Exploração e visualização de dados

Gilberto Pereira Sassi

Departamento de Estatística
Instituto de Matemática e Estatística

Sobre o curso

Preparando o ambiente

- Em casa, você pode usar:
  - colab.research.google.com/#create=true&language=r;
  - posit.cloud.
- No seu dia-a-dia, recomenda-se instalar o `R` com versão pelo menos `4.1`: 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 próposito 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`.

Porque usar 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).

Onde estudar fora de aula?

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.
- **Nível Iniciante:** ecoR.
- **Nível Iniciante:** analises-ecologicas.com.

Plataformas de ensino on-line

- **Datacamp:** datacamp.com
- **Dataquest:** 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.
- Conmsulte 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

```r
1 + 1
```

```
[1] 2
```

Substração

```r
2 - 1
```

```
[1] 1
```

Divisão

```r
3 / 2
```

```
[1] 1.5
```

Potenciação

```r
2^3
```

```
[1] 8
```

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`

Funções na linguagem R

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

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

$$\overbrace{\texttt{nome\_funcao}}^{\textit{nome da função}} \quad \overbrace{\texttt{(}}^{\textit{parênteses}} \quad \overbrace{\texttt{valor1,} \quad \texttt{valor2,}}^{\textit{argumentos posicionais}} \quad \overbrace{\texttt{nome1 = valor3,} \quad \texttt{nome2 = valor4}}^{\textit{argumentos nomeados}} \quad \overbrace{\texttt{)}}^{\textit{parênteses}}$$

example:

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

- 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_xlsx` do pacote `readxl`.

- **Tipo de dados:** caracter (`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

```r
class(1L)
```

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

Número real

```r
class(1.2)
```

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

Número complexo

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

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

Número lógico ou valor booleano

```r
class(TRUE)
```

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

Caracter ou *string*

```r
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

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

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

```r
nomes
```

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

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

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

```r
texto_vazio
```

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

Vetor de números reais

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

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

```r
vetor_real
```

```
[1] 0.20 1.35
```

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

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

```r
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
```

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

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

```r
vetor_real
```

```
[1] 1 2
```

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

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

```r
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
```

Crie os seguintes vetores:

1. $\begin{pmatrix} 0,1 & 0,2 & 0,3 & 0,4 & 0,5 \end{pmatrix}$
2. $\begin{pmatrix} TRUE & TRUE & FALSE \end{pmatrix}$
3. $\begin{pmatrix} "Marx" & "Engels" & "Lênin" \end{pmatrix}$
4. $\begin{pmatrix} 1 & 2 & 3 \end{pmatrix}$

Operações com vetores númericos (`double`, `integer` e `complex`).

- Operações básicas (operação, substração, 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 númericos)

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

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

Substração (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
```

Realize as seguintes operações envolvendo vetores:

1. $\begin{pmatrix}1 & 2 & 3\end{pmatrix} + \begin{pmatrix}0,1 & 0,05 & 0,33\end{pmatrix}$
2. $\begin{pmatrix}1 & 2 & 3\end{pmatrix} - \begin{pmatrix}0,1 & 0,05 & 0,33\end{pmatrix}$
3. $\begin{pmatrix}1 & 2 & 3\end{pmatrix} * \begin{pmatrix}0,1 & 0,05 & 0,33\end{pmatrix}$
4. $\begin{pmatrix}1 & 2 & 3\end{pmatrix} / \begin{pmatrix}0,1 & 0,05 & 0,33\end{pmatrix}$

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

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

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

Matriz de números reais

```r
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 númericas (`double`, `integer` e `complex`).

- Operações básicas (operação, substração, 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,] 1.2547510 2.667904
[2,] 0.8904791 3.099431
```

Subtração

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

```
           [,1]     [,2]
[1,]  0.7452490 1.332096
[2,] -0.8904791 2.900569
```

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,] 0.254751 1.3358077
[2,] 0.000000 0.2982922
```

Multiplicação de matrizes

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

```
         [,1]      [,2]
[1,] 2.035709 0.8667653
[2,] 2.671437 0.2982922
```

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

```r
det(matriz_a)
```

```
[1] 3
```

Solução de sistema de equações lineares

```r
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.

```r
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 %o% B`	produto diádico $A \cdot B^T$
`crossprod(A, B)`	$A \cdot B^T$
`crossprod(A)`	$A \cdot A^T$
`diag(x)`	retorna uma matrix diagonal com diagonal igual a `x`
`diag(A)`	retorna um vetor com a diagona de A
`diag(k)`	retorna uma matriz diagona de ordem k

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 $\begin{pmatrix} 1 & 2 \\ 1 & -2 \end{pmatrix}$.

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
```

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 2×2

- *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"
```

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`.

```r
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.	`is.na()`
`NaN`	Resultado do cálculo indefinido.	`is.nan()`
`Inf`	Valor que excede o valor máximo que sua máquina aguenta.	`is.inf()`
`NULL`	Valor indefinido de expressões e funções (diferente de `NaN` e `NA`)	`is.null()`

Operações básicas em um `tibble`

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

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

```
# A tibble: 2 x 2
  nome   idade
  <chr>  <dbl>
1 Marx      22
2 Engels    23
```

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

```
# A tibble: 2 x 2
  nome         idade
  <chr>        <dbl>
1 Lênin           24
2 Olga Benário    30
```

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: `^`.

Estrutura de diretórios

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`
- Parêmetros 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`

```r
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
```

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')`).
- Parêmetros 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`

```r
dados_mtcarros <- read_csv2("dados/brutos/mtcarros.csv")
dados_mtcarros <- clean_names(dados_mtcarros)
glimpse(dados_mtcarros)
```

```
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, 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,~
```

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')`).
- Parêmetros 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,
```

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")
```

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)
```

```r
log(sqrt(sum(x^2)))
```

é exatamente a mesma coisa que executar

```r
x^2 |> sum() |> sqrt() |> log()
```

Fazendo um bolo

Exemplo adaptado de 6.1 O operador pipe.

Para cozinhar o bolo precisamos usar as seguintes funções:

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

Fazendo um bolo

- Passo 1:

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

- Passo2:

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

- Passo3:

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

- Passo4:

```
acrescente(
  acrescente(
    acrescente(
      acrescente(
        "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

- **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 entrevistas pelo datafolha.

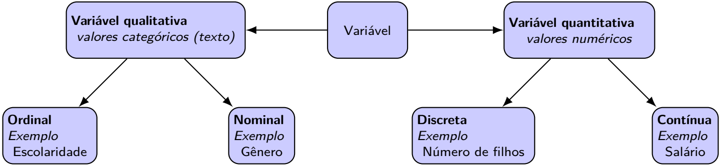


Figura 1: Classificação de variáveis.

Tabela

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.

- **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

```r
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%
```

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)

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 $\{x_1, \ldots, x_k\}$ são os números que são valores únicos de X na amostra.

Tabela de distribuição de frequências
Variável quantitativa discreta

```
dados_mtcarros <- read_csv2("dados/brutos/mtcarros.csv")
tab <- tabyl(dados_mtcarros, 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).

`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	$f_1 = \frac{n_1}{n_1 + \cdots + n_k}$	$p_1 = f_1 \cdot 100$
$[l_1, l_2)$	n_2	$f_2 = \frac{n_2}{n_1 + \cdots + n_k}$	$p_2 = f_2 \cdot 100$
$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$
$[l_{k-1}, l_k]$	n_k	$f_k = \frac{n_k}{n_1 + \cdots + n_k}$	$p_k = f_k \cdot 100$

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

Recomendações:

- use $l_0, l_1, \cdots, l_k$ 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 $k = \lceil 1 + \log 2(n) \rceil$.

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` inclue o valor à esquerda no intervalo;
- `right` - se `TRUE` inclue 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.

```r
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, 
$ especies               <chr> "setosa", "setosa", "setosa", "setosa", 
$ comprimento_sepala_int <fct> "[4.81,5.33)", "[4.81,5.33)", "[4.3,4.81
```

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%

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): $l_0, l_1, \ldots, l_k$ são igualmente espaços 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:

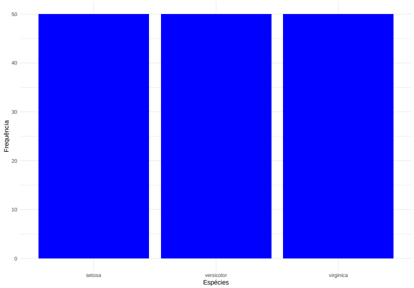
- Temas adicionais para o pacote ggplot2: ggthemes.
- Gráfico de matriz de correlação: ggcorrplot.
- Gráfico quantil-quantil: qqplotr.

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 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()
```



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).

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 `mtcarros`.

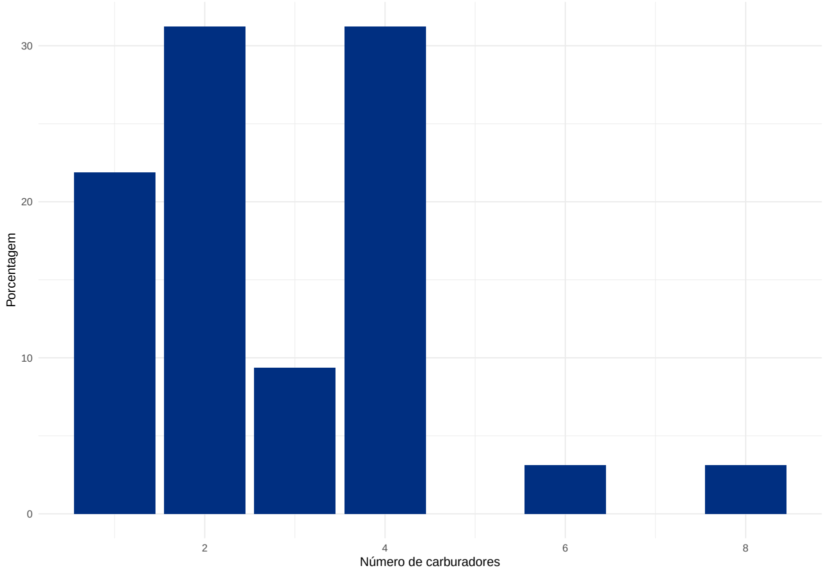
```
tab <- tabyl(dados_mtcarros, carburadores) |>
  adorn_totals() |>
  adorn_pct_formatting(digits = 2) |>
  rename(
    "Número de carburadores" = carburadores,
    "Frequência (absoluta)" = n,
    "Porcentagem" = percent
  )
tab
```

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



Porcentagem
30
20
10
0
2
4
6
8
Número de carburadores

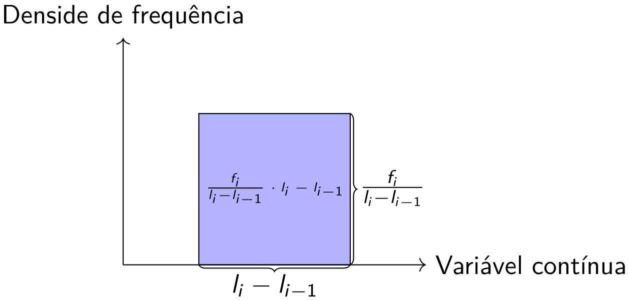
Gráfico de barras
Variável quantitativa discreta
Exercício

- 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.

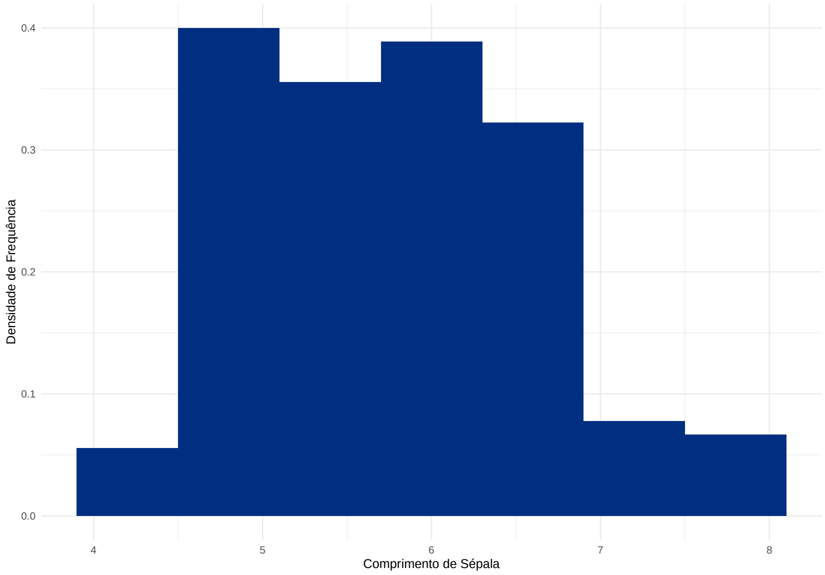
Para variávieis quantitativas contínuas, geralmente não construímos gráficos de barras, e sim uma figura geométrica chamada de *histograma*.

- O histograma é um gráfico de barras contíguas em que a área de cada barra é igual à frequência relativa.
- Cada faixa de valor $[l_{i-1}, l_i), i = 1, \ldots, n$, será representada por um barra com área $f_i, i = 1, \ldots, n$.
- 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.



```r
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"
  )
```

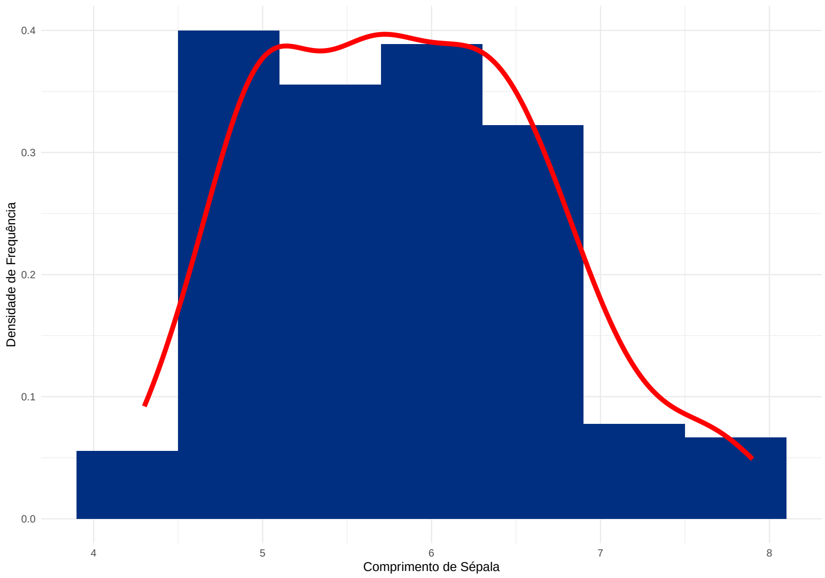


0.4
0.3
0.2
0.1
0.0
Densidade de Frequência
4
5
6
7
8
Comprimento de Sépala

- 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.

- 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"
  )
```



Densidade de Frequência
0.4
0.3
0.2
0.1
0.0
4
5
6
7
8
Comprimento de Sépala

- 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 resumo

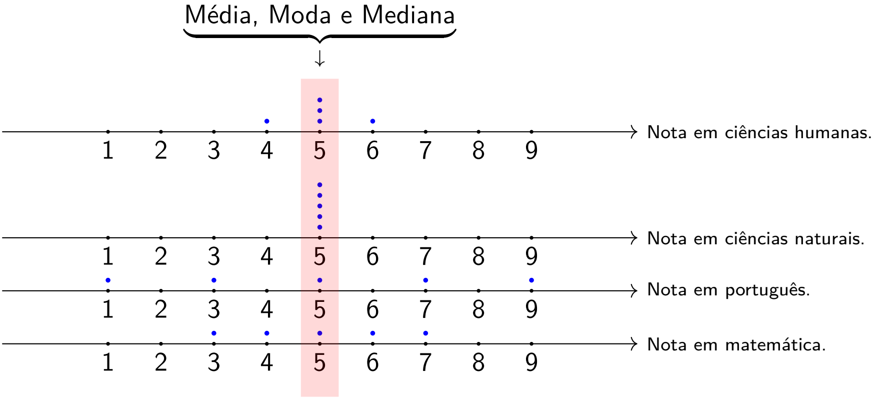
A ideia é encontrar um ou alguns valores que sintetizem todos os valores.

Medidas de posição (tendência central)

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

- **Média:** $\overline{x} = \dfrac{x_1 + \cdots + x_n}{n}$.
- **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% maoires:
        - 50% dos valores x_i satisfazem: $x_i \leq$ Mediana;
        - 50% dos valores x_i satisfazem: $x_i \geq$ Mediana.

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:** $s^2 = \dfrac{(x_1 - \overline{x})^2 + \cdots + (x_n - \overline{x})^2}{n-1}$.
- **Desvio padrão:** $s = \sqrt{s^2}$ (mesma unidade dos dados).
- **Coeficiente de variação** $cv = \dfrac{s}{\overline{x}} \cdot 100\%$ (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
```

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

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

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`

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

```r
(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 $f_i = \frac{p - \frac{i}{n}}{\frac{1}{n}}$.

```r
(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.

- $m = fracp4 + \frac{3}{8}$;
- $j = \lfloor p \cdot n + m \rfloor$;
- $g = p \cdot n + m - \lfloor p \cdot n + m \rfloor$;
- $\gamma = g$.

```
(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 `salario`.

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.

```r
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 espeficando a profundadidade.
- Para variáveis quantitativas contínuas, a área a abaixo ou acima (área da cauda) dos valores de letras são aproximadamente potências de $\frac{1}{2}$.

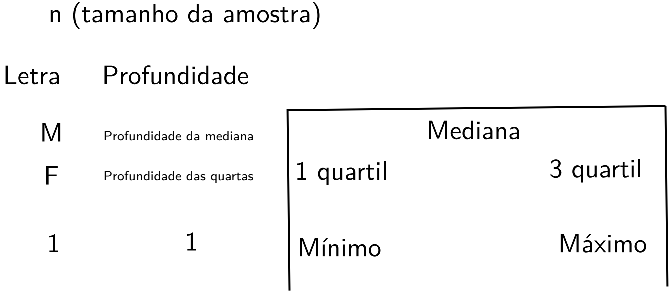
Tabela 11: Definição de valores de letras.

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



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

- 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 $X_i \overset{\text{iid}}{\sim} F$ e considere as estatísticas de ordem $X_{(1)}, \ldots, X_{(n)}$.

Então $F(X_i) \sim U(0,1)$, e $U_{(i)} = F(X_{(i)}), i = 1, \ldots, n$ 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 $f_{U_{(i)}}(x) = \frac{n!}{(i-1)!(n-r)!} x^{i-1} (1-x)^{n-i}$;
3. $\mathrm{E}[U_{(i)}] = \frac{i}{n+1}$;
4. $\mathrm{E}[U_{(i)} - U_{(i-1)}] = \frac{1}{n+1}$.

Em média, temos que:

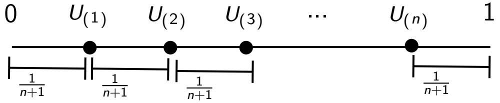


Figura 6: Representação da distância média entre $U_{(i)}$ e $U_{(i-1)}$ para $i = 1, \ldots, n+1$, onde $U_{(0)} = 0$ e $U_{(n+1)} = 1$.

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

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

- **Pacote:** `lettervalue`
- Parêmetros das funções `letter_value`
  - `x`: vetor numérico.
  - `level`: indicação da profundadidade do diagrama de resumo (valores entre 2 e 9). Valor padrão é 2.
  - `na_rm`: argumento booleano. Por padrão, os valores faltantes são retirados.

```r
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 |
```

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           268.            71990. <dbl [11]>
```

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:
  - $LS = 1,5 \cdot (q_3 - q1) + q_3$;
  - $LS = -1,5 \cdot (q_3 - q1) + q_1$.

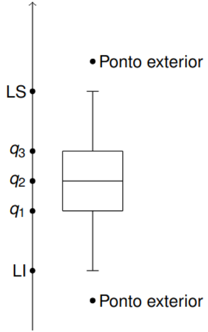
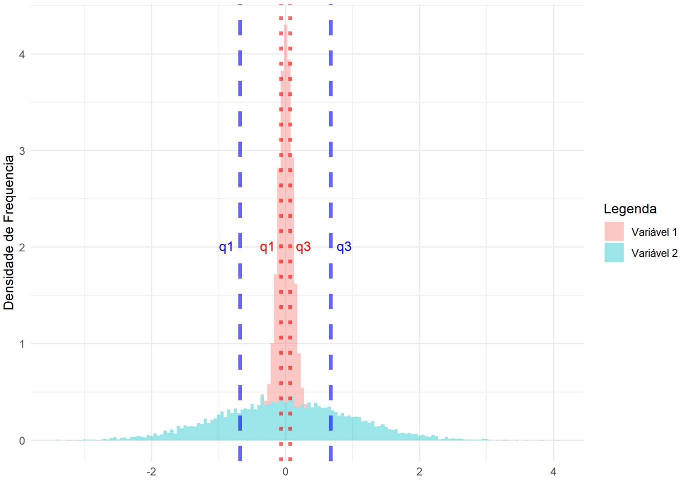


Diagrama de caixa (ou *boxplot*)

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: $q_2 - q_1 > q_3 - q_2$

Assimetria

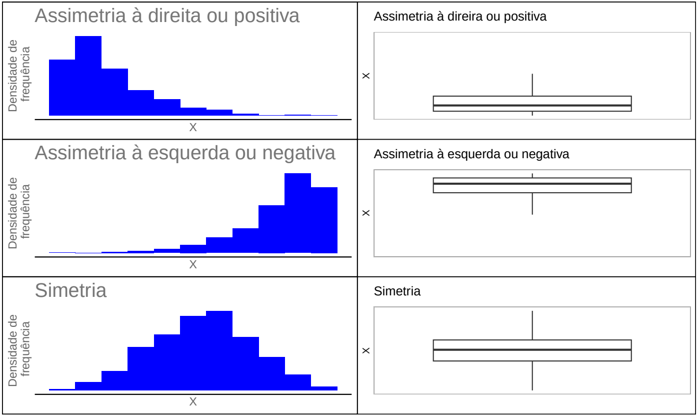
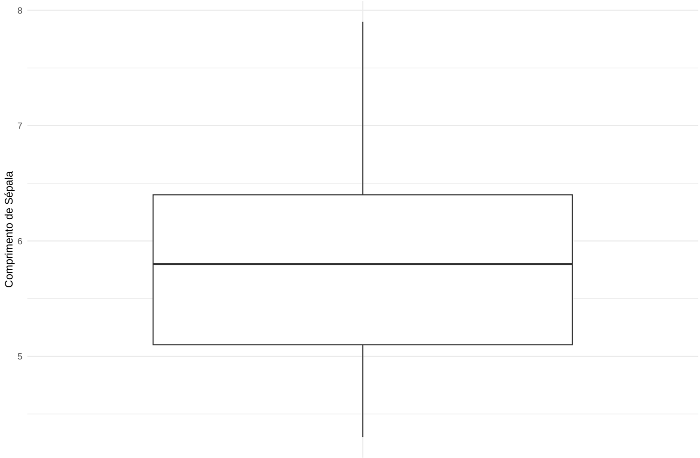

Assimetria à direita ou positiva
Densidade de frequência
X
Assimetria à direira ou positiva
X
Assimetria à esquerda ou negativa
Densidade de frequência
X
Assimetria à esquerda ou negativa
X
Simetria
Densidade de frequência
X
Simetria
X

Diagrama de caixa (ou *boxplot*)

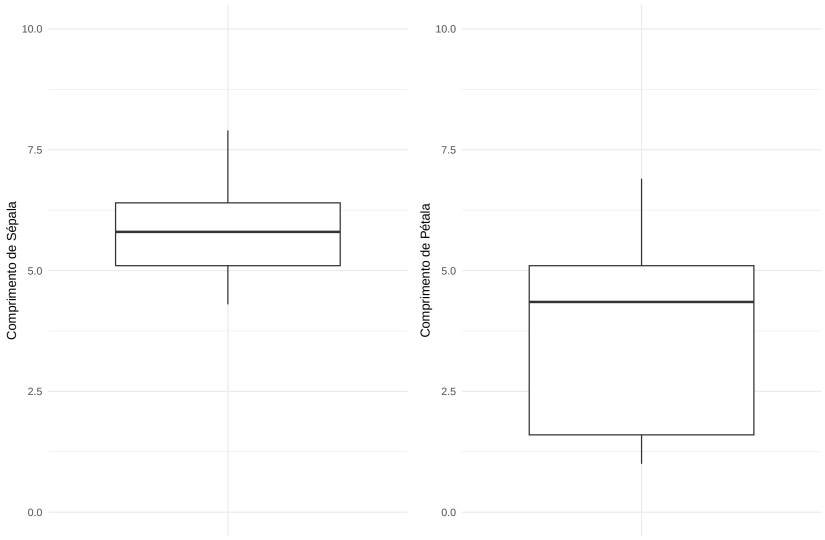
```
ggplot(dados_iris) +
  geom_boxplot(aes(x = "", y = comprimento_sepala)) +
  labs(x = "", y = "Comprimento de Sépala") +
  theme_minimal()
```



Gráficos lado a lado com patchwork

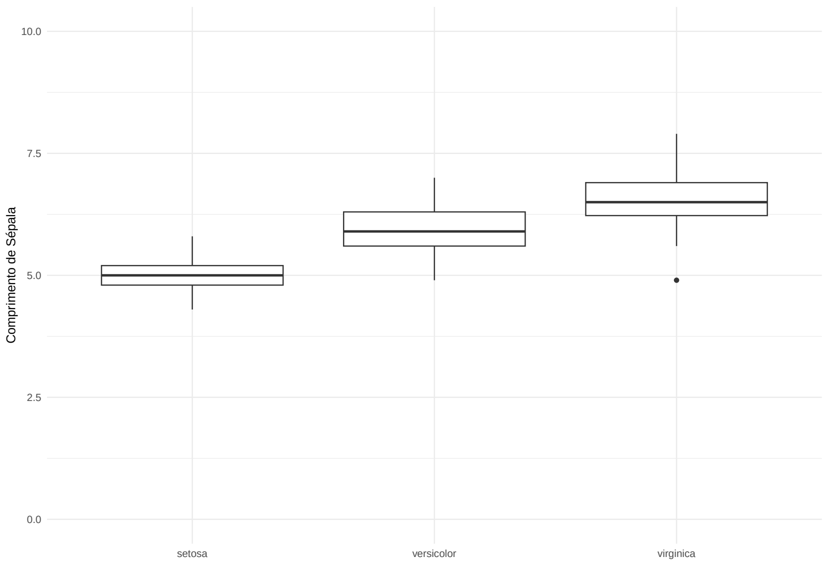
- patchwork permite que colocar gráficos lado a lado com
  - +: figuras ao lado
  - \: figuras embaixo
- Para mais detahes, visite a documentação do patchwork

```
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
```


10.0
7.5
5.0
2.5
0.0
Comprimento de Sépala
10.0
7.5
5.0
2.5
0.0
Comprimento de Pétala

Se adicionarmos uma variável qualitativa em `aes(x = <variável qualitativa>)`, construimos 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()
```


10.0
7.5
5.0
2.5
0.0
Comprimento de Sépala
setosa
versicolor
virginica

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 `tp_sexo`.
- construa o diagrama de caixa para as variável `nu_nota_mt` cada valor de `tp_tipo_escola`.

Medidas de assimetria

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:

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

Método implementado pelo MINITAB:

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

- 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 simplificidade;
- 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

Podemosa 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).

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

```
[1] 0.3783784
```

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

```
[1] 3.183879
```

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

```
[1] 3.218217
```

```r
# 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 exterioes*, 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 simplificidade;
- 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.

```r
p_load(e1071)

# g_2
kurtosis(rivers, type = 1)
```

```
[1] 13.29813
```

```r
# G_2
kurtosis(rivers, type = 2)
```

```
[1] 13.82581
```

```r
# 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.
- Recomanda-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 $x_1 \, dots, x_n$ 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

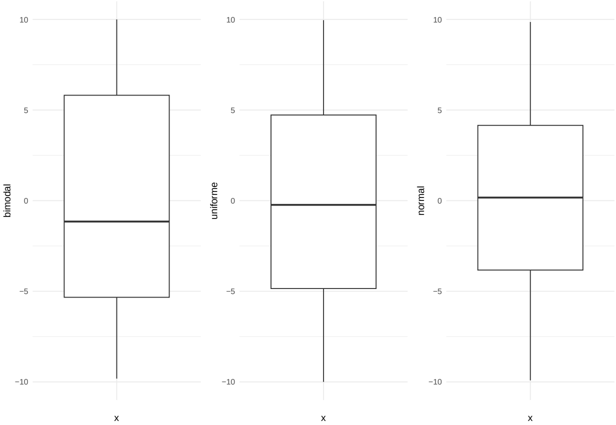
$$f(x) = 0,5 \cdot f_X(20 \cdot x - 10) + 0,5 \cdot f_Y(20 \cdot x - 10),$$

  onde $X \sim Beta(2; 6)$ e $Y \sim Beta(2; 0,8)$. Esta distribuição é bimodal.
- Vamos amostrar valores da distribuição uniforme $X \sim U[-10, 10]$.
- Vamos amostrar valores da distribuição normal $X \sim N(0, 54, 95)$.

```r
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))
)
```

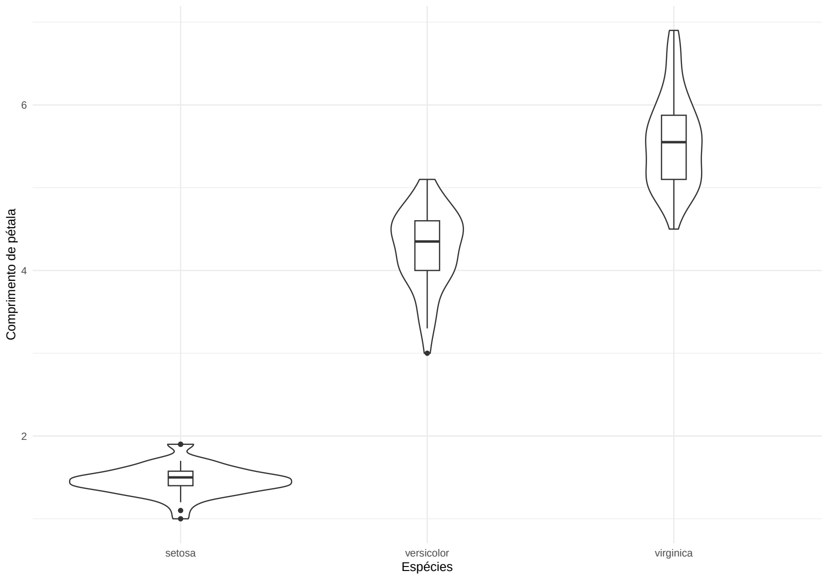
```r
bimodal <- ggplot(dados, aes(x = "")) +
  geom_boxplot(aes(y = bimodal)) + theme_minimal() +
  ylim(c(-10, 10))
uniforme <- ggplot(dados, aes(x = "")) +
  geom_boxplot(aes(y = uniforme)) + theme_minimal() +
  ylim(c(-10, 10))
normal <- ggplot(dados, aes(x = "")) +
  geom_boxplot(aes(y = normal))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



6
4
2
Comprimento de pétala
setosa
versicolor
virginica
Espécies

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.

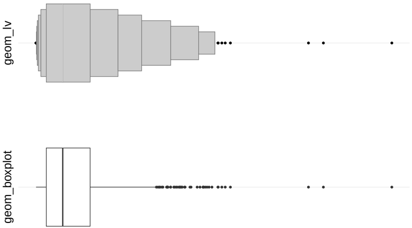


Figura 7: `geom_lv` versus `geom_boxplot`.

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):

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

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

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

onde LV_i é o valor de letra de nível i, ϕ é a função densidade de probabilidade da distribuição normal padrão e Φ 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 $\frac{1}{2^i}$.

LV plot

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
  $20 \leq$ tamanho da amostra ≤ 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 divido 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 ingles *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:

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

  em que $R = \max\{x_1, \ldots, x_n\} - \min\{x_1, \ldots, x_n\}$ 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:

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

- **Profundidade de** x**:**

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

- Inclua a esquerda da coluna de ramos uma coluna de profundadidade.
- 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 diantes. 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
LO: 22.9
   6    26 | 36899
   9    27 | 566
  (6)   28 | 044588
   6    29 | 49
   4    30 | 03
   2    31 | 28
```

Ramos-e-folhas back-to-back

- 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.

```r
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.

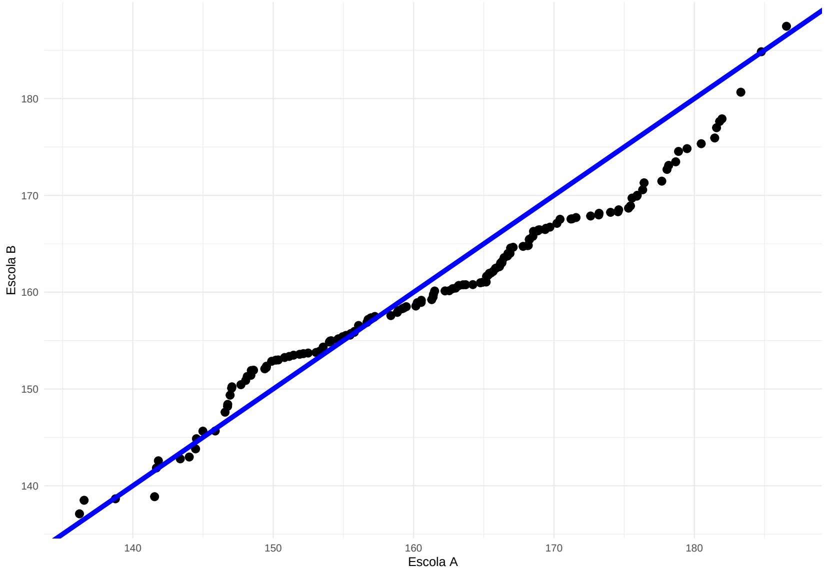
- Considere duas variáveis quantitativas X e Y com
  - $X \quad : x_1, \ldots, x_n$;
  - $Y \quad : y_1, \ldots, y_m$.
- Considere os quantis de X e Y:
  - $x_{(1)}, \ldots, x_{(n)}$;
  - $y_{(1)}, \ldots, y_{(m)}$.
- Se $m = n$, cada par $(x_(j), y_{(j)}), \forall j = 1, \ldots, n$ desenhamos um ponto no plano cartesiano.
- Se $m < n$, cada par $(q_{(\frac{j}{m})}, x_{(m)}), \forall j = 1, \ldots, m$ desenhamos 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.

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

```r
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")
```



180
170
160
150
140
Escola B
140
150
160
170
180
Escola A

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")
```

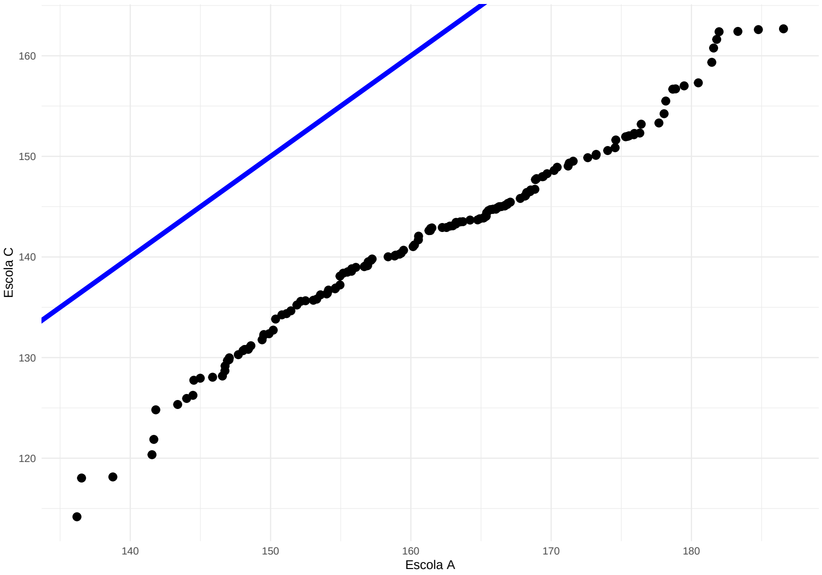

160
150
140
130
120
Escola C
140
150
160
170
180
Escola A

Gráfico quantil-quantil checando normalidade

- Seja X uma variável quantitativa com amostra $x_1, \ldots, x_n$;
- Considere as estatísticas de ordem: $x_{(1)}, \ldots, x_{(n)}$;
- Considere os valores padronizados: $z_{(j)} = \frac{x_{(i)} - \bar{x}}{s}, \forall i = 1, \ldots, n$;
- Considere os quantis da distribuição normal: $q_{(i)} = \Phi^{-1}\left(\frac{i-0.5}{n}\right), \forall i = 1, \ldots, n$;
- Para cada par $\left(x_{(i)}, q_{(i)}\right), \forall i = 1, \ldots, n$, desenhamos 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.

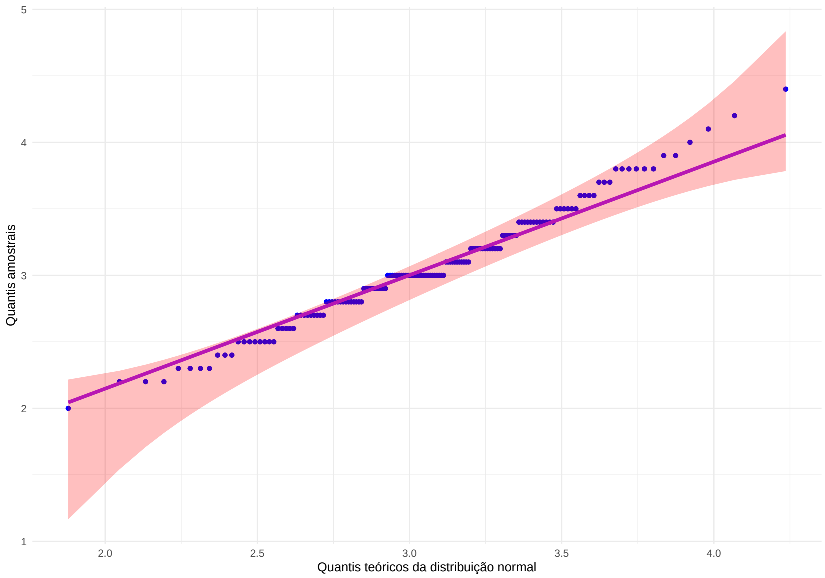
Vamos checar se a variável `largura_sepala` no conjunto de dados `iris.xlsx` tem distribuição normal.

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.

```r
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"
  )
```



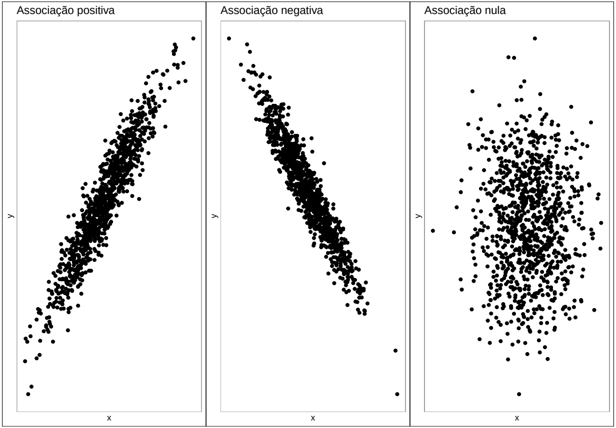
5
4
3
2
1
Quantis amostrais
2.0
2.5
3.0
3.5
4.0
Quantis teóricos da distribuição normal

- 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

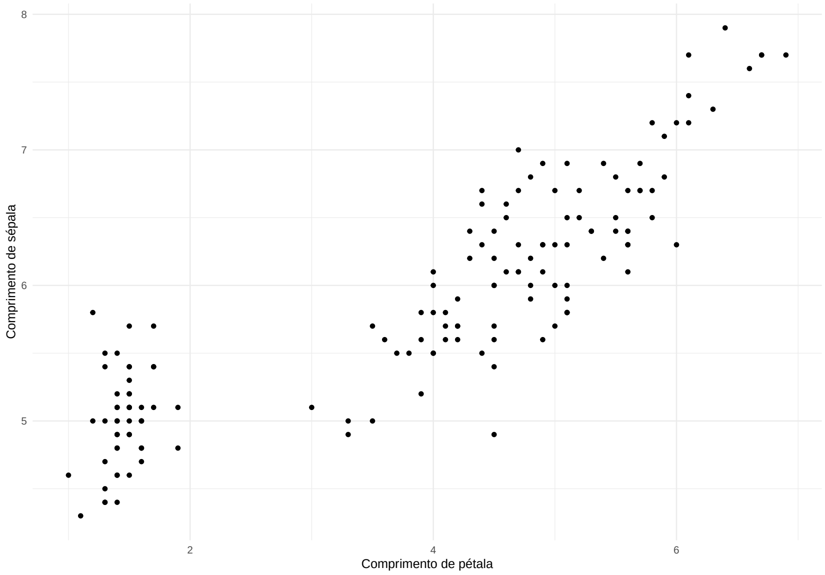
Associação entre duas variáveis quantitativas

Ideia: estudar a associação entre duas variáveis quantitativas.



Associação entre duas variáveis quantitativas gráfico de dispersão

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



8
7
6
5
Comprimento de sépala
2
4
6
Comprimento de pétala

Associação entre duas variáveis quantitativas exercício

- Para o conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, calcule o coeficiente de correlação linear entre as variáveis `nu_nota_mt` e `nu_nota_cn`.
- Para o conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, calcule o coeficiente de correlação linear entre as variáveis `nu_nota_mt` e `nu_nota_lc`.

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 quantitativas coeficiente de correlação linear de Pearson

Suponha que temos uma amostra duas variáveis quantitativas:

- $X: \quad x_1, \ldots, x_n$
- $Y: \quad y_1, \ldots, y_n$

Ao padronizarmos os valores de X e Y, os seguintes comportamentos vão ocorrer:

- A maioria dos pontos vão estar no primeiro e no terceiro quadrantes do plano cartesiano se, e somente se, X e Y estão positivamente associados.
- A maioria dos pontos vão estar no segundo e no quadrante quadrantes do plano cartesiano se, e somente se, X e Y estão negativamente associados.
- Os pontos vão estar igualmente distribuídos nos quadrantes do plano cartesiano se, e somente se, X e Y não estão associados.

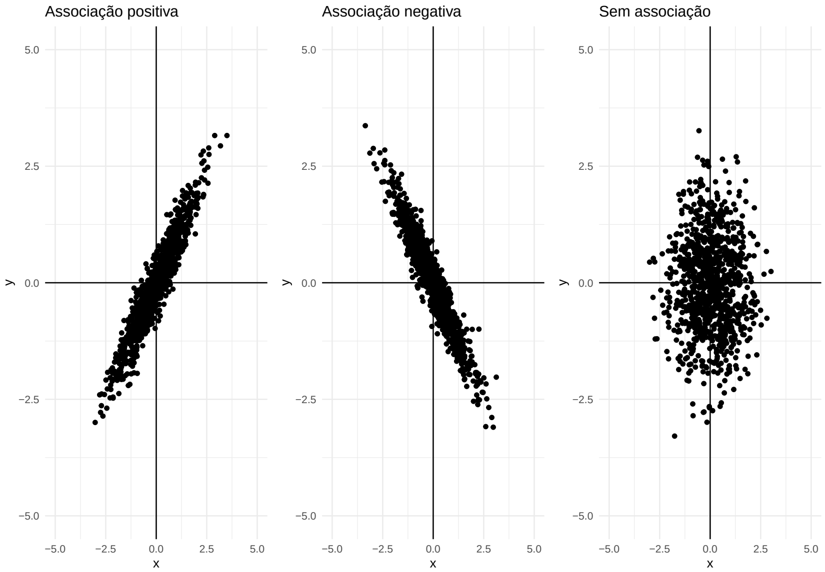


Figura 8: Comportamento do gráfico de dispersão para as variáveis quantitativas padronizadas na presença de associação positiva, associção negativa e sem associação.

Associação entre duas variáveis quantitativas
coeficiente de correlação linear de Pearson

Note que:

- X e Y são positivamente associadas:
  a. A maioria dos pontos estão no primeiro e no terceiro quadrantes
  b. A maioria das multiplicações das coordenadas são positivas
- X e Y são positivamente associadas:
  a. A maioria dos pontos estão no segundo e no quadrante quadrantes
  b. A maioria das multiplicações das coordenadas são negativas
- X e Y não são associadas:
  a. Os pontos estão igualmente distribuídos nos quadrantes
  b. As multiplicações das coordenadas estão divididas entre positivas e negativas

---

Ideia: pegar a média das multiplicações das coordenadas:

$$r = \frac{\left(\frac{x_1 - \bar{x}}{s_x}\right) \cdot \left(\frac{y_1 - \bar{y}}{s_y}\right) + \cdots + \left(\frac{x_n - \bar{x}}{s_x}\right) \cdot \left(\frac{y_n - \bar{y}}{s_y}\right)}{n},$$

onde s_x é o desvio padrão de X e s_y é o desvio padrão de Y.

Para calcular o coeficiente de correção linear de Pearson, usamos as funções `cor` e `cor.test` (não é necessário instalar pacote).

```
dados_iris |>
  summarise(correlacao = cor(comprimento_petala, comprimento_sepala))
```

```
# A tibble: 1 x 1
  correlacao
       <dbl>
1      0.872
```

```
cor.test(dados_iris$comprimento_sepala, dados_iris$comprimento_petala)
```

```

	Pearson's product-moment correlation

data:  dados_iris$comprimento_sepala and dados_iris$comprimento_petala
t = 21.646, df = 148, p-value < 2.2e-16
alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 0.8270363 0.9055080
sample estimates:
      cor
0.8717538
```

- Para o conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, calcule o coeficiente de correlação linear entre as variáveis `nu_nota_mt` e `nu_nota_cn`.
- Para o conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, calcule o coeficiente de correlação linear entre as variáveis `nu_nota_mt` e `nu_nota_lc`.

Ideia

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

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

Desejamos estudar a associação entre X e Y.

Associação entre X e Y

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

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

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.

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

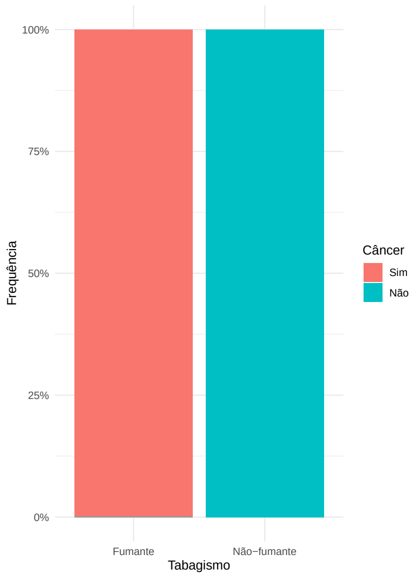
Precisamos de uma referência e podemos calcular a frequência relativa ao total das colunas ou total das linhas. Neste exemplo, vamos usar o total das linhas.

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

	Câncer (Y)		
Tabagismo (X)	Não	Sim	Total
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 indvíduo ter câncer é 100%.


100%
75%
50%
25%
0%
Frequência
Fumante
Não−fumante
Tabagismo
Câncer
Sim
Não
200
150
100
50
0
Frequência
Fumante
Não−fumante
Tabagismo
Câncer
Sim
Não

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.

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

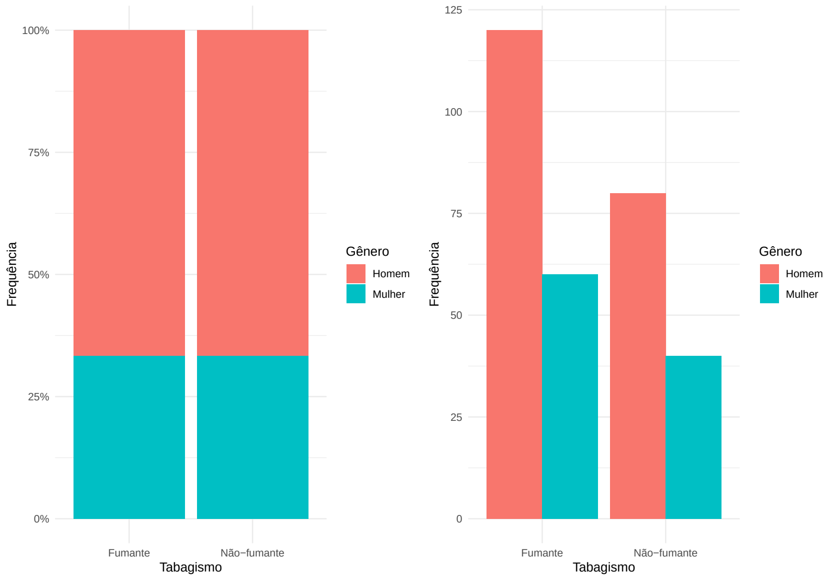
Precisamos de uma referência e podemos calcular a frequência relativa ao total das colunas ou total das linhas. Neste exemplo, vamos usar o total das colunas.

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

	Gênero (Y)		
Tabagismo (X)	Homem	Mulher	Total
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	$\frac{200}{200} \cdot 100 = 100\%$	$\frac{100}{100} \cdot 100 = 100\%$	$\frac{300}{300} \cdot 100 = 100\%$

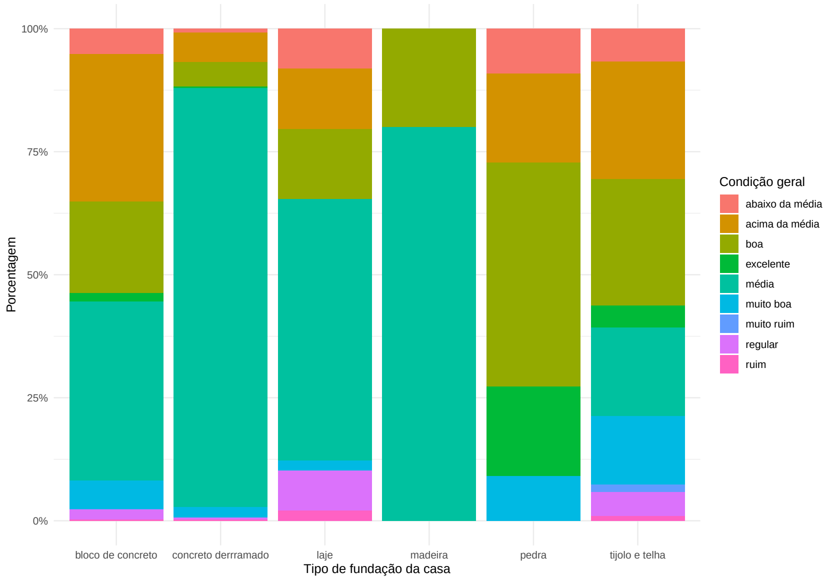
Note que a probabilidade de um indivíduo ser Fumante é 40%, mas

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


100%
75%
50%
25%
0%
Frequência
Fumante
Não−fumante
Tabagismo
Gênero
Homem
Mulher
125
100
75
50
25
0
Frequência
Fumante
Não−fumante
Tabagismo
Gênero
Homem
Mulher

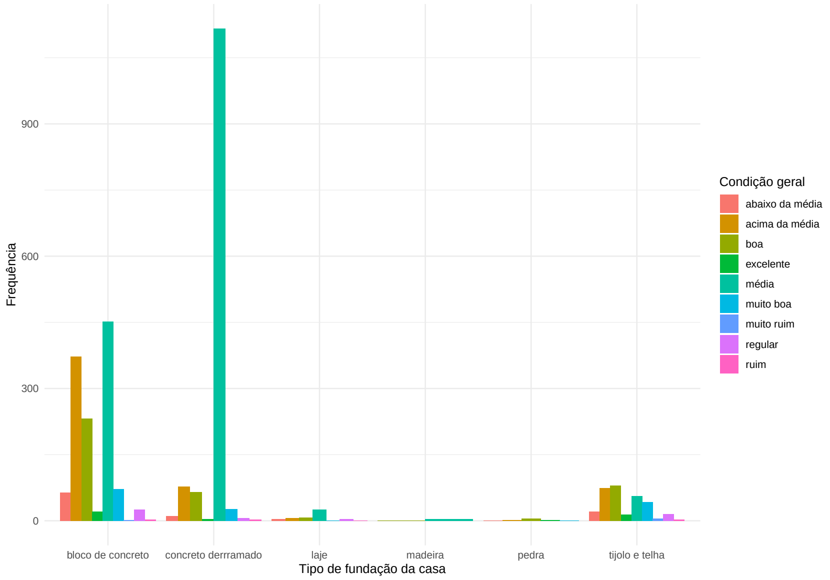
Vamos checar a associação entre `fundacao_tipo` e `geral_condicao`.

```
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()
```


100%
75%
50%
25%
0%
Porcentagem
bloco de concreto
concreto derrramado
laje
madeira
pedra
tijolo e telha
Tipo de fundação da casa
Condição geral
abaixo da média
acima da média
boa
excelente
média
muito boa
muito ruim
regular
ruim

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()
```


Frequência
900
600
300
0
bloco de concreto
concreto derrramado
laje
madeira
pedra
tijolo e telha
Tipo de fundação da casa
Condição geral
abaixo da média
acima da média
boa
excelente
média
muito boa
muito ruim
regular
ruim

- Verifique se existe associação entre as variáveis q006 e `tp_cor_raca` do conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx` usando gráfico de gráficos 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 gráficos usando o `position=dodge`.

Propriedade quando duas variáveis qualitativas não estão associadas.

Tabela 23: Tabela de contingência: frequência observada.

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

Tabela 24: Tabela de contingência: frequência esperada.

	Gênero		
Tabagismo	Homem	Mulher	Total
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:

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

com tabela de contingência conforme tabela abaixo

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

em que

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

Se X e Y não estão associadas, temos que
$n_{ij}^{\star} = n_{ij}, \quad i = 1, \ldots, r, j = 1, \ldots, s$. Note que se,

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

então calculamos uma medida chamada qui-quadrado

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

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

Seja $k = \min\{\text{número de linhas}, \text{número de colunas}\}$ (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:** $C = \sqrt{\frac{\chi^2}{k \cdot n}}$.

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)`.

```r
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
```

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

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.

Suponha que temos duas variáveis qualitativas ordinais:

- `escolaridade`: `ensino fundamental`, `ensino médio` e `ensino superior` com `ensino fundamental` $<$ `ensino médio` $<$ `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 concordantes 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`

- 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:

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

γ é chamado de *Coeficiente Gama de Goodman-Kruskal*.

- $\gamma > 0$ 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.

Como calcular γ 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 disconcordantes 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.

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.

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`.

```r
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
```

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

```
    gamma    lwr.ci    upr.ci
0.5638367 0.5548132 0.5728602
```

- 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
```

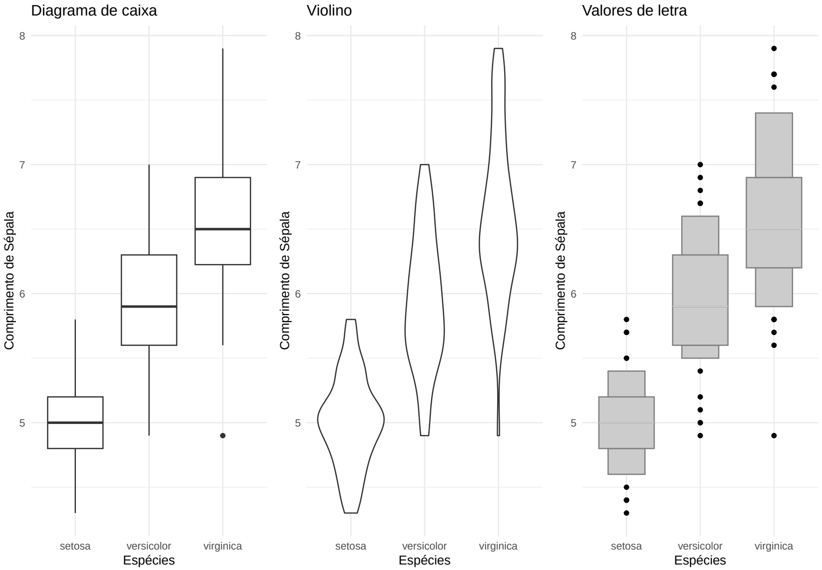


Diagrama de caixa
Violino
Valores de letra
8
7
6
5
Comprimento de Sépala
setosa
versicolor
virginica
Espécies

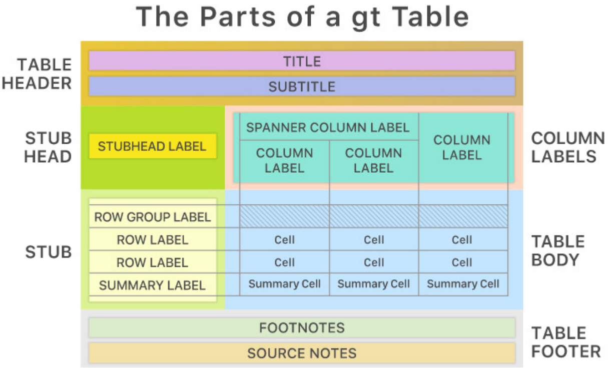
- Para o conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, compare a variável `nu_nota_mt` por raça (`tp_cor_raca`).
- Para o conjunto de dados `amostra_enem_salvador.xlsx`, compare a variável `nu_nota_cn` por raça (`tp_cor_raca`).
- Coloque os dois gráficos acima lado a lado usando o pacote `patchwork`.

Números índices

Customizando tabelas usando 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.



Para mais detalhes, visite documentação do 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")
```

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`.

- `tab_source`: inclusão de _fonte de dados_dentes

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

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
Espécies principais						
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: Elboração 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

		Dispersão		Quantis		
especies	m_petala	dp_petala	cv_petala	q1_petala	q2_petala	q3_petala
Espécies principais						
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: Elboração própria.

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

- `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

	Dispersão		Quantis			
especies	dp_petala	cv_petala	q1_petala	q2_petala	q3_petala	m_petala
Espécies principais						
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: Elboração própria.

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

	Dispersão		Quantis			
Espécies	Desvio padrão	CV	*Q1*	*Q2*	*Q3*	Média
Espécies principais						
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: Elboração própria.

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

`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

	Dispersão		Quantis			
Espécies	Desvio padrão	CV	*Q1*	*Q2*	*Q3*	Média
Espécies principais						
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: Elboração própria.

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

Bibliografia

Referências

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.