é um valor que satisfaz;

- $100 \cdot p\%$  das observações  $x_i$  satisfazem  $x_i \leq q(p)$
  - $100 \cdot (1 - p)\%$  das observações satisfazem  $x_i \geq q(1 - p)$
- 

## Alguns quantis especiais

- *Primeiro quartil*:  $q_1 = q(0, 25)$
- *Primeiro quartil*:  $q_2 = q(0, 5)$
- *Primeiro quartil*:  $q_3 = q(0, 75)$

- Existem diversas formas para calcular os quantis.
- Várias formas de calcular os quantis.
- Vamos ver apenas 9 formas neste curso usadas na linguagem R e propostas por Hyndman e Fan (1996).

Considere uma amostra  $x_1, \dots, x_n$ . O  $i$ -ésimo menor valor da amostra é chamado de estatística de ordem  $i$  e é denotado por  $x_{(i)}$ . Mais precisamente:

$$\#\{x \in \{1, \dots, n\} \mid x \leq x_{(i)}\} = i.$$

As aproximações dos quantis satisfazem a seguinte equação:

$$\hat{Q}(p) = (1 - \gamma)x_{(j)} + \gamma x_{(j+1)},$$

onde

- $j = \lfloor p \cdot n + m \rfloor$  onde  $m \in \mathbb{R}$ ;
- $g = p \cdot n + m - j$ ;
- $0 \leq \gamma \leq 1$  é uma função de  $g$  e  $j$ .

Vamos usar a variável dos dados apresentados na Tabela 2.1 (página 28 de Morettin e Bussab 2010):

```
dados_MB <- read_xlsx("dados/brutos/companhia_MB.xlsx")  
p <- c(1/8, 1/4, 1/2, 3/4, 7/8)  
salario <- dados_MB$salario
```

## Método 1 - type = 1

- $m = 0$ ;
- $j = \lfloor p \cdot n \rfloor$ ;
- $g = p \cdot n - \lfloor p \cdot n \rfloor$ ;
- $\gamma = \begin{cases} 1, & g > 0 \\ 0, & g = 0 \end{cases}$ .

```
(quantil_tipo_1 <- quantile(salario, probs = p, type = 1))
```

12.5%	25%	50%	75%	87.5%
6.26	7.44	9.80	13.85	16.61

## Método 2 - type = 2

Método implementado pelo SAS.

- $m = 0$ ;
- $j = \lfloor p \cdot n \rfloor$ ;
- $g = p \cdot n - \lfloor p \cdot n \rfloor$ .
- $\gamma = \begin{cases} 1, & g > 0 \\ \frac{1}{2}, & g = 0 \end{cases}$ .

```
(quantil_tipo_2 <- quantile(salario, probs = p, type = 2))
```

12.5%	25%	50%	75%	87.5%
6.260	7.515	10.165	14.270	16.610

## Método 3 - type = 3

- $m = -\frac{1}{2}$ ;
- $j = \lfloor p \cdot n + m \rfloor$ ;
- $g = p \cdot n + m - \lfloor p \cdot n + m \rfloor$ ;
- $\gamma = \begin{cases} 1, & g > 0 \\ 0, & g = 0 \text{ e } j \text{ é par} \\ 1, & g = 0 \text{ e } j \text{ é ímpar} \end{cases}$ .

```
(quantil_tipo_3 <- quantile(salario, probs = p, type = 3))
```

12.5%	25%	50%	75%	87.5%
5.73	7.44	9.80	13.85	16.61

## Método 4 - type = 4

- $m = 0$ ;
- $j = \lfloor p \cdot n \rfloor$ ;
- $g = p \cdot n - \lfloor p \cdot n \rfloor$ .
- $\gamma = \begin{cases} f_i, & g > 0 \\ 0, & g = 0 \end{cases}$ , em que  $f_i = \frac{p - \frac{1}{n}}{\frac{1}{n}}$ .

```
(quantil_tipo_4 <- quantile(salario, probs = p, type = 4))
```

12.5%	25%	50%	75%	87.5%
5.995	7.440	9.800	13.850	16.415

## Método 5 - type = 5

Método apresentado por Morettin e Bussab (2010).

- $m = -\frac{1}{2}$ ;
- $j = \lfloor p \cdot n + m \rfloor$ ;
- $g = p \cdot n + m - \lfloor p \cdot n + m \rfloor$ ;
- $\gamma = \frac{p - p_i}{p_{i+1} - p_i} \cdot I(p_i, p_{i+1})$ , em que  $p_i = \frac{i-0,5}{n}$ .

```
(quantil_tipo_5 <- quantile(salario, probs = p, type = 5))
```

12.5%	25%	50%	75%	87.5%
6.260	7.515	10.165	14.270	16.610

## Método 6 - type = 6

Método usado por SPSS e Minitab.

- $m = p$ ;
- $j = \lfloor p \cdot n + m \rfloor$ ;
- $g = p \cdot n + m - \lfloor p \cdot n + m \rfloor$ .
- $\gamma = g$ .

```
(quantil_tipo_6 <- quantile(salario, probs = p, type = 6))
```

12.5%	25%	50%	75%	87.5%
6.06125	7.47750	10.16500	14.48000	16.85375



## Método 7 - type = 7

Método usado pela linguagem R e S.

- $m = 1 - p;$
- $j = \lfloor p \cdot n + m \rfloor;$
- $g = p \cdot n + m - \lfloor p \cdot n + m \rfloor;$
- $\gamma = g.$

```
(quantil_tipo_7 <- quantile(salario, probs = p, type = 7))
```

12.5%	25%	50%	75%	87.5%
6.41000	7.55250	10.16500	14.06000	16.46375

## Método 8 - type = 8

- $m = \frac{p+1}{3};$
- $j = \lfloor p \cdot n + m \rfloor;$
- $g = p \cdot n + m - \lfloor p \cdot n + m \rfloor.$
- $\gamma = g.$

```
(quantil_tipo_8 <- quantile(salario, probs = p, type = 8))
```

12.5%	25%	50%	75%	87.5%
6.19375	7.50250	10.16500	14.34000	16.69125

## Método 9 - type = 9

Adequado com normalidade.

- $m = \frac{p \cdot n + 3}{8}$ ;
- $j = \lfloor p \cdot n + m \rfloor$ ;
- $g = p \cdot n + m - \lfloor p \cdot n + m \rfloor$ ;
- $\gamma = g$ .

```
(quantil_tipo_9 <- quantile(salario, probs = p, type = 9))
```

12.5%	25%	50%	75%	87.5%
6.210312	7.505625	10.165000	14.322500	16.670938

Tabela 9: Comparação de alguns quantis calculados usando diferentes métodos de aproximação para a variável salário.

tipos	12,5 %	25,0 %	50,0 %	75,0 %	87,5 %
tipos 1	6,260000	7,440000	9,800	13,8500	16,61000
tipos 2	6,260000	7,515000	10,165	14,2700	16,61000
tipos 3	5,730000	7,440000	9,800	13,8500	16,61000
tipos 4	5,995000	7,440000	9,800	13,8500	16,41500
tipos 5	6,260000	7,515000	10,165	14,2700	16,61000
tipos 6	6,061250	7,477500	10,165	14,4800	16,85375
tipos 7	6,410000	7,552500	10,165	14,0600	16,46375
tipos 8	6,193750	7,502500	10,165	14,3400	16,69125
tipos 9	6,210312	7,505625	10,165	14,3225	16,67094

Vamos considerar o caso normal para uma amostra de tamanho 1000.

```
set.seed(12345)
amostra <- rnorm(1000, mean = 500, sd = 100)
```

Tabela 10: Comparação de alguns quantis calculados usando diferentes métodos de aproximação para a distribuição normal com média 500 e desvio padrão 100.

tipos	12,5 %	25,0 %	50,0 %	75,0 %	87,5 %
Quantil populacional	384,9651	432,5510	500,0000	567,4490	615,0349
tipos 1	386,8585	440,0202	504,1709	568,7699	612,6283
tipos 2	386,8741	440,2752	504,6217	568,9435	612,7397
tipos 3	386,8585	440,0202	504,1709	568,7699	612,6283
tipos 4	386,8585	440,0202	504,1709	568,7699	612,6283
tipos 5	386,8741	440,2752	504,6217	568,9435	612,7397
tipos 6	386,8624	440,1477	504,6217	569,0303	612,8232
tipos 7	386,8859	440,4027	504,6217	568,8567	612,6561
tipos 8	386,8702	440,2327	504,6217	568,9725	612,7675
tipos 9	386,8712	440,2433	504,6217	568,9652	612,7606

```
dados_iris |>
  group_by(especies) |>
  summarise(
    q1 = quantile(comprimento_sepala, 0.25),
    q2 = quantile(comprimento_sepala, 0.5),
    q3 = quantile(comprimento_sepala, 0.75),
    frequencia = n()
  )
```

# A tibble: 3 x 5

	especies	q1	q2	q3	frequencia
	<chr>	<dbl>	<dbl>	<dbl>	<int>
1	setosa	4.8	5	5.2	50
2	versicolor	5.6	5.9	6.3	50
3	virginica	6.22	6.5	6.9	50

n() calcula a frequência de cada valor de uma variável qualitativa.

- Calcule o primeiro quartil, segundo quartil e o terceiro quartil para a variável `nu_nota_mt` do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx` por gênero (`tp_sexo`). Inclua uma coluna com a frequência da variável `tp_sexo`.
- Calcule o primeiro quartil, segundo quartil e o terceiro quartil para a variável `nu_nota_cn` do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx` por gênero (`tp_sexo`). Inclua uma coluna com a frequência da variável `tp_sexo`.
- Calcule o primeiro quartil, segundo quartil e o terceiro quartil para a variável `nu_nota_mt` do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx` por raça (`tp_cor_raca`). Inclua uma coluna com a frequência da variável `tp_cor_raca`.
- Calcule o primeiro quartil, segundo quartil e o terceiro quartil para a variável `nu_nota_cn` do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx` por raça (`tp_cor_raca`). Inclua uma coluna com a frequência da variável `tp_cor_raca`.

- Proposto para ser simples para calcular sumários usando Tukey et al. (1977) e Hoaglin, Mosteller, e Tukey (1983).
- Medidas de posição e dispersão simples usando apenas estatísticas de ordem.
- Medidas de resumo resistente (alteração em uma pequena parte da amostra tem poucos efeitos nas medidas de resumo).

### Definição

Lembre que

- 1 Estatística de ordem  $i$  com notação  $x_{(i)}$ :  $i$ -ésimo menor valor observado;
- 2 Posto à esquerda de  $x$ :  $\#\{i \mid x_i \leq x\}$ ;
- 3 Posto à direita de  $x$ :  $\#\{i \mid x_i \geq x\}$ ;
- 4 Profundidade de  $x$ :  
 $\min\{\text{Posto à esquerda de } x; \text{Posto à direita de } x\}$ ;
- 5 Profundidade de  $x_{(j)}$ :  $\min\{j; n + 1 - j\}$ .

- Definimos os valores de letras especificando a profundidade.
- Para variáveis quantitativas contínuas, a área a abaixo ou acima (área da cauda) dos valores de letras são aproximadamente potências de  $\frac{1}{2}$ .

Tabela 11: Definição de valores de letras.

Estatística	Profundidade	Representação por um letra	Quantidade de valores	área da cauda
Mediana	$\frac{n+1}{2}$	<i>M</i>	1	$\frac{1}{2}$
Fourths (quartas)	$\frac{\lfloor \text{profundidade da mediana} \rfloor + 1}{2}$	<i>F</i>	2	$\frac{1}{4}$
Eighths (oitavas)	$\frac{\lfloor \text{profundidade das quartas} \rfloor + 1}{2}$	<i>E</i>	2	$\frac{1}{8}$
Sixteenths (16 avos)	$\frac{\lfloor \text{profundidade das quartas} \rfloor + 1}{2}$	<i>D</i>	2	$\frac{1}{16}$
thirty-seconds (32 avos)	$\frac{\lfloor \text{profundidade das 16 avos} \rfloor + 1}{2}$	<i>D</i>	2	$\frac{1}{32}$
thirty-fourths (64 avos)	$\frac{\lfloor \text{profundidade das 32 avos} \rfloor + 1}{2}$	<i>C</i>	2	$\frac{1}{64}$
thirty-fourths (128 avos)	$\frac{\lfloor \text{profundidade das 64 avos} \rfloor + 1}{2}$	<i>B</i>	2	$\frac{1}{128}$
thirty-fourths (256 avos)	$\frac{\lfloor \text{profundidade das 128 avos} \rfloor + 1}{2}$	<i>B</i>	2	$\frac{1}{256}$
thirty-fourths (512 avos)	$\frac{\lfloor \text{profundidade das 256 avos} \rfloor + 1}{2}$	<i>B</i>	2	$\frac{1}{512}$
thirty-fourths (1024 avos)	$\frac{\lfloor \text{profundidade das 512 avos} \rfloor + 1}{2}$	<i>B</i>	2	$\frac{1}{1024}$



- A profundidade dos extremos (mínimo e máximo) é 1, e usamos o número 1 para representar esses *valores de letras*.
- Com exceção da mediana, toda profundidade do slide anterior tem dois *valores de letras*:
  - uma mais perto do mínimo valor observado
  - uma mais perto do máximo valor observado
- Para calcular os *valores de letras* precisamos que a profundidade seja maior que um.

Geralmente, usamos os *valores de letras* no seguinte diagrama chamada de *diagrama de resumo de cinco números*:

Figura 4: Diagrama de resumo de cinco números.

n (tamanho da amostra)			
Letra	Profundidade		
M	Profundidade da mediana	Mediana	
F	Profundidade das quartas	1 quartil	3 quartil
1	1	Mínimo	Máximo

Podemos adicionar outras letras no diagrama para obter, por exemplo, um diagrama de resumo de nove números:

Figura 5: Diagrama de resumo de nove números.

n (tamanho da amostra)			
Letra	Profundidade		
M	Profundidade da mediana	Mediana	
F	Profundidade das quartas	1 quartil	3 quartil
E	Profundidade das oitavas	oitava inferior	oitava superior
D	Profundidade das 16 avos	16 avo inferior	16 avo superior
1	1	Mínimo	Máximo

## Valor de letra (*letter value*)

- Por que usamos a profundidade  $\frac{n+1}{2}$  para a mediana em vez de  $\frac{n}{2}$ ?
- Por que usamos a profundidade  $\frac{\lfloor \text{profundidade anterior} \rfloor + 1}{2}$  em vez de  $\frac{\lfloor \text{profundidade anterior} \rfloor}{2}$  (exceto os extremos)?

- 
- É simples usar  $\frac{\lfloor \text{profundidade anterior} \rfloor + 1}{2}$ ;

Seja  $X_i \stackrel{\text{iid}}{\sim} F$  e considere as estatísticas de ordem  $X_{(1)}, \dots, X_{(n)}$ .

Então  $F(X_i) \sim U(0, 1)$ , e  $U_{(i)} = F(X_{(i)})$ ,  $i = 1, \dots, n$  pois  $F$  é não decrescente.

Pode-se provar que:

- 1  $U_{(i)}$  tem FDA dada por  $F_{U_{(i)}}(x) = \sum_{j=i}^n \binom{n}{j} x^j (1-x)^{n-j}$ ;
- 2  $U_{(i)}$  tem Função Densidade de Probabilidade (FDP) dada por  $f_{U_{(i)}}(x) = \frac{n!}{(i-1)!(n-i)!} x^{i-1} (1-x)^{n-i}$ ;
- 3  $E[U_{(i)}] = \frac{i}{n+1}$ ;
- 4  $E[U_{(i)} - U_{(i-1)}] = \frac{1}{n+1}$ .

Em média, temos que:

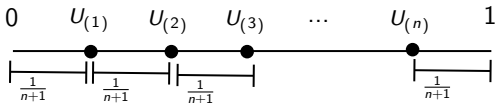


Figura 6: Representação da distância média entre  $U_{(i)}$  e  $U_{(i-1)}$  para  $i = 1, \dots, n + 1$ , onde  $U_{(0)} = 0$  e  $U_{(n+1)} = 1$ .

Para achar a metade dessa reta entre 0 e 1 dividida em  $n + 1$  intervalos, pegamos o ponto  $\frac{n+1}{2}$  dessa reta.

Esta é a razão para usarmos  $\frac{\lfloor \text{profundidade anterior} \rfloor + 1}{2}$ .

## Valor de letra (*letter value*)

- **Pacote:** lettervalue
- Parâmetros das funções letter\_value
  - x: vetor numérico.
  - level: indicação da profundidade do diagrama de resumo (valores entre 2 e 9). Valor padrão é 2.
  - na\_rm: argumento booleano. Por padrão, os valores faltantes são retirados.

```
p_load(lettervalue)
letter_value(dados_iris$comprimento_sepala, level = 3)
```

n = 150

dados\_iris\$comprimento\_sepala

-----

M	75.5				5.8		
F	38		5.1			6.4	
E	19.5		4.9			6.8	
1	1		4.3			7.9	

# Valor de letra (*letter value*)

## Exercício

Para o conjunto de dados `enem_amostra_salvador.xlsx`, construa:

- o diagrama de resumo com 5 números para a variável `nu_nota_mt`;
- o diagrama de resumo com 7 números para a variável `nu_nota_mt`;
- o diagrama de resumo com 5 números para a variável `nu_nota_lc`;
- o diagrama de resumo com 7 números para a variável `nu_nota_lc`.

# Medidas de resumo usando valores de letra

## Medidas de posição

- Mediana:

$$M$$

- Trimédia:

$$\frac{\text{primeiro quartil}}{4} + \frac{\text{mediana}}{2} + \frac{\text{terceiro quartil}}{4}$$

## Medidas de dispersão

- F-spread:  $d_F = F_U - F_L$ , onde  $F_U$  é o terceiro quartil e  $F_L$  é o primeiro quartil;
- F-pseudo sigma:  $\frac{d_F}{1,349}$ .

## Pontos exteriores

- Valores da amostra que se destacam;
- Valores muito pequenos ou muito grandes (0,7% da amostra);
- abaixo de  $1,5 \cdot d_F - F_L$  ou acima de  $1,5 \cdot d_F + F_U$ .



## Motivação para F-spread.

Considere a distribuição  $N(\mu, \sigma^2)$ :

- O quantil de ordem 25% é  $\mu - 0,6745 \cdot \sigma$ ;
- O quantil de ordem 75% é  $\mu + 0,6745 \cdot \sigma$ ;
- $d_F$  é aproximadamente  $\mu + 0,6745 \cdot \sigma - (\mu - 0,6745 \cdot \sigma) = 1,349 \cdot \sigma$ ;
- $\sigma = \frac{d_F}{1,349}$ .

# Medidas de resumo usando valores de letra

Para calcular medidas resumo, usamos a função `summary` em um objeto `lv`.

```
valores_letras <- letter_value(rivers)
summary(valores_letras)
```

```
# A tibble: 1 x 6
  trimean median f_spread f_pseudo_sigma f_pseudo_variance outliers
  <dbl>   <dbl>   <dbl>         <dbl>         <dbl> <list>
1     460     425     370           274.         75228. <dbl [11]>
```

# Medidas de resumo usando valores de letra

## Exercício

Para o conjunto de dados `enem_amostra_salvador.xlsx`, calcule:

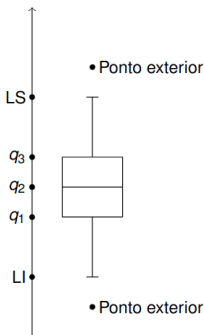
- medidas de resumo para a variável `nu_nota_mt`;
- medidas de resumo para a variável `nu_nota_lc`;
- medidas de resumo para a variável `nu_nota_cn`;
- medidas de resumo para a variável `nu_nota_ch`.

Diagrama de caixa

*boxplot*

# Diagrama de caixa (ou *boxplot*)

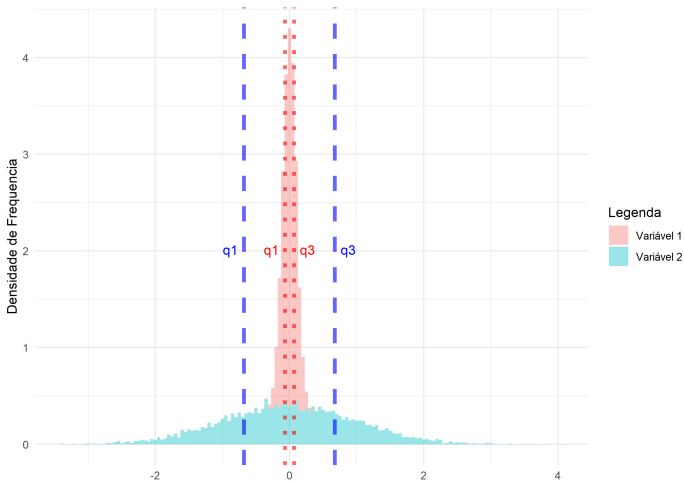
- Permite visualizar: centro (mediana); dispersão (intervalo interquartil); assimetria; e ponto exterior.
- Pontos exteriores: valores observados acima de  $LS$  ou abaixo de  $LI$ .
- Pontos exteriores precisam de nossa atenção.
- Como calcular  $LS$  e  $LI$ :
  - $LS = 1,5 \cdot (q_3 - q_1) + q_3$ ;
  - $LI = -1,5 \cdot (q_3 - q_1) + q_1$ .



# Diagrama de caixa (ou *boxplot*)

**Medida de dispersão:** distância entre  $q_3$  e  $q_1$

**Diferença de quartis:**  $dq = q_3 - q_1$



## **Assimetria à direita ou positiva:**

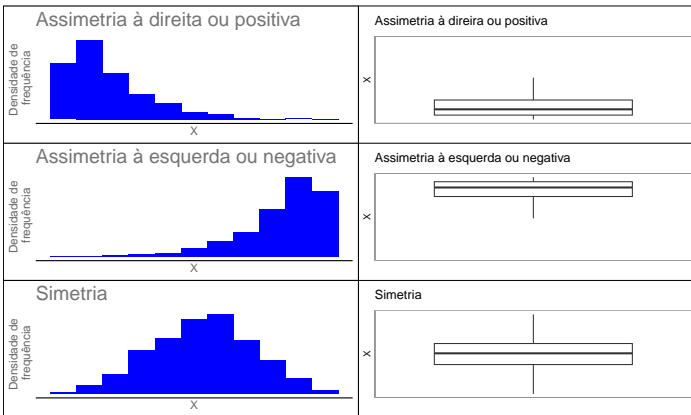
- frequências diminuem à direita no histograma
  - $q_2$  perto  $q_1$ :  $q_2 - q_1 < q_3 - q_2$
- 

**Assimetria à esquerda ou negativa:** frequências diminuem à esquerda no histograma

- frequências diminuem à direita no histograma
- $q_2$  perto  $q_3$ :  $q_2 - q_1 > q_3 - q_2$

# Diagrama de caixa (ou *boxplot*)

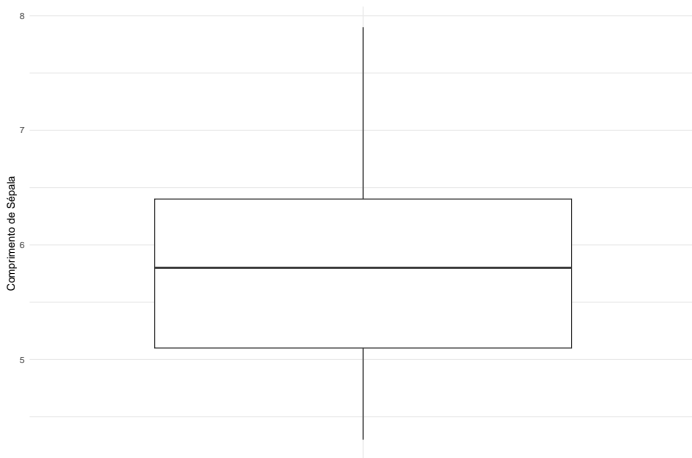
## Assimetria





# Diagrama de caixa (ou *boxplot*)

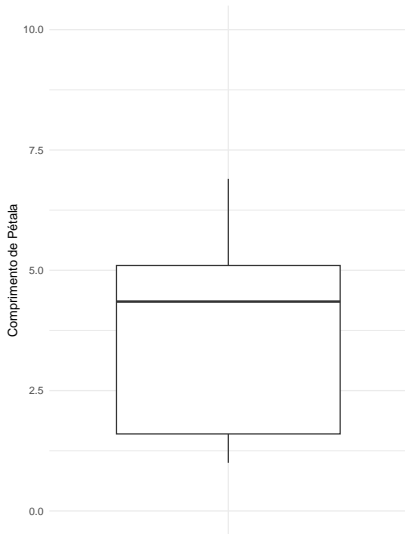
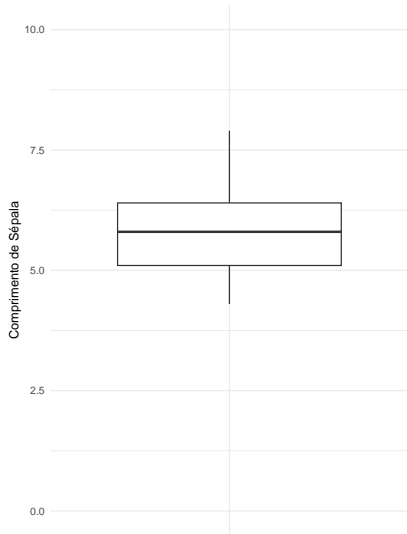
```
ggplot(dados_iris) +  
  geom_boxplot(aes(x = "", y = comprimento_sepala)) +  
  labs(x = "", y = "Comprimento de Sépala") +  
  theme_minimal()
```



# Gráficos lado a lado com patchwork

- patchwork permite que colocar gráficos lado a lado com
  - `+`: figuras ao lado
  - `\`: figuras embaixo
- Para mais detalhes, visite a [documentação do patchwork](#)

```
sepala <- ggplot(dados_iris) +  
  geom_boxplot(aes(x = "", y = comprimento_sepala)) +  
  labs(x = "", y = "Comprimento de Sépala") +  
  ylim(c(0, 10)) +  
  theme_minimal()  
petala <- ggplot(dados_iris) +  
  geom_boxplot(aes(x = "", y = comprimento_petala)) +  
  labs(x = "", y = "Comprimento de Pétala") +  
  ylim(c(0, 10)) +  
  theme_minimal()  
sepala + petala
```

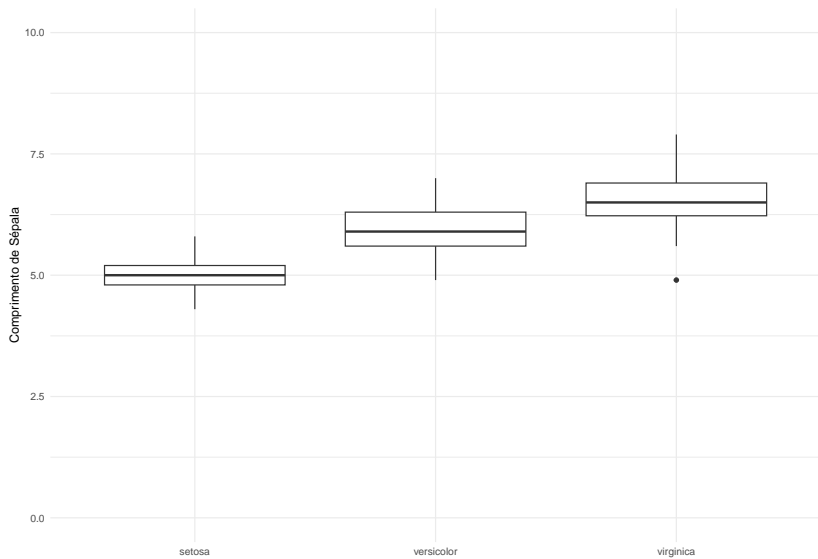


## Diagrama de caixa

### Duas ou mais populações

Se adicionarmos uma variável qualitativa em `aes(x = <variável qualitativa>)`, construímos o diagrama de caixa para cada grupo (ou população) de <variável qualitativa>.

```
ggplot(dados_iris) +  
  geom_boxplot(aes(x = especies, y = comprimento_sepala)) +  
  labs(x = "", y = "Comprimento de Sépala") +  
  ylim(c(0, 10)) +  
  theme_minimal()
```



# Diagrama de caixa

## Exercício

Para o conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`:

- construa o diagrama de caixa para as variáveis `nu_nota_mt`, `nu_nota_lc`, `nu_nota_ch` e `nu_nota_cn` e os coloque lado a lado usando o pacote `patchwork`.
- construa o diagrama de caixa para as variável `nu_nota_mt` cada valor de `tp_cor_raca`.
- construa o diagrama de caixa para as variável `nu_nota_mt` cada valor de `tpsexo`.
- construa o diagrama de caixa para as variável `nu_nota_mt` cada valor de `tp_tipo_escola`.

## Medidas de assimetria

# Medidas de assimetria usando quantis

Podemos mensurar a assimetria usando os quartis.

Note que:

- ①  $q_2 - q_1 < q_3 - q_1$  e  $q_3 - q_2 < q_3 - q_1$ ;
- ② Se os dados têm assimetria à esquerda (ou negativa):  
 $q_2 - q_1 > q_3 - q_2$ ;
- ③ Se os dados têm assimetria à direita (ou positiva):  $q_2 - q_1 < q_3 - q_2$ ;
- ④  $-1 \leq \frac{q_3 - q_2 - (q_2 - q_1)}{q_3 - q_1} \leq 1$ .



$B = \frac{q_3 - q_2 - (q_2 - q_1)}{q_3 - q_1}$  é chamado de coeficiente de Bowley.

- 1 A variável tem assimetria à esquerda (ou negativa) se, e somente se,  $B < 0$ ;
  - 2 A variável tem assimetria à direita (ou positiva) se, e somente se,  $B > 0$ ;
  - 3 A variável tem simetria se, e somente, se  $B \approx 0$ .
- 

**Não use o coeficiente de Bowley para amostras menores que 100.**

Podemos usar a seguinte **regra de ouro** como referência:

- 1 se  $-0,25 \leq B \leq 0,25$ , temos indícios que a variável tem simetria;
- 2 se  $B < -0,25$ , temos indícios que a variável tem assimetria negativa;
- 3 se  $B > 0,25$ , temos indícios que a variável tem assimetria positiva.

Tabela 12: Limite inferior e superior para o coeficiente de Bowley no contexto de normalidade pelo tamanho da amostra, usando intervalo de confiança com coeficiente de confiança 90%.

Tamanhos das amostras	Limite inferior	Limite superior
25	-0,45	0,43
30	-0,39	0,38
50	-0,30	0,30
60	-0,28	0,28
70	-0,27	0,26
80	-0,25	0,24
90	-0,23	0,23
100	-0,22	0,22
150	-0,18	0,18
250	-0,14	0,14
300	-0,13	0,13
500	-0,10	0,10
750	-0,08	0,08
1.000	-0,07	0,07

Podemos usar a função `BowleySkew` do pacote `KbMvtSkew` para calcular o coeficiente de Bowley.

Vamos usar o conjunto de dados `rivers` que tem o comprimento dos 141 maiores rios da América do Norte (EUA, Canadá e México).

```
p_load(KbMvtSkew)
BowleySkew(rivers)
```

```
[1] 0.3783784
```

## Medidas de assimetria usando momentos

Definimos os momentos amostrais por  $m_r = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^r$  para  $r \geq 1$ .

- $m_2$  é uma aproximação para a variância da população.
- $m_1$  é aproximadamente zero.

Note que:

- existe assimetria à direita ou positiva se, e somente se,  $m_3 > 0$ .
- existe assimetria à esquerda ou negativa se, e somente se,  $m_3 < 0$ .
- existe simetria se, e somente se,  $m_3 = 0$ .

Para criarmos uma medida sem unidade, usamos:

$$g_1 = \frac{m_3}{m_2^{\frac{3}{2}}}.$$

## Melhorias de $g_1$ :

Medida de assimetria usada po SAS, SPSS e Excel:

$$G_1 = \frac{\sqrt{n(n-1)}}{n-2} \frac{m_3}{m_2^{3/2}};$$

Método implementado pelo MINITAB:

$$b_1 = \left( \frac{n-1}{n} \right)^{3/2} \frac{m_3}{m_2^{3/2}}.$$

- Para amostras grandes,  $g_1$ ,  $G_1$  e  $b_1$  são próximos.
- $g_1$  é a *pior* estimativa (maior variabilidade nas estimativas), mas está nos livros introdutórios de estatística pela simplicidade;
- $b_1$  é a *melhor* estimativa no contexto de normalidade;
- $G_1$  é a *melhor* estimativa no contexto de ausência de normalidade.

Consulte Joanes e Gill (1998) para mais detalhes.

Segundo Doane e Seward (2011), podemos usar as 3 tabelas seguintes como referência para  $g_1$ ,  $G_1$  e  $b_1$ .

Tabela 13: Limite inferior e superior para  $g_1$  no contexto de normalidade pelo tamanho da amostra, usando intervalo de confiança com coeficiente de confiança 90%.

Tamanhos das amostras	Limite inferior	Limite superior
25	-0,71	0,71
30	-0,66	0,66
50	-0,53	0,53
60	-0,48	0,48
70	-0,46	0,47
80	-0,44	0,42
90	-0,41	0,40
100	-0,39	0,39
150	-0,32	0,32
250	-0,25	0,25
300	-0,23	0,23
500	-0,18	0,18
750	-0,15	0,15
1.000	-0,13	0,13

Tabela 14: Limite inferior e superior para  $G_1$  no contexto de normalidade pelo tamanho da amostra, usando intervalo de confiança com coeficiente de confiança 90%.

Tamanhos das amostras	Limite inferior	Limite superior
25	-0,76	0,75
30	-0,70	0,70
50	-0,55	0,55
60	-0,50	0,50
70	-0,47	0,48
80	-0,45	0,43
90	-0,41	0,41
100	-0,40	0,40
150	-0,32	0,32
250	-0,25	0,25
300	-0,23	0,23
500	-0,18	0,18
750	-0,15	0,15
1.000	-0,13	0,13



Tabela 15: Limite inferior e superior para  $b_1$  no contexto de normalidade pelo tamanho da amostra, usando intervalo de confiança com coeficiente de confiança 90%.

Tamanhos das amostras	Limite inferior	Limite superior
25	-0,67	0,67
30	-0,63	0,63
50	-0,52	0,52
60	-0,47	0,47
70	-0,45	0,46
80	-0,43	0,41
90	-0,40	0,39
100	-0,38	0,38
150	-0,32	0,32
250	-0,25	0,25
300	-0,23	0,23
500	-0,18	0,18
750	-0,15	0,15
1.000	-0,13	0,13

## Medidas de assimetria usando momentos

Podemos usar a função `skewness` do pacote `e1071` para estimar a assimetria usando momentos. Com o argumento `type`, podemos escolher entre  $g_1$ ,  $G_1$  e  $b_1$ :

- a. `type = 1`, `skewness` calcula  $g_1$ ;
- b. `type = 2`, `skewness` calcula  $G_2$ ;
- c. `type = 3`, `skewness` calcula  $b_1$  (valor padrão).

```
p_load(e1071)
# coeficiente de Bowley
BowleySkew(rivers)
```

```
[1] 0.3783784
```

```
# g_1
skewness(rivers, type = 1)
```

```
[1] 3.183879
```

```
# G_1
skewness(rivers, type = 2)
```

```
[1] 3.218217
```

```
# b_1
skewness(rivers, type = 3)
```

```
[1] 3.150068
```

Para o conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, cheque a assimetria de `nu_nota_mt`, `nu_nota_lc`, `nu_nota_ch` e `nu_nota_cn` usando:

- diagrama de caixa;
- histograma;
- coeficiente de Bowley;
- $g_1$ ;
- $G_1$ ;
- $b_1$ .

## Medida de curtose

Idea: mede a chance de aparecer *pontos exteriores* ao amostrador valores desta variável na população, usando a distribuição normal como padrão.

- uma variável com normalidade tem curtose igual a 0. Dizemos que a variável é mesocúrtica (de mesocurtose);
- se a variável que tem menos chance de aparecer *pontos exteriores*, então a curtose é negativa e dizemos que a variável é lepcúrtica (de leptocurtose);
- se a variável que mais chance de aparecer *pontos exteriores*, então a curtose é positiva e dizemos que a variável é platicúrtica (de platicurtose).

Medimos a curtose usando uma função do quarto momento amostral:

$$g_2 = \frac{m_4}{m_2^2} - 3.$$

Medida usada por SAS, SPSS e Excel:

$$G_2 = \frac{n-1}{(n-2)(n-3)} \left[ (n+1) \left( \frac{m_4}{m_2^2} - 3 \right) + 6 \right].$$

Medida usada por MINITAB:

$$b_2 = \left( \frac{n-1}{n} \right)^2 \frac{m_4}{m_2^2} - 3.$$

- Para amostras grandes,  $g_1$ ,  $G_1$  e  $b_1$  são próximos.
- $g_1$  é a *pior* estimativa (maior variabilidade nas estimativas), mas está nos livros introdutórios de estatística pela simplicidade;
- $b_1$  é a *melhor* estimativa no contexto de normalidade;
- $G_1$  é a *melhor* estimativa no contexto de ausência de normalidade.

Consulte Joanes e Gill (1998) para mais detalhes.



Tabela 16: Limite inferior e superior para  $g_2$  no contexto de normalidade pelo tamanho da amostra, usando intervalo de confiança com coeficiente de confiança 90%.

Tamanhos das amostras	Limite inferior	Limite superior
25	-1,09	1,17
30	-1,03	1,12
50	-0,86	0,97
60	-0,79	0,93
70	-0,76	0,90
80	-0,71	0,84
90	-0,69	0,81
100	-0,65	0,77
150	-0,56	0,64
250	-0,45	0,52
300	-0,41	0,48
500	-0,33	0,37
750	-0,27	0,30
1.000	-0,24	0,27

Tabela 17: Limite inferior e superior para  $G_2$  no contexto de normalidade pelo tamanho da amostra, usando intervalo de confiança com coeficiente de confiança 90%.

Tamanhos das amostras	Limite inferior	Limite superior
25	-1,06	1,72
30	-0,98	1,52
50	-0,81	1,23
60	-0,76	1,09
70	-0,71	1,05
80	-0,69	0,97
90	-0,65	0,94
100	-0,62	0,86
150	-0,53	0,69
250	-0,44	0,55
300	-0,40	0,51
500	-0,32	0,39
750	-0,27	0,32
1.000	-0,23	0,27

Tabela 18: Limite inferior e superior para  $b_2$  no contexto de normalidade pelo tamanho da amostra, usando intervalo de confiança com coeficiente de confiança 90%.

Tamanhos das amostras	Limite inferior	Limite superior
25	-1,23	0,82
30	-1,15	0,83
50	-0,93	0,84
60	-0,87	0,81
70	-0,81	0,78
80	-0,78	0,74
90	-0,74	0,76
100	-0,70	0,72
150	-0,58	0,61
250	-0,47	0,47
300	-0,44	0,45
500	-0,33	0,35
750	-0,28	0,29
1.000	-0,25	0,26

Podemos usar a função `kurtosis` do pacote `e1071` para estimar a curtose. Com o argumento `type`, podemos escolher entre  $g_2$ ,  $G_2$  e  $b_2$ :

- a. `type = 1`, `kurtosis` calcula  $g_2$ ;
- b. `type = 2`, `kurtosis` calcula  $G_2$ ;
- c. `type = 3`, `kurtosis` calcula  $b_2$ .

```
p_load(e1071)
```

```
# g_2
```

```
kurtosis(rivers, type = 1)
```

```
[1] 13.29813
```

```
# G_2
```

```
kurtosis(rivers, type = 2)
```

```
[1] 13.82581
```

```
# b_2
```

```
kurtosis(rivers, type = 3)
```

```
[1] 13.06777
```

Para o conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, cheque a curtose de `nu_nota_mt`, `nu_nota_lc`, `nu_nota_ch` e `nu_nota_cn`, e classifique cada uma dessas variáveis como mesocúrtica, platicúrtica e leptocúrtica usando:

- histograma;
- $g_2$ ;
- $G_2$ ;
- $b_2$ .

## Violin plot

- Adaptação do diagrama de caixa proposta por Hintze e Nelson (1998).
- **Ideia:** visualizar o formato do histograma através da curva de densidade.
- Recomenda-se usar para amostras com tamanho de amostra **igual ou maior que 30**.
- **Sugestão:** usar diagrama de caixa (com sumário estatístico) e violin plot.

#### Curva de densidade:

Considere uma amostra aleatória  $x_1 \text{ dots } x_n$  da variável  $X$ . Então, a curva de densidade é dada por:

$$d(x, h) = \frac{1}{n \cdot h} \sum_{i=1}^n \delta_i,$$

onde  $\delta_i = \begin{cases} 1, & x - \frac{h}{2} \leq x_i \leq x + \frac{h}{2} \\ 0, & \text{caso contrário} \end{cases}$ ,  $h$  é a largura banda usada para estimar no **estimador kernel**, e  $n$  é tamanho da amostra.

- $h$  deve garantir entre  $\left[x - \frac{h}{2}; x + \frac{h}{2}\right]$  entre 10% e 40% dos valores observados.
- Por padrão,  $h$  garante que  $\left[x - \frac{h}{2}; x + \frac{h}{2}\right]$  tem 15% dos valores observados.



**Diagrama de caixa não consegue capturar a forma da distribuição dos valores.**

**Exemplo de Hintze e Nelson (1998):**

- Vamos amostrar valores da distribuição com densidade dada por

$$f(x) = 0,5 \cdot f_X(20 \cdot x - 10) + 0,5 \cdot f_Y(20 \cdot x - 10),$$

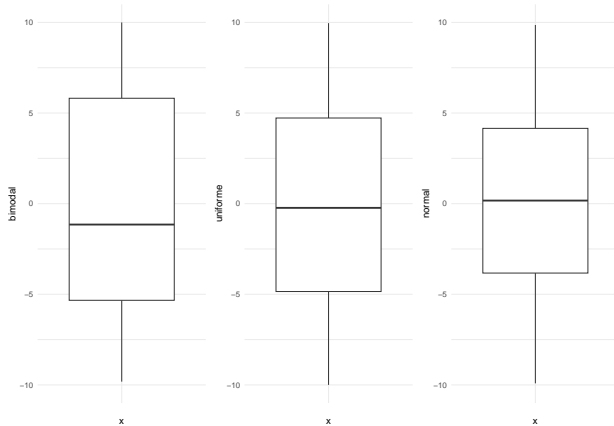
onde  $X \sim \text{Beta}(2; 6)$  e  $Y \sim \text{Beta}(2; 0, 8)$ . Esta distribuição é bimodal.

- Vamos amostrar valores da distribuição uniforme  $X \sim U[-10, 10]$ .
- Vamos amostrar valores da distribuição normal  $X \sim N(0, 54, 95)$ .

```
alpha <- c(2, 2)
beta <- c(6, 0.8)
amostrador <- function(n) {
  indices <- sample.int(2, n, TRUE, prob = c(0.5, 0.5))
  indices |> map_dbl(\(k) {
    20 * rbeta(1, alpha[k], beta[k]) - 10
  })
}
n <- 1000
dados <- tibble(
  bimodal = amostrador(n),
  uniforme = runif(n, -10, 10),
  normal = rnorm(n, 0, sqrt(54.95))
)
```

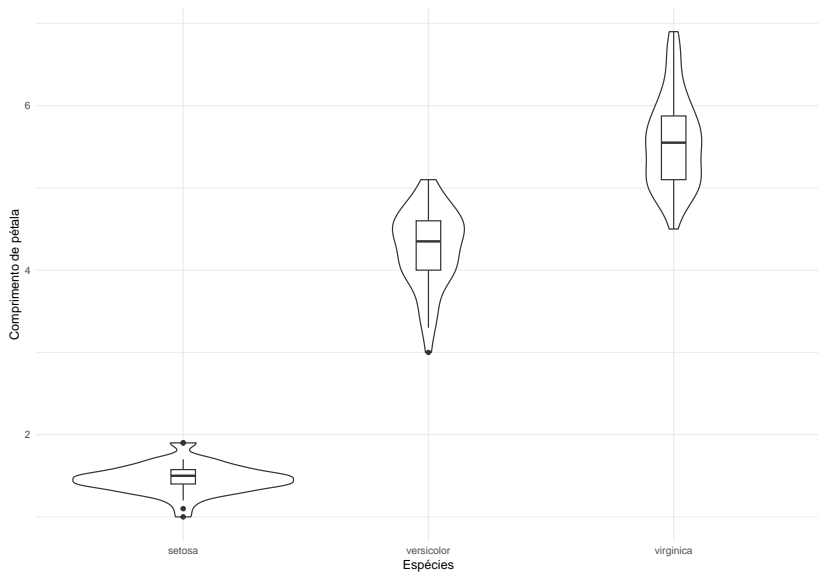
```
bimodal <- ggplot(dados, aes(x = "")) +  
  geom_boxplot(aes(y = bimodal)) + theme_minimal() +  
  ylim(c(-10, 10))  
uniforme <- ggplot(dados, aes(x = "")) +  
  geom_boxplot(aes(y = uniforme)) + theme_minimal() +  
  ylim(c(-10, 10))  
normal <- ggplot(dados, aes(x = "")) +  
  geom_boxplot(aes(y = normal)) + theme_minimal() +  
  ylim(c(-10, 10))  
bimodal + uniforme + normal
```

- Os três diagramas de caixas são semelhantes.
- O diagrama de caixa não consegue identificar as formas das distribuições.



## Exemplo

```
ggplot(dados_iris, aes(x = especies, y = comprimento_petala)) +  
  geom_violin() +  
  geom_boxplot(width = 0.1) +  
  theme_minimal() +  
  labs(x = "Espécies", y = "Comprimento de pétala")
```



Para o conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`:

- Construa o *Violin plot* para a variável `nu_nota_mt`.
- Construa o *Violin plot* para a variável `nu_nota_mt` por `tp_cor_raca`.

LV plot



- **Ideia:** generalização do diagrama de caixa.
- Podemos usar mais valores de letra além de  $M$  (mediana) e  $F$  (primeiro e terceiro quartis).
- Podemos observar a forma (distribuição) semelhante ao `geom_violin`.
- Menos valores são marcados com pontos exteriores.

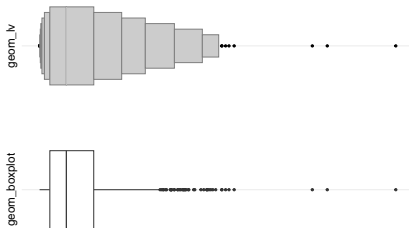


Figura 7: `geom_lv` versus `geom_boxplot`.

Precisamos determinar:

- a. Quantos valores de letra incluir no `geom_lv`?
  - b. Qual a largura de cada uma das caixas em `geom_lv`?
- 

Quantos valores de letra incluir no `geom_lv`?

**Regra 5-8** - inclui de 5 a 8 valores como pontos exteriores:

$$k = \lfloor \log_2(n) - 2 \rfloor.$$

**Proporção constante** - inclui  $p \cdot 100\%$  dos valores da amostra serão marcados como pontos exteriores:

$$k_p = \lfloor \log_2(n) \rfloor - \lfloor \log_2(n \cdot p) \rfloor.$$

**Confiabilidade** - inclui o valor de letra de nível  $i$  se os intervalos de confiança com coeficiente de confiança  $1 - \alpha$  para os valores de letra de níveis  $i$  e  $i + 1$  não tem intersecção (veja Heike Hofmann e Kafadar (2017) par maiores detalhes):

$$k_{1-\alpha} = \lfloor \log_2(n) \rfloor - \lfloor \log_2(2 \cdot z_{1-\frac{\alpha}{2}}^2) \rfloor.$$

Este é o método usado por padrão pelo pacote `lvplot`.

**Erro máximo** - inclui o valor de letra de nível  $i$  se o desvio padrão estiver abaixo de um limite estabelecido. O desvio padrão de nível  $i$  é dado por

$$DP(LV_i) \approx s \sqrt{\frac{\frac{1}{2^i} (1 - \frac{1}{2^i})}{n}} \phi \left( \Phi^{-1} \left( \frac{1}{2^i} \right) \right),$$

onde  $LV_i$  é o valor de letra de nível  $i$ ,  $\phi$  é a função densidade de probabilidade da distribuição normal padrão e  $\Phi$  é a função de distribuição acumulada da distribuição normal padrão.

## Quantos valores de letra incluir no `geom_lv`?

- **linear** - largura da caixa é inversamente proporcional ao nível do valor de letra (ou seja, as larguras das caixas diminuem sucessivamente de forma linear). Este é o método usado por padrão pelo pacote `lvplot`.
- **área** - a largura da caixa é inversamente proporcional a  $2^{i+1}|LV_i - LV_{i+1}|$  (a área da caixa tem aproximadamente a  $\frac{1}{2^{i+1}}$ ).
- **height** - a largura da caixa é aproximadamente  $\frac{1}{2^i}$ .

Para o conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`:

- Construa o *lv plot* para a variável `nu_nota_mt`.
- Construa o *lv plot* para a variável `nu_nota_mt` por `tp_cor_raca`.

Ramos-e-folhas

- Alternativa para histograma quando  $20 \leq \text{tamanho da amostra} \leq 300$ .
- Olhar os números não nos apresenta informações.
- Diagrama de ramos-e-folhas é uma forma de escanear rapidamente os dados.
- Simples e rápido de desenhar a mão no papel.
- Facilita na ordenação dos dados para encontrar quantis.
- Não envolve qualquer teoria elaborada ou complexa.
- Valores da amostra são mostrados no diagrama.
- O que podemos achar no diagrama de ramos-e-folhas:
  - simetria
  - dispersão ou distribuição dos valores
  - centralidade (mediana)
  - pontos exteriores (valores isolados do montante)
  - região de concentração dos valores observados
  - regiões sem observações

## Desvantagens do histograma:

- Dados originais não são apresentados.
  - Pode ser difícil de desenhar na mão.
- 

## Ideia

- Cada valor observado é dividido em duas partes: *ramo* e *folha*.
- Criamos uma coluna com os ramos em ordem crescente.
- Para cada ramo, escrevemos as folhas correspondente a cada valor observado.
- **Indesejável:**
  - a. Um ramos todos as folhas.
  - b. Vários ramos com uma folha.
- Se um ramo tiver muitas folhas, podemos quebrar o ramo em duas linhas:
  - a. \* fica com os dígitos 0, 1, 2, 3, e 4;
  - b. . ficam com os dígitos 5, 6, 7, 8, e 9.



- Se os ramos \* e . tiverem muitas folhas, podemos quebrar o ramos em cinco linhas:
  - a. dígitos 0 e 1 ficam na linha \*;
  - b. dígitos 2 e 3 ficam na linha t (do inglês *two* e *three*);
  - c. dígitos 4 e 5 ficam na linha f (do inglês *four* e *five*);
  - d. dígitos 6 e 7 ficam na linha s (do inglês *six* e *seven*);
  - e. dígitos 8 e 9 ficam na linha ..
- O ramo com parênteses indica que a mediana está neste ramo.
- Número de linhas no diagrama de ramos-e-folhas:

próxima potência de 10 maior que  $\frac{R}{L}$ ,

em que  $R = \max\{x_1, \dots, x_n\} - \min\{x_1, \dots, x_n\}$  e  $L = \lfloor 10 \cdot \log_{10}(n) \rfloor$ , onde  $n$  é o tamanho da amostra.

- Não arredonde valores. Trunque os valores em uma casa significativa.

- **Posto de  $x$**  - número de observações menores ou iguais a  $x$ :

$$\#\{i \in \{1, \dots, n\} \mid x_i \leq x\};$$

- **Profundidade de  $x$ :**

$$\min \{ \#\{i \in \{1, \dots, n\} \mid x_i \leq x\}; \#\{i \in \{1, \dots, n\} \mid x_i \geq x\} \};$$

- Inclua a esquerda da coluna de ramos uma coluna de profundidade.
- Se existirem valores isolados, você indicar eles separadamente.

- **Função:** `stem.leaf` do pacote `aplpack`.
- Parâmetros da função `stem`:
  - `x`: vetor numérico
  - `m`: controla a quantidade de ramos. Se `m = 0.5`, 0 e 1 são agrupados no 0, 2 e 3 são agrupados no 2, e assim por diante. Quando aumentamos `m=1`, cria-se o diagrama de ramos-e-folhas padrão. Se `m=2`, cada ramo é quadrado em duas linhas (\* e .). Se `m=3`, cada ramos é quebrado em cinco linhas (\*, t, f, s e .).

---

```
dados_menstruacao <- read_csv("dados/brutos/menstruacao.csv")
stem.leaf(dados_menstruacao$tamanho_ciclo, m=1)
```

1 | 2: represents 1.2

leaf unit: 0.1

n: 21

L0: 22.9

6      26 | 36899

9      27 | 566

(6)    28 | 044588

6      29 | 49

4      30 | 03

2      31 | 28

- Comparação de uma mesma variável em duas populações diferentes.
- No lado esquerdo, coloca-se os valores observados para uma população.
- No lado direito, coloca-se os valores observados para a outra população.

---

```
df_companhia_MB <- read_xlsx("dados/brutos/companhia_MB.xlsx")
df_solteiro <- filter(df_companhia_MB, estado_civil == "solteiro")
df_casado <- filter(df_companhia_MB, estado_civil == "casado")

stem.leaf.backback(df_solteiro$idade, df_casado$idade, m=2)
```

```
-----
1 | 2: represents 12, leaf unit: 1
df_solteiro$idade
```

```
df_casado$idade
```

```
-----
2      30| 2* |
5      765| 2. |689      3
(3)     431| 3* |0012234  (7)
(3)     877| 3. |55669   (5)
5      3110| 4* |0234      5
1        6| 4. |8          1
        | 5* |
```

```
-----
n:      16      20
-----
```

Construa o gráfico de ramos-e-folhas para os seguintes conjunto de dados:

- `rivers` (vetor disponível no R).
- variável `erupcoes` do conjunto de dados `velho_fiel` do pacote `dados`.
- variável `comprimento_sepala` do conjunto de dados `iris`.
- compare a variável `comprimento` para os grupos `Vitamina C` e `Suco de laranja` usando ramos-e-folha back-to-back do conjunto de dados `comprimento_dentes`.

## Gráfico quantil-quantil



**Objetivo:** checar se duas variáveis quantitativas tem a mesma distribuição.

---

- Considere duas variáveis quantitativas  $X$  e  $Y$  com
  - $X : x_1, \dots, x_n$ ;
  - $Y : y_1, \dots, y_m$ .
- Considere os quantis de  $X$  e  $Y$ :
  - $x_{(1)}, \dots, x_{(n)}$ ;
  - $y_{(1)}, \dots, y_{(m)}$ .
- Se  $m = n$ , cada par  $(x_{(j)}, y_{(j)})$ ,  $\forall j = 1, \dots, n$  desenhemos um ponto no plano cartesiano.
- Se  $m < n$ , cada par  $(q_{(\frac{j}{m})}, x_{(m)})$ ,  $\forall j = 1, \dots, m$  desenhemos um ponto no plano cartesiano onde  $q_{(\frac{j}{m})}$  é o quantil de ordem  $\frac{j}{m}$  na variável  $X$ .
- Se os pontos estiverem *aproximadamente* sobre a reta  $y = x$ , então  $X$  e  $Y$  tem a mesma distribuição.

# Gráfico quantil-quantil

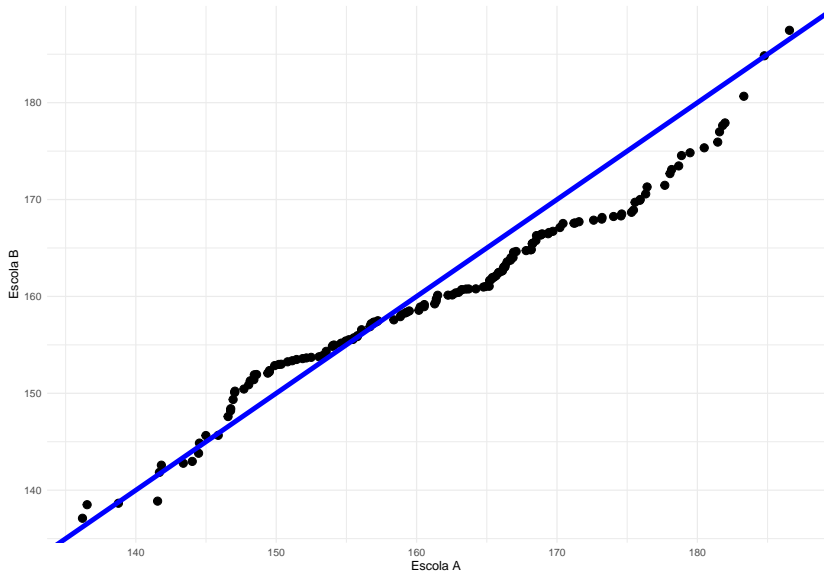
## Exemplo

Vamos comparar a altura de 150 crianças de duas escolas privadas de uma região nobre de salvador: escola A e escola B.

```
df_escola_a <- read_xlsx("dados/brutos/escola_a.xlsx")
df_escola_b <- read_xlsx("dados/brutos/escola_b.xlsx")

estat_ordem_a <- sort(df_escola_a$escola_a)
estat_ordem_b <- sort(df_escola_b$escola_b)

tibble(escola_a = estat_ordem_a, escola_b = estat_ordem_b) |>
  ggplot(aes(escola_a, escola_b)) +
  geom_point(size = 3) +
  geom_abline(intercept = 0, slope = 1, size = 2,
              color = "blue") +
  theme_minimal() +
  labs(x = "Escola A", y = "Escola B")
```



# Gráfico quantil-quantil

## Exemplo

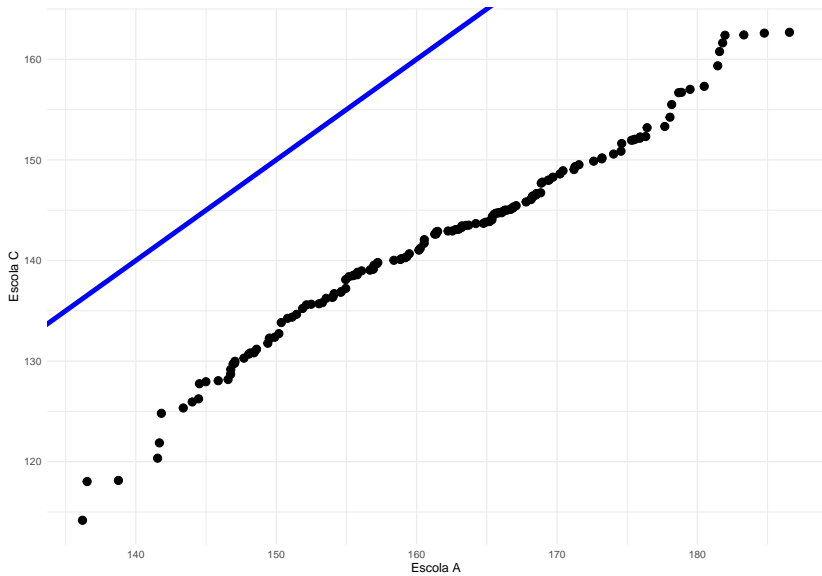
Vamos comparar a altura de 150 crianças de duas escolas:

- escola A: escola privada de uma região nobre;
- escola C: escola pública de uma região periférica.

```
df_escola_a <- read_xlsx("dados/brutos/escola_a.xlsx")
df_escola_c <- read_xlsx("dados/brutos/escola_c.xlsx")

estat_ordem_a <- sort(df_escola_a$escola_a)
estat_ordem_c <- sort(df_escola_c$escola_c)

tibble(escola_a = estat_ordem_a, escola_c = estat_ordem_c) |>
  ggplot(aes(escola_a, escola_c)) +
  geom_point(size = 3) +
  geom_abline(intercept = 0, slope = 1, size = 2,
              color = "blue") +
  theme_minimal() +
  labs(x = "Escola A", y = "Escola C")
```



## Gráfico quantil-quantil checando normalidade

- Seja  $X$  uma variável quantitativa com amostra  $x_1, \dots, x_n$ ;
- Considere as estatísticas de ordem:  $x_{(1)}, \dots, x_{(n)}$ ;
- Considere os valores padronizados:  $z_{(j)} = \frac{x_{(j)} - \bar{x}}{s}, \forall i = 1, \dots, n$ ;
- Considere os quantis da distribuição normal:  
 $q_{(i)} = \Phi^{-1}\left(\frac{i-0.5}{n}\right), \forall i = 1, \dots, n$ ;
- Para cada par  $(x_{(i)}, q_{(i)})$ ,  $\forall i = 1, \dots, n$ , desenhemos um ponto no plano cartesiano;
- Se os pontos estiverem sobre a reta  $y = x$ , temos indícios que  $X$  tem distribuição normal.

Este gráfico também é chamado **gráfico de probabilidade normal**.

# Gráfico de probabilidade normal

Vamos checar se a variável `largura_sepala` no conjunto de dados `iris.xlsx` tem distribuição normal.

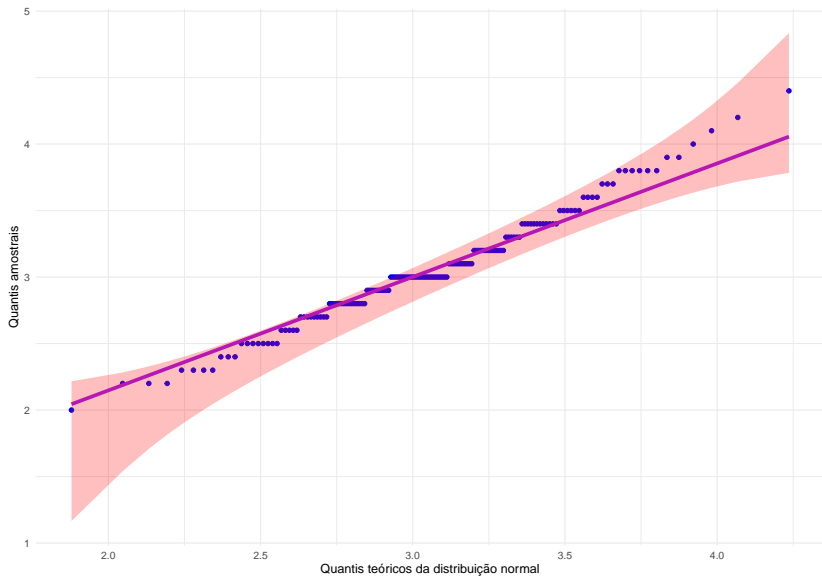
Vamos usar o pacote `qqplotr` que é uma extensão do pacote `ggplot2`.

- `stat_qq_point` inclui os pontos no plano cartesiano;
- `stat_qq_line` inclui a reta  $y = x$ ;
- `stat_qq_band(bandType = "ts")` inclui uma faixa ao gráfico. Os pontos precisam estar dentro desta faixa (intervalo de confiança) para indicar a normalidade.

```
p_load(qqplotr)

ggplot(
  dados_iris,
  aes(sample = largura_sepala)
) +
  stat_qq_point(color = "blue") +
  stat_qq_line(size = 1.5, color = "purple") +
  stat_qq_band(bandType = "ts", fill = "red", alpha = 0.25) +
  theme_minimal() +
  labs(
    x = "Quantis teóricos da distribuição normal",
    y = "Quantis amostrais"
  )
```





# Gráfico quantil-quantil

## Exercício

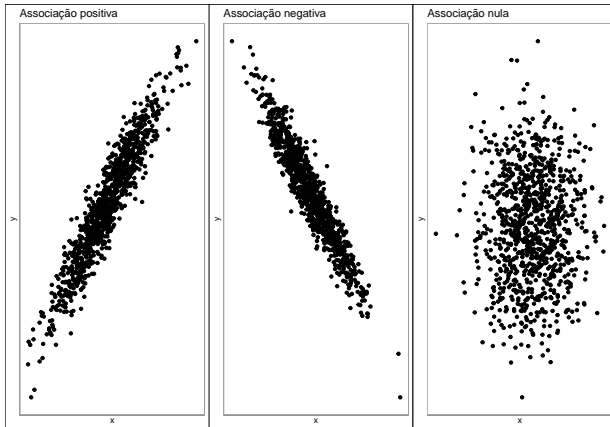
- Verifique se `nu_nota_mt` e `nu_nota_lc` do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx` tem a mesma distribuição usando histograma, *violin plot*, *lv plot* e gráfico quantil-quantil;
- Verifique se `nu_nota_mt` do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx` tem distribuição normal usando histograma e gráfico quantil-quantil;
- Verifique se `nu_nota_lc` do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx` tem distribuição normal usando histograma e gráfico quantil-quantil.

## Associação entre duas variáveis

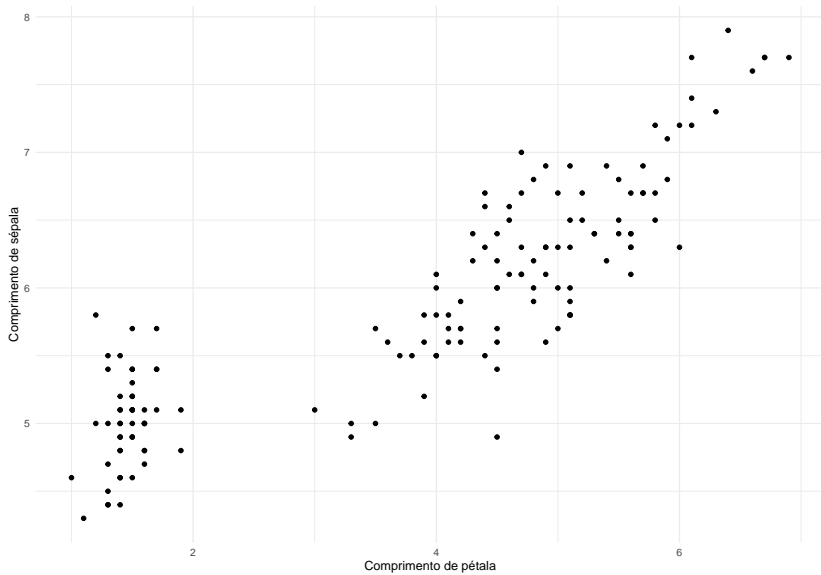
# Gráficos

## Duas variáveis quantitativas

**Ideia:** estudar a associação entre duas variáveis quantitativas.



```
ggplot(dados_iris) +  
  geom_point(aes(comprimento_petala, comprimento_sepala)) +  
  labs(  
    x = "Comprimento de pétala",  
    y = "Comprimento de sépala"  
  ) +  
  theme_minimal()
```



# Gráfico de dispersão

## Exercício

Para o conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, construa o gráfico de dispersão entre as variáveis `nu_nota_mt` e `nu_nota_cn`.

Inclua o argumento nomeado `alpha = 0.1` na função `geom_point` para incluir opacidade no gráfico de dispersão. Isso ajuda quando temos amostra de tamanho médio e grande.

# Associação entre duas variáveis qualitativas

## Ideia

Sejam  $X$  e  $Y$  duas variáveis qualitativas com os seguintes valores possíveis:

- $X : A_1, \dots, A_r$
- $Y : B_1, \dots, B_s$

Desejamos estudar a associação entre  $X$  e  $Y$ .

---

## Associação entre $X$ e $Y$

Suponha que  $A_i$  tenha percentagem  $100 \cdot f_i \cdot \%$ . Então,  $X$  e  $Y$  são:

- **não associados:** se ao conhecermos o valor de  $Y$  para um elemento da população, **continuamos** com a percentagem  $100 \cdot f_i \%$  deste elemento ter valor de  $X$  igual a  $A_i$
- **associados:** se ao conhecermos o valor de  $Y$  para um elemento da população, **alteramos** a percentagem  $100 \cdot f_i \%$  deste elemento ter valor de  $X$  igual a  $A_i$



# Associação entre duas variáveis qualitativas

## Exemplo de associação

Um pesquisador interessado em estudar a associação entre Câncer e o tabagismo coletou uma amostra com 300 indivíduos e obteve a tabela de distribuição de frequência conforme Tabela 19. Você diria que as duas variáveis estão associadas?

Tabela 19: Tabela de contingência entre Câncer e Tabagismo.

Tabagismo	Câncer		Total
	Não	Sim	
Não-Fumante	200	0	200
Fumante	0	100	100
Total	200	100	300

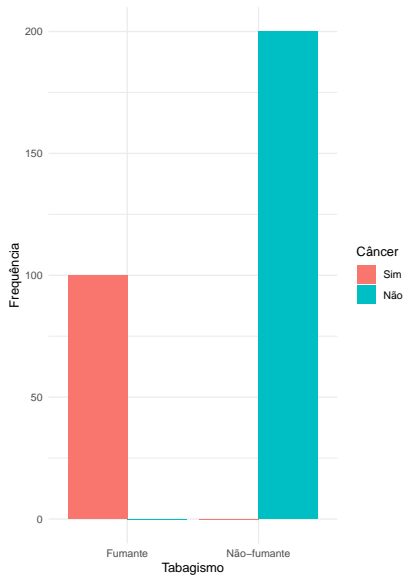
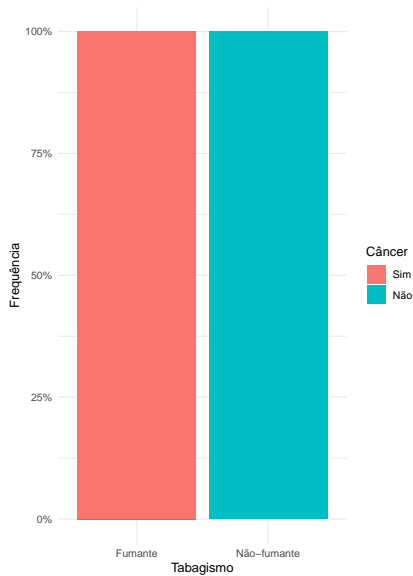
Precisamos de uma referência e podemos calcular a frequência relativa ao total das colunas ou total das linhas. Neste exemplo, vamos usar o total das linhas.

Tabela 20: Tabela de contingência com frequência relativa ao total das linhas.

Tabagismo (X)	Câncer (Y)		Total
	Não	Sim	
Não-Fumante	$\frac{200}{200} \cdot 100 = 100\%$	$\frac{0}{200} \cdot 100 = 0\%$	$\frac{200}{200} \cdot 100 = 100\%$
Fumante	$\frac{0}{100} \cdot 100 = 0\%$	$\frac{100}{100} \cdot 100 = 100\%$	$\frac{100}{100} \cdot 100 = 100\%$
Total	$\frac{200}{300} \cdot 100 = 66,67\%$	$\frac{100}{300} \cdot 100 = 33,33\%$	$\frac{300}{300} \cdot 100 = 100\%$

Note que a probabilidade de um indivíduo ter câncer é **33,33%**, mas

- Se o valor de Y é igual “Não-Fumante”, então a probabilidade do indivíduo ter câncer é **0%**;
- Se o valor de Y é igual “Fumante”, então a probabilidade do indivíduo ter câncer é **100%**.



# Associação entre duas variáveis qualitativas

## Exemplo de ausência de associação

Um pesquisador está interessado em estudar a associação entre Gênero e Tabagismo. Para isso, ele coletou uma amostra de 300 de elementos da população e obteve a tabela contingência na Tabela 21.

Tabela 21: Tabela de contingência entre Gênero e Tabagismo.

Tabagismo	Gênero		Total
	Homem	Mulher	
Não-Fumante	80	40	120
Fumante	120	60	180
Total	200	100	300

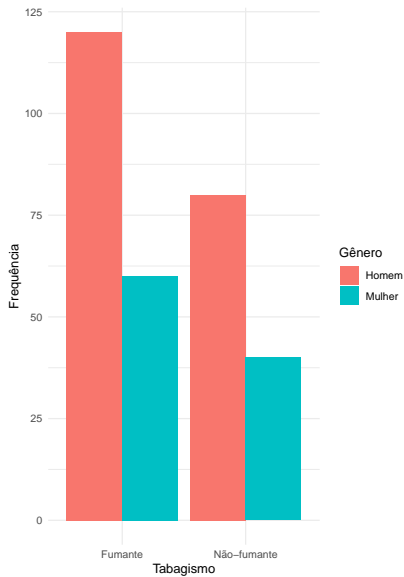
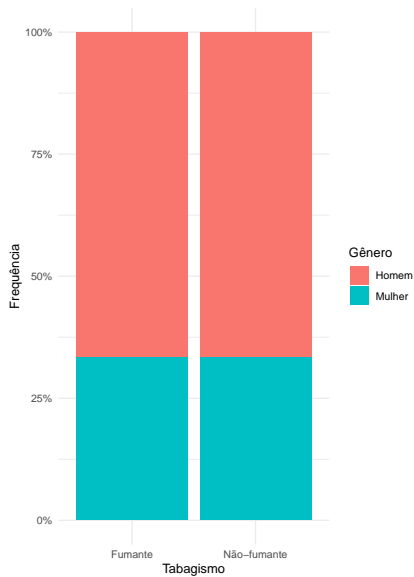
Precisamos de uma referência e podemos calcular a frequência relativa ao total das colunas ou total das linhas. Neste exemplo, vamos usar o total das colunas.

Tabela 22: Tabela de distribuição de frequência relativa ao total das colunas.

Tabagismo (X)	Gênero (Y)		Total
	Homem	Mulher	
Não-Fumante	$\frac{80}{200} \cdot 100 = 40\%$	$\frac{40}{100} \cdot 100 = 40\%$	$\frac{120}{300} \cdot 100 = 40\%$
Fumante	$\frac{120}{200} \cdot 100 = 60\%$	$\frac{60}{100} \cdot 100 = 60\%$	$\frac{180}{300} \cdot 100 = 60\%$
Total	$\frac{200}{200} \cdot 100 = 100\%$	$\frac{100}{100} \cdot 100 = 100\%$	$\frac{300}{300} \cdot 100 = 100\%$

Note que a probabilidade de um indivíduo ser Fumante é 40%, mas

- Se o valor de Y é igual Homem, então a probabilidade do indivíduo ser Fumante é 40%;
- Se o valor de Y é igual Mulher, então a probabilidade do indivíduo ser Fumante é 40%.

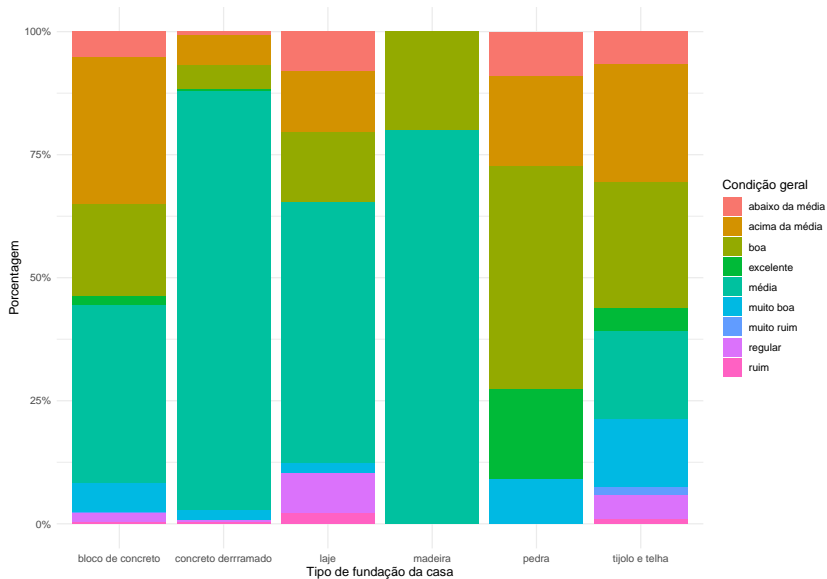


# Associação entre duas variáveis qualitativas

## Exemplo

Vamos checar a associação entre `fundacao_tipo` e `geral_condicao`.

```
dados_casas <- read_xlsx("dados/brutos/casas.xlsx")
ggplot(dados_casas) +
  geom_bar(aes(x = fundacao_tipo, fill = geral_condicao),
           position = "fill") +
  labs(x = "Tipo de fundação da casa", y = "Porcentagem",
       fill = "Condição geral") +
  scale_y_continuous(labels = scales::label_percent()) +
  theme_minimal()
```



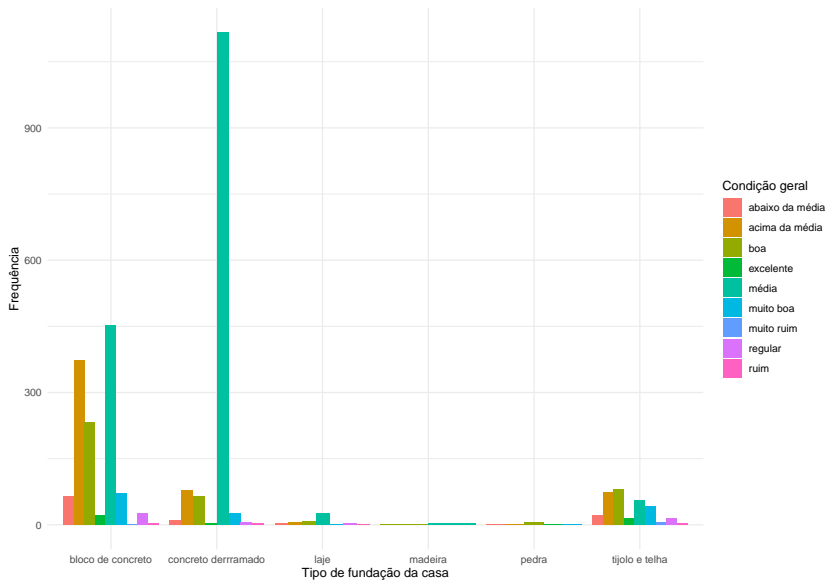


# Associação entre duas variáveis qualitativas

## Gráfico de barras

Podemos agrupar as barras por grupos para analisar a associação entre duas variáveis qualitativas.

```
dados_casas <- read_xlsx("dados/brutos/casas.xlsx")
ggplot(dados_casas) +
  geom_bar(aes(x = fundacao_tipo, fill = geral_condicao),
           position = "dodge") +
  labs(x = "Tipo de fundação da casa", y = "Frequência",
       fill = "Condição geral") +
  theme_minimal()
```



# Associação entre duas variáveis qualitativas

## Gráfico de barras

### Exercício

- Verifique se existe associação entre as variáveis q006 e tp\_cor\_raca do conjunto de dados amostra\_enem\_salvador.xlsx usando gráfico de barras usando o position=fill.
- Verifique se existe associação entre as variáveis q006 e tp\_sexo do conjunto de dados amostra\_enem\_salvador.xlsx usando gráfico de barras usando o position=dodge.

# Associação entre duas variáveis qualitativas

## Medidas de associação

**Propriedade quando duas variáveis qualitativas não estão associadas.**

Tabela 23: Tabela de contingência: frequência observada.

Tabagismo	Gênero		Total
	Homem	Mulher	
Não-Fumante	80	40	120
Fumante	120	60	180
Total	200	100	300

Tabela 24: Tabela de contingência: frequência esperada.

Tabagismo	Gênero		Total
	Homem	Mulher	
Não-Fumante	$\frac{200 \cdot 120}{300} = 80$	$\frac{100 \cdot 120}{300} = 40$	120
Fumante	$\frac{200 \cdot 180}{300} = 120$	$\frac{100 \cdot 180}{300} = 60$	180
Total	200	100	300

**Propriedade importante:** No contexto de não associação, as tabelas de distribuição de frequência observada e a tabela de distribuição de frequência esperada são iguais.

# Associação entre duas variáveis qualitativas

## Medidas de associação

Considere duas variáveis qualitativas  $X$  e  $Y$  com valores possíveis:

- $X : A_1, A_2, \dots, A_r;$
- $Y : B_1, B_2, \dots, B_s;$

com tabela de contingência conforme tabela abaixo

$X$	$Y$				Total
	$B_1$	$B_2$	$\dots$	$B_s$	
$A_1$	$n_{11}$	$n_{12}$	$\dots$	$n_{1s}$	$n_{1.}$
$A_2$	$n_{21}$	$n_{22}$	$\dots$	$n_{2s}$	$n_{2.}$
$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\ddots$	$\vdots$	$\vdots$
$A_r$	$n_{r1}$	$n_{r2}$	$\dots$	$n_{rs}$	$n_{r.}$
Total	$n_{.1}$	$n_{.2}$	$\dots$	$n_{.s}$	$n_{..}$

em que

- $n_{i.} = n_{i1} + n_{i2} + \dots + n_{is}, \quad i = 1, 2, \dots, r;$
- $n_{.j} = n_{1j} + n_{2j} + \dots + n_{rj}, \quad j = 1, 2, \dots, s;$
- $n_{..}$  é o tamanho da amostra.

Se  $X$  e  $Y$  não estão associadas, temos que

$n_{ij}^* = n_{ij}$ ,  $i = 1, \dots, r, j = 1, \dots, s$ . Note que se,

- Se as distâncias  $\frac{(n_{ij} - n_{ij}^*)^2}{n_{ij}^*}$  forem pequenas, então as duas variáveis **não** estão associadas;
- Se as distâncias  $\frac{(n_{ij} - n_{ij}^*)^2}{n_{ij}^*}$  forem grandes, então as duas variáveis estão associadas;

então calculamos uma medida chamada qui-quadrado

$$\begin{aligned}\chi^2 = & \frac{(n_{11} - n_{11}^*)^2}{n_{11}^*} + \frac{(n_{12} - n_{12}^*)^2}{n_{12}^*} + \dots + \frac{(n_{1s} - n_{1s}^*)^2}{n_{1s}^*} + \\ & + \frac{(n_{21} - n_{21}^*)^2}{n_{21}^*} + \frac{(n_{22} - n_{22}^*)^2}{n_{22}^*} + \dots + \frac{(n_{2s} - n_{2s}^*)^2}{n_{2s}^*} + \\ & \vdots \\ & + \frac{(n_{r1} - n_{r1}^*)^2}{n_{r1}^*} + \frac{(n_{r2} - n_{r2}^*)^2}{n_{r2}^*} + \dots + \frac{(n_{rs} - n_{rs}^*)^2}{n_{rs}^*},\end{aligned}$$

$\chi^2$  é medida não-negativa, por isso usamos uma padronização entre 0 e 1.

Seja  $k = \min\{\text{número de linhas, número de colunas}\}$  (de tabelas de contingência), e  $n$  é o tamanho da amostra.

- **Coeficiente de contingência modificada:**  $C = \sqrt{\frac{k \cdot \chi^2}{(k-1) \cdot (n + \chi^2)}}$ .
  - **Coeficiente V de Cramer:**  $C = \sqrt{\frac{\chi^2}{k \cdot \chi^2}}$ .
- 

Usamos o pacote `DescTools` para calcular essas medidas.

- 1 Para calcular o Coeficiente de Contingência Modificada: `ContCoef(x, y)`.
- 2 Para calcular o Coeficiente V de Cramer: `CramerV(x, y)`.

# Associação entre duas variáveis qualitativas

## Medidas de associação

### Exemplo

```
dados_casas <- read_xlsx("dados/brutos/casas.xlsx")

dados_casas |>
  summarise(
    cont_coef = ContCoef(fundacao_tipo, geral_condicao),
    cramer_v = CramerV(fundacao_tipo, geral_condicao),
  )
```

```
# A tibble: 1 x 2
  cont_coef cramer_v
  <dbl>     <dbl>
1    0.501    0.259
```



# Associação entre duas variáveis qualitativas

## Medidas de associação

### Exercício

- Verifique se existe associação entre as variáveis q006 e tp\_cor\_raca do conjunto de dados amostra\_enem\_salvador.xlsx calculando *Coeficiente de Contingência Modificada*.
- Verifique se existe associação entre as variáveis q006 e tp\_sexo do conjunto de dados amostra\_enem\_salvador.xlsx calculando *Coeficiente V de Cramer*.

# Associação entre variáveis qualitativas ordinais

Sejam  $X$  e  $Y$  duas variáveis qualitativas ordinais valores possíveis:

- valores possíveis de  $X$ :  $A_1, \dots, A_n$  com  $A_1 < A_2 < \dots < A_n$ ;
  - valores possíveis de  $Y$ :  $B_1, \dots, B_n$  com  $B_1 < B_2 < \dots < B_n$ .
- 

Associação entre  $X$  e  $Y$ :

- $X$  e  $Y$  estão **positivamente associadas**, se o nível de  $Y$  *aumenta* quando o nível de  $X$  *aumenta* e vice-versa;
- $X$  e  $Y$  estão **negativamente associadas**, se o nível de  $Y$  *diminui* quando o nível de  $X$  *aumenta* e vice-versa.

# Associação entre variáveis qualitativas ordinais

## Medida de associação

Suponha que temos duas variáveis qualitativas ordinais:

- escolaridade: ensino fundamental, ensino médio e ensino superior com  $\text{ensino fundamental} < \text{ensino médio} < \text{ensino superior}$ ;
  - classe\_social: A, B, C e D com  $D < C < B < A$ .
- 

Dizemos

- que duas observações são concordantes se elas se posicionam em posições concordantes nas duas variáveis.
  - Exemplo: considere duas observações (João e Joaquim)
    - João: escola = ensino fundamental e classe\_social = D
    - Joaquim: escola = ensino médio e classe\_social = C
- que duas observações são discordantes se elas se posicionam em posições discordantes nas duas variáveis.
  - Exemplo: considere duas observações (João e Josué)
    - João: escola = ensino fundamental e classe\_social = C
    - Josué: escola = ensino médio e classe\_social = D

# Associação entre variáveis qualitativas ordinais

## Medida de associação

- Se a maioria dos pares de observações são concordantes, então  $X$  e  $Y$  são positivamente associadas.
  - Se a maioria dos pares de observações são discordantes, então  $X$  e  $Y$  são negativamente associadas.
  - Se temos mesmo a quantidade de pares concordantes e discordantes, então  $X$  e  $Y$  então não estão associadas.
- 

Sejam:

- $n_c$  - número de pares de observações concordantes;
- $n_d$  - número de pares de observações disconcordantes.

Então:

$$\gamma = \frac{n_c - n_d}{n_c + n_d}.$$

$\gamma$  é chamado de *Coeficiente Gama de Goodman-Kruskal*.

# Associação entre variáveis qualitativas ordinais

## Medida de associação

- $\gamma > 0$  se, e somente se,  $X$  e  $Y$  estão positivamente associadas;
- $\gamma < 0$  se, e somente se,  $X$  e  $Y$  estão negativamente associadas;
- $\gamma \approx 0$  se, e somente se,  $X$  e  $Y$  não estão associadas.

# Associação entre variáveis qualitativas ordinais

## Medida de associação

Como calcular  $\gamma$  usando a tabela de contingência? Suponha que temos duas variáveis qualitativas ordinais:

- $X$ :  $A_1, A_2, A_3, A_4$  e  $A_5$  com  $A_1 < A_2 < A_3 < A_4 < A_5$ ;
- $Y$ :  $B_1, B_2, B_3, B_4$  e  $B_5$  com  $B_1 < B_2 < B_3 < B_4 < B_5$ .

---

Número de pares de observações concordantes com observações com  $X = A_2$  e  $Y = B_3$ :  $n_{23} \cdot (n_{34} + n_{35} + n_{44} + n_{45} + n_{54} + n_{55})$ .

X	Y				
	$B_1$	$B_2$	$B_3$	$B_4$	$B_5$
$A_1$	$n_{11}$	$n_{12}$	$n_{13}$	$n_{14}$	$n_{15}$
$A_2$	$n_{21}$	$n_{22}$	$n_{23}$	$n_{24}$	$n_{25}$
$A_3$	$n_{31}$	$n_{32}$	$n_{33}$	$n_{34}$	$n_{35}$
$A_4$	$n_{41}$	$n_{42}$	$n_{43}$	$n_{44}$	$n_{45}$
$A_5$	$n_{51}$	$n_{52}$	$n_{53}$	$n_{54}$	$n_{55}$

Número de pares de observações discordantes com observações com  $X = A_2$  e  $Y = B_3$ :  $n_{23} \cdot (n_{31} + n_{32} + n_{41} + n_{42} + n_{51} + n_{52})$ .

X	Y				
	$B_1$	$B_2$	$B_3$	$B_4$	$B_5$
$A_1$	$n_{11}$	$n_{12}$	$n_{13}$	$n_{14}$	$n_{15}$
$A_2$	$n_{21}$	$n_{22}$	$n_{23}$	$n_{24}$	$n_{25}$
$A_3$	$n_{31}$	$n_{32}$	$n_{33}$	$n_{34}$	$n_{35}$
$A_4$	$n_{41}$	$n_{42}$	$n_{43}$	$n_{44}$	$n_{45}$
$A_5$	$n_{51}$	$n_{52}$	$n_{53}$	$n_{54}$	$n_{55}$

Fazemos essas contagens em todas as células para obter  $n_c$  e  $n_d$ .

# Associação entre variáveis qualitativas ordinais

## Medida de associação

Usamos o pacote DescTools:

- A função `GoodmanKruskalGamma(x, y)` calcula o Coeficiente de Goodman-Kruskal entre `x` e `y`.

**`x` e `y` precisam ser fatores (para indicar a ordem das variáveis qualitativas ordinais).**

Use a função `fct` do pacote `forcats` para criar transformar um vetor de caracteres em um fator.



# Associação entre variáveis qualitativas ordinais

## Medida de associação

### Exemplo

Vamos usar um conjunto de dados de respostas ao Questionário de dezesseis fatores de personalidade (16PF), e checar as variáveis qualitativas ordinais  $A1$  e  $A2$  estão associadas.

As perguntas deste questionário podem se consultadas em:  
[dicionario\\_psicologia.html](http://dicionario_psicologia.html).

```

df_16f <- read_csv2("dados/brutos/psicologia.csv")

# A1 e A2 precisam ser fatores
df_16f <- df_16f |>
  mutate(
    A1 = fct(as.character(A1), levels = paste(0:5)),
    A2 = fct(as.character(A2), levels = paste(0:5))
  )

df_16f |>
  summarise(gk = GoodmanKruskalGamma(A1, A2))

# A tibble: 1 x 1
      gk
  <dbl>
1 0.564

GoodmanKruskalGamma(df_16f$A1, df_16f$A2, conf.level = 0.95)

      gamma    lwr.ci    upr.ci
1 0.5638367 0.5548132 0.5728602

```

# Associação entre variáveis qualitativas ordinais

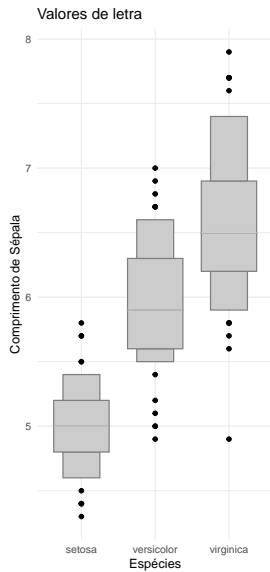
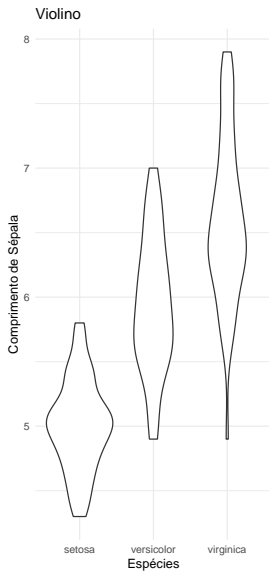
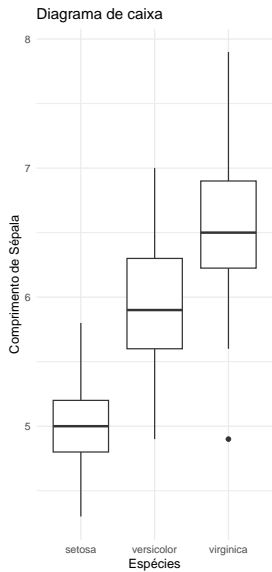
## Medida de associação

### Exercício

- Verifique se existe associação entre as variáveis q006 e q001 do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx` calculando *Coeficiente Gama de Goodman-Kruskal*.
- Verifique se existe associação entre as variáveis q006 e q002 do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx` calculando *Coeficiente Gama de Goodman-Kruskal*.

# Associação entre uma variável qualitativa e uma variável quantitativa

```
boxplot <- ggplot(dados_iris) +  
  geom_boxplot(aes(x = especies, y = comprimento_sepala)) +  
  labs(x = "Espécies", y = "Comprimento de Sépala", title = "Dia  
  theme_minimal()  
violino <- ggplot(dados_iris) +  
  geom_violin(aes(x = especies, y = comprimento_sepala)) +  
  labs(x = "Espécies", y = "Comprimento de Sépala", title = "Vio  
  theme_minimal()  
lv <- ggplot(dados_iris) +  
  geom_lv(aes(x = especies, y = comprimento_sepala)) +  
  labs(x = "Espécies", y = "Comprimento de Sépala", title = "Val  
  theme_minimal()  
boxplot + violino + lv
```



# Associação entre uma variável qualitativa e uma variável quantitativa

## Exercício

- Para o conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, compare a variável `nu_nota_mt` por raça (`tp_cor_raca`).
- Para o conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, compare a variável `nu_nota_cn` por raça (`tp_cor_raca`).
- Coloque os dois gráficos acima lado a lado usando o pacote `patchwork`.

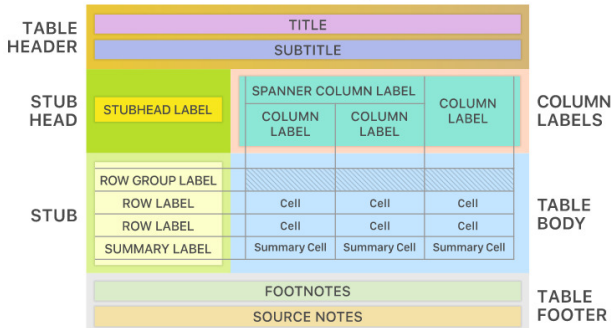
Customizando tabelas  
usando o pacote gt

# Salvando tabelas com o pacote gt

Vamos usar o pacote gt para customizar a apresentação de uma tabela.

A ideia do pacote gt é melhorar apresentação por camadas.

## The Parts of a gt Table



Para mais detalhes, visite [documentação do pacote gt](#)



# Salvando tabelas com o pacote gt

Vamos usar um exemplo para ensinar como usar o pacote gt.

```
tab <- dados_iris |>
  group_by(especies) |>
  summarise(
    m_petala = mean(comprimento_petala),
    dp_petala = sd(comprimento_petala),
    q1_petala = quantile(comprimento_petala, probs = 0.25),
    q2_petala = quantile(comprimento_petala, probs = 0.5),
    q3_petala = quantile(comprimento_petala, probs = 0.75),
    cv_petala = dp_petala / m_petala
  )
tab
```

```
# A tibble: 3 x 7
```

	especies	m_petala	dp_petala	q1_petala	q2_petala	q3_petala	cv_petala
	<chr>	<dbl>	<dbl>	<dbl>	<dbl>	<dbl>	<dbl>
1	setosa	1.46	0.174	1.4	1.5	1.58	11.9
2	versicolor	4.26	0.470	4	4.35	4.6	11.0
3	virginica	5.55	0.552	5.1	5.55	5.88	9.94

**Cabeçalho da tabela:** legenda e sub-legenda da tabela.

- `tab_header`: permite incluir legenda (`title`) e sub-legenda na tabela (`subtitle`)
- `gtsave`: permite salvar objeto `gt` nos formatos `.html`, `.tex` e `.docx`.
- `md`: permite formatação usando a sintaxe markdown.
  - Para mais detalhes sobre markdown, consulte [\*cheatsheet\* do markdown](#)

```
gt_tab <- gt(tab) |>
  tab_header(
    title = md("**Comprimento de pétala**"),
    subtitle = md("_Algumas estatísticas descritivas_")
  )
gtsave(gt_tab, "output/tabela.html")
gtsave(gt_tab, "output/tabela.tex")
gtsave(gt_tab, "output/tabela.docx")
```

# Salvando tabelas com o pacote gt

## Exercício

- 1 Calcule a média, o desvio padrão, o primeiro quartil, o segundo quartil e o terceiro quartil para a variável `nu_nota_mt` por raça (`tp_cor_raca`) do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx` e salve o resultado em objeto `tab`.
- 2 Crie um objeto `gt` com nome `gt_tab` a partir da tabela em `tab`.
- 3 Inclua uma legenda com o texto “Nota em matemática por raça” e sublegenda “Edição 2021” com a função `tab_header`.

# Salvando tabelas com o pacote gt

- `tab_source`: inclusão de `_fonte` de dados\_dentes

```
gt_tab <- gt_tab |>  
  tab_source_note(  
    source_note = md("**Fonte:** Elaboração própria.")  
  )  
gt_tab
```

## Comprimento de pétala

*Algumas estatísticas descritivas*

especies	m_petala	dp_petala	q1_petala	q2_petala	q3_petala	cv_petala
setosa	1.462	0.1736640	1.4	1.50	1.575	11.878522
versicolor	4.260	0.4699110	4.0	4.35	4.600	11.030774
virginica	5.552	0.5518947	5.1	5.55	5.875	9.940466

**Fonte:** Elaboração própria.

# Salvando tabelas com o pacote gt

## Exercício

Inclua *fonte de dados* usando a função `tab_source_note` como texto  
“Fonte: elaboração própria.” no objeto `gt_tab`.

## Rótulo (legenda) para grupo de linhas

`tab_row_group`: permite colocar um *rótulo* para um grupo de linhas.

```
gt_tab <- gt_tab |>
  tab_row_group(
    rows = c(1, 3),
    label = md("_Espécies principais_")
  )
gt_tab
```



## Comprimento de pétala

*Algumas estatísticas descritivas*

especies	m_petala	dp_petala	q1_petala	q2_petala	q3_petala	cv_petala
<i>Espécies principais</i>						
setosa	1.462	0.1736640	1.4	1.50	1.575	11.878522
virginica	5.552	0.5518947	5.1	5.55	5.875	9.940466
versicolor	4.260	0.4699110	4.0	4.35	4.600	11.030774

**Fonte:** Elaboração própria.

# Rótulo (legenda) para grupo de linhas

## Exercício

Inclua um *rótulo* para as linhas pardas e pretas com o texto “negras” no objeto `gt_tab`.

## Rótulo (legenda) para grupo de colunas

tab\_spanner: permite *rótulo* para grupo de colunas.

```
gt_tab <- gt_tab |>
  tab_spanner(
    columns = c(
      q1_petala,
      q2_petala,
      q3_petala
    ),
    label = "Quantis"
  ) |>
  tab_spanner(
    columns = c(dp_petala, cv_petala),
    label = "Dispersão"
  )
gt_tab
```

## Comprimento de pétala

*Algumas estatísticas descritivas*

especies	m_petala	Dispersão		Quantis		
		dp_petala	cv_petala	q1_petala	q2_petala	q3_petala
<i>Espécies principais</i>						
setosa	1.462	0.1736640	11.878522	1.4	1.50	1.575
virginica	5.552	0.5518947	9.940466	5.1	5.55	5.875
versicolor	4.260	0.4699110	11.030774	4.0	4.35	4.600

**Fonte:** Elaboração própria.

## Rótulo (legenda) para grupo de colunas

### Exercício

Inclua um *rótulo* pra as colunas do primeiro quartil, segundo quartil e terceiro quartil com o texto “Quartis” no objeto `gt_tab`.

## Movendo as colunas na tabela

- `cols_move_to_start`: move uma ou mais colunas para o início da tabela.
- `cols_move_to_end`: move uma ou mais colunas para o fim da tabela.
- `cols_move`: move uma ou mais colunas para depois um determinada coluna.

```
gt_tab <- gt_tab |>
  cols_move_to_start(
    columns = c(especies, dp_petala, cv_petala)
  ) |>
  cols_move_to_end(
    columns = m_petala
  ) |>
  cols_move(
    after = cv_petala,
    columns = c(q1_petala, q2_petala, q3_petala)
  )
gt_tab
```

## Comprimento de pétala

*Algumas estatísticas descritivas*

especies	Dispersão		Quantis			m_petala
	dp_petala	cv_petala	q1_petala	q2_petala	q3_petala	
<i>Espécies principais</i>						
setosa	0.1736640	11.878522	1.4	1.50	1.575	1.462
virginica	0.5518947	9.940466	5.1	5.55	5.875	5.552
versicolor	0.4699110	11.030774	4.0	4.35	4.600	4.260

**Fonte:** Elaboração própria.

# Movendo as colunas na tabela

## Exercício

Deixe as colunas de `gt_tab` na seguinte ordem: *raça*, *média*, *primeiro quartil*, *segundo quartil*, *terceiro quartil* e *desvio padrão* usando as funções `cols_move_to_start`, `cols_move` e `cols_move_to_end`.



`cols_label`: permite atualizar os *rótulos* das colunas.

```
gt_tab <- gt_tab |>
  cols_label(
    especies = md("**Espécies**"),
    dp_petala = "Desvio padrão",
    cv_petala = "Coeficiente de variação",
    q1_petala = md("*Q1*"),
    q2_petala = md("*Q2*"),
    q3_petala = md("*Q3*"),
    m_petala = "Média"
  )
gt_tab
```

## Comprimento de pétala

*Algumas estatísticas descritivas*

Espécies	Dispersão		Quantis			Média
	Desvio padrão	CV	Q1	Q2	Q3	
<i>Espécies principais</i>						
setosa	0.1736640	11.878522	1.4	1.50	1.575	1.462
virginica	0.5518947	9.940466	5.1	5.55	5.875	5.552
versicolor	0.4699110	11.030774	4.0	4.35	4.600	4.260

**Fonte:** Elaboração própria.

## Atualizando as colunas

### Exercício

Para o objeto `gt_tab`, garanta que as colunas tenham os seguintes nomes: *Raça*, *Média*, *Desvio padrão*, *Primeiro quartil*, *Segundo quartil* e *Terceiro quartil*.

# Formatação de valores

fmt\_number: formatação de valores numéricos de uma ou mais colunas.

```
gt_tab <- gt_tab |>
  fmt_number(
    columns = c(
      dp_petala, q1_petala, q2_petala,
      q3_petala, m_petala
    ),
    decimals = 2,
    dec_mark = ",",
    sep_mark = "."
  ) |>
  fmt_number(
    columns = cv_petala,
    decimals = 2,
    dec_mark = ",",
    sep_mark = ".",
    patter = "{x} \\%"
  )
gt_tab
```

## Comprimento de pétala

*Algumas estatísticas descritivas*

Espécies	Dispersão		Quantis			Média
	Desvio padrão	CV	Q1	Q2	Q3	
<i>Espécies principais</i>						
setosa	0,17	11,88 %	1,40	1,50	1,58	1,46
virginica	0,55	9,94 %	5,10	5,55	5,88	5,55
versicolor	0,47	11,03 %	4,00	4,35	4,60	4,26

**Fonte:** Elaboração própria.

# Formatação de valores

## Exercício

No objeto `gt_tab`, para as colunas numéricas coloque “,” para o separador de casa decimal e “.” para o agrupador de milhar.

## Bibliografia

- Doane, David P, e Lori E Seward. 2011. "Measuring skewness: a forgotten statistic?" *Journal of statistics education* 19 (2).
- Heike Hofmann, Hadley Wickham, e Karen Kafadar. 2017. "Letter-Value Plots: Boxplots for Large Data". *Journal of Computational and Graphical Statistics* 26 (3): 469–77. <https://doi.org/10.1080/10618600.2017.1305277>.
- Hintze, Jerry L, e Ray D Nelson. 1998. "Violin plots: a box plot-density trace synergism". *The American Statistician* 52 (2): 181–84.
- Hoaglin, David C, Frederick Mosteller, e John W Tukey. 1983. "Understanding robust and exploratory data anlysis". *Wiley series in probability and mathematical statistics*.
- Hyndman, Rob J., e Yanan Fan. 1996. "Sample Quantiles in Statistical Packages". *The American Statistician* 50 (4): 361–65. <https://doi.org/10.1080/00031305.1996.10473566>.
- Joanes, Derrick N, e Christine A Gill. 1998. "Comparing measures of sample skewness and kurtosis". *Journal of the Royal Statistical Society: Series D (The Statistician)* 47 (1): 183–89.
- Morettin, Pedro A, e Wilton O Bussab. 2010. *Estatística Básica*. Editora Saraiva.
- Tukey, John W et al. 1977. *Exploratory data analysis*. Vol. 2. Reading, MA.