Curso de Programação Estatística

Andressa Cerqueira, Danilo Lourenço Lopes, Rafael Izbicki, Thiago Ramos

2024-11-04

Table of contents

Curso de Programação Estatística

Objetivo Geral

Este curso visa explorar o impacto das representações numéricas nos resultados de algoritmos de análise estatística. O foco será na programação, visualização e preparação de dados, além de discutir tópicos importantes como aleatoriedade, pseudoaleatoriedade, erros de truncamento e arredondamento, entre outros. O curso inclui ainda uma introdução à inferência por simulação estocástica, utilizando métodos como Monte Carlo e integrações numéricas. O material do curso foi amplamente baseado nas discussões apresentadas em Ross (2006).

Este livro apresenta códigos tanto em R quanto em Python

Autores: Andressa Cerqueira, Danilo Lourenço Lopes, Rafael Izbicki, Thiago Rodrigo Ramos

1 Breve introdução ao Python

Aqui faremos uma breve introdução ao Python. Para uma introdução mais detalhada, você pode explorar: - Documentação Oficial do Python - Real Python

1.1 Variáveis e Tipos de Dados

Em Python, variáveis são usadas para armazenar informações que podem ser manipuladas ao longo do código. Existem diferentes tipos de dados que podem ser atribuídos a uma variável. Vamos explorar os principais tipos básicos em Python: `int`, `float`, `str`, `bool`, e `None`.

```
## Exemplo de variáveis e tipos de dados
nome = "Thiago"              ## String
idade = 35                   ## Inteiro (int)
saldo_bancario = 1023.75      ## Float
estudante = True              ## Booleano (bool)
endereco = None               ## None, indicando ausência de valor

## Usando o método .format() para formatar a string
print("Nome: {} (Tipo: {})".format(nome, type(nome)))
print("Idade: {} (Tipo: {})".format(idade, type(idade)))
print("Saldo Bancário: {} (Tipo: {})".format(saldo_bancario, type(saldo_bancario)))
print("Estudante: {} (Tipo: {})".format(estudante, type(estudante)))
print("Endereço: {} (Tipo: {})".format(endereco, type(endereco)))
```

```
Nome: Thiago (Tipo: <class 'str'>)
Idade: 35 (Tipo: <class 'int'>)
Saldo Bancário: 1023.75 (Tipo: <class 'float'>)
Estudante: True (Tipo: <class 'bool'>)
Endereço: None (Tipo: <class 'NoneType'>)
```

1.1.1 f-strings: Formatação de Strings em Python (*)

Introduzidas na versão Python 3.6, as f-strings (ou "formatted string literals") são uma forma eficiente e legível de formatar strings, permitindo a inclusão de expressões e variáveis diretamente dentro de uma string.

A sintaxe das f-strings utiliza a letra f antes da string e permite a inclusão de expressões dentro de chaves {}. Essas expressões são avaliadas em tempo de execução, e seus resultados são inseridos na string.

```
## Usando f-strings para formatar a string
print(f"Nome: {nome} (Tipo: {type(nome)})")
print(f"Idade: {idade} (Tipo: {type(idade)})")
print(f"Saldo Bancário: {saldo_bancario} (Tipo: {type(saldo_bancario)})")
print(f"Estudante: {estudante} (Tipo: {type(estudante)})")
print(f"Endereço: {endereco} (Tipo: {type(endereco)})")
```

```
Nome: Thiago (Tipo: <class 'str'>)
Idade: 35 (Tipo: <class 'int'>)
Saldo Bancário: 1023.75 (Tipo: <class 'float'>)
Estudante: True (Tipo: <class 'bool'>)
Endereço: None (Tipo: <class 'NoneType'>)
```

1.2 O Comando help() em Python

Python possui uma função embutida chamada help(), que é muito útil para obter informações sobre funções, módulos, objetos, e classes. Ele fornece uma explicação detalhada de como determinado elemento funciona, quais parâmetros aceita e o que retorna, entre outros detalhes. Essa função é especialmente útil quando você está começando ou precisa de uma rápida referência sem ter que sair do ambiente de desenvolvimento.

```
help(len)
```

```
Help on built-in function len in module builtins:

len(obj, /)
    Return the number of items in a container.
```

```
def exemplo():
    """Esta é uma função de exemplo."""
    pass

help(exemplo)
```

```
Help on function exemplo in module __main__:

exemplo()
    Esta é uma função de exemplo.
```

1.3 Armazenando Resultados em Variáveis

Em Python, as variáveis são usadas para armazenar resultados de cálculos ou operações para uso posterior no código. Ao armazenar um valor em uma variável, você pode acessá-lo facilmente quando precisar, sem ter que repetir o cálculo ou operação.

Quando você atribui um valor ou resultado de uma operação a uma variável, o Python guarda esse valor na memória e o associa ao nome que você escolheu para a variável. Isso permite que você reutilize o valor sempre que necessário.

```
resultado = 5 + 3  ## Armazenando a soma de 5 e 3 em uma variável
print(resultado)    ## Resultado: 8
```

```
8
```

```
x = 2 + 3
print(x)
```

```
5
```

```
y = 2 * x
y
```

```
10
```

1.4 Variáveis Lógicas

Python, assim como R, possui operadores lógicos para comparar valores e trabalhar com variáveis booleanas. Abaixo estão alguns dos principais operadores lógicos usados em Python:

##	Operador	Descrição
1	`x < y`	x é menor que y?
2	`x <= y`	x é menor ou igual a y?
3	`x > y`	x é maior que y?
4	`x >= y`	x é maior ou igual a y?
5	`x == y`	x é igual a y?
6	`x != y`	x é diferente de y?
7	`not x`	Negativa de x (inverte o valor lógico)
8	`x or y`	x ou y são verdadeiros? (ou inclusivo)
9	`x and y`	x e y são verdadeiros? (e lógico)
10	`x ^ y`	x ou y, mas não ambos, são verdadeiros? (xor lógico)

```
a = 5
b = 10
print(a < b)  ## True
print(a == b)  ## False
```

```
True
False
```

```
x = True
print(not x)  ## False
```

```
False
```

```
x = False
y = True
print(x or y)  ## True
```

```
True
```

```
x = True
y = False
print(x and y)  ## False
```

```
False
```

```
x = True
y = False
print(x ^ y)  ## True (apenas um dos dois é verdadeiro)
```

```
True
```

1.4.1 Cuidado!

Em Python, o operador ^ não é usado para exponenciação. Em vez disso, ele é o operador bitwise XOR (ou exclusivo) para manipulação de bits.

O operador XOR (ou exclusivo) compara os bits de dois números. Ele retorna 1 quando os bits são diferentes e 0 quando os bits são iguais.

```
a = 5   ## Em binário: 101
b = 3   ## Em binário: 011

resultado = a ** b  ## Faz XOR bit a bit

print(resultado)  ## Saída: 6 (Em binário: 110)
```

```
125
```

```
a = 5   ## Em binário: 101
b = 3   ## Em binário: 011

resultado = a ^ b  ## Faz XOR bit a bit

print(resultado)  ## Saída: 6 (Em binário: 110)
```

```
6
```

1.5 Caracteres/Strings em Python

Em Python, uma string é uma sequência de caracteres que pode ser usada para armazenar e manipular textos. Strings são um dos tipos de dados mais comuns e úteis, e Python oferece uma grande variedade de métodos e operações para trabalhar com elas.

As strings em Python podem ser definidas de diferentes maneiras, usando aspas simples (') ou aspas duplas (").

```
## Definindo strings
nome = 'Thiago'
cidade = "São Carlos"
```

- Concatenar Strings: Você pode unir duas ou mais strings usando o operador +.

```
## Concatenação
nome_completo = "Thiago" + " " + "Rodrigo"
print(nome_completo)  ## Resultado: Thiago Rodrigo
```

```
Thiago Rodrigo
```

- Repetir Strings: Você pode repetir uma string múltiplas vezes usando o operador *.

```
repeticao = "Oi! " * 3
print(repeticao)  ## Resultado: Oi! Oi! Oi!
```

```
Oi! Oi! Oi!
```

- Acessar Caracteres por Índice: As strings em Python são indexadas, e você pode acessar um caractere específico usando o índice (começando em 0).

```
nome = "Thiago"
print(nome[0])  ## Resultado: T
print(nome[-1])  ## Resultado: o (último caractere)
```

```
T
o
```

- Fatiar Strings (Slicing): Você pode pegar uma parte da string usando fatias (substrings).

```
nome = "Thiago"
print(nome[0:3])  ## Resultado: Thi (caracteres do índice 0 ao 2)
```

```
Thi
```

- Comprimento de Strings: Para saber quantos caracteres uma string tem, use a função len().

```
nome = "Thiago"
print(len(nome))  ## Resultado: 6
```

```
6
```

1.5.1 Métodos Úteis para Strings

- lower() e upper(): Convertem todas as letras para minúsculas ou maiúsculas, respectivamente.

```
nome = "Thiago"
print(nome.lower())  ## Resultado: thiago
print(nome.upper())  ## Resultado: THIAGO
```

```
thiago
THIAGO
```

- strip(): Remove espaços em branco no início e no final da string.

```
frase = "   Olá!   "
print(frase.strip())  ## Resultado: Olá!
```

```
Olá!
```

- replace(): Substitui parte de uma string por outra.

```
frase = "Eu gosto de R"
nova_frase = frase.replace("R", "Python")
print(nova_frase)  ## Resultado: Eu gosto de programação
```

```
Eu gosto de Python
```

- split(): Divide uma string em uma lista, utilizando um delimitador (por padrão, espaço).

```
frase = "Eu gosto de Python"
palavras = frase.split()
print(palavras)  ## Resultado: ['Eu', 'gosto', 'de', 'Python']
```

```
['Eu', 'gosto', 'de', 'Python']
```

- join(): Une uma lista de strings em uma única string, usando um delimitador.

```
lista = ['Thiago', 'Rodrigo', 'Ramos']
nome_completo = " ".join(lista)
print(nome_completo)  ## Resultado: Thiago Rodrigo Ramos
```

```
Thiago Rodrigo Ramos
```

1.6 Listas

Em Python, listas são coleções ordenadas e mutáveis, o que significa que você pode modificar os elementos após sua criação. Elas são definidas usando colchetes [] e podem armazenar múltiplos tipos de dados, como inteiros, strings ou até mesmo outras listas.

Características principais:

- Mutáveis: você pode adicionar, remover ou modificar elementos.
- Ordenadas: os elementos mantêm a ordem em que são inseridos.
- Acesso por índice: os elementos podem ser acessados pelo índice, começando por 0.

```
## Criando uma lista
frutas = ['maçã', 'banana', 'laranja']

## Acessando elementos
print(frutas[1])  ## banana

## Modificando a lista
frutas.append('uva')  ## Adiciona 'uva' ao final
frutas[0] = 'kiwi'    ## Substitui 'maçã' por 'kiwi'

## Removendo um elemento
frutas.remove('banana')

print(frutas)  ## ['kiwi', 'laranja', 'uva']
```

```
banana
['kiwi', 'laranja', 'uva']
```

1.7 Tuplas

As tuplas em Python são semelhantes às listas, porém, diferentemente das listas, são imutáveis, ou seja, seus elementos não podem ser modificados após a criação. Elas são úteis quando você deseja garantir que uma sequência de valores permaneça inalterada. As tuplas são definidas usando parênteses (). Características principais:

- Imutáveis: uma vez criadas, seus elementos não podem ser alterados, adicionados ou removidos.
- Ordenadas: os elementos mantêm a ordem de inserção.
- Acesso por índice: assim como nas listas, os elementos podem ser acessados por índices, começando do 0.

```
## Criando uma tupla
coordenadas = (10, 20)

## Acessando elementos
print(coordenadas[0])  ## 10


## Tuplas podem armazenar diferentes tipos de dados
dados = ('Thiago', 30, True)

print(dados)  ## ('Thiago', 30, True)
```

```
10
('Thiago', 30, True)
```

```
### Tentando modificar a tupla (resultará em erro)
## coordenadas[0] = 15  # TypeError: 'tuple' object does not support item assignment
```

1.8 Dicionários

Os dicionários em Python são coleções não ordenadas de pares chave-valor. Eles permitem associar valores a uma chave específica, sendo muito úteis quando você precisa acessar elementos por meio de uma chave, em vez de um índice. Eles são definidos com chaves {}.

Características principais:

- Mutáveis: você pode adicionar, remover ou modificar pares chave-valor.
- Não ordenados: a ordem dos elementos não é garantida nas versões anteriores ao Python 3.7.
- Acesso por chave: os valores são acessados por suas chaves, que podem ser de tipos imutáveis (como strings ou números).

```
## Criando um dicionário
estudante = {
    'nome': 'Ana',
    'idade': 22,
    'curso': 'Estatística'
}

## Acessando valores
print(estudante['nome'])  ## Ana

## Modificando o dicionário
estudante['idade'] = 23  ## Atualiza o valor da chave 'idade'

## Adicionando um novo par chave-valor
estudante['matricula'] = 12345

## Removendo um elemento
del estudante['curso']

print(estudante)  ## {'nome': 'Ana', 'idade': 23, 'matricula': 12345}
```

```
Ana
{'nome': 'Ana', 'idade': 23, 'matricula': 12345}
```

1.9 Funções em Python

As funções em Python são blocos de código reutilizáveis que realizam uma tarefa específica. Elas ajudam a organizar o código, tornando-o mais modular e legível. Você pode definir suas próprias funções usando a palavra-chave def, e elas podem receber parâmetros, retornar valores ou simplesmente executar uma ação. Características principais:

- Reutilizáveis: uma vez definida, a função pode ser chamada várias vezes no código.
- Modulares: permitem dividir o código em partes menores e mais organizadas.

- Parâmetros opcionais ou obrigatórios: funções podem receber parâmetros (ou argumentos) para realizar operações com base neles.

```
def saudacao(nome):
    """Exibe uma saudação personalizada."""
    print(f"Olá, {nome}!")

## Chamando a função
saudacao("Thiago")  ## Olá, Thiago!
```

```
Olá, Thiago!
```

1.9.1 Return

Funções podem retornar valores usando a palavra-chave return. Isso permite que o resultado da função seja usado em outras partes do código.

```
def soma(a, b):
    """Retorna a soma de dois números."""
    return a + b

resultado = soma(3, 5)
print(resultado)  ## 8
```

```
8
```

1.9.2 Parâmetros Opcionais e Valores Padrão

Você pode definir parâmetros opcionais em uma função, atribuindo valores padrão a eles.

```
def saudacao(nome="amigo"):
    """Exibe uma saudação personalizada, com um nome padrão."""
    print(f"Olá, {nome}!")

saudacao()         ## Olá, amigo!
saudacao("Rafael")  ## Olá, Rafael!
```

```
Olá, amigo!
Olá, Rafael!
```

1.9.3 Lambda

Python também oferece funções anônimas (ou funções lambda), que são funções curtas e sem nome. Elas são úteis quando você precisa de uma função simples e temporária.

```
## Função lambda para multiplicar dois números
multiplicar = lambda x, y: x * y
print(multiplicar(3, 4))  ## 12
```

```
12
```

1.10 Loops

Os loops são estruturas fundamentais de programação que permitem executar um bloco de código repetidamente enquanto uma condição for verdadeira ou para cada item de uma sequência. Python oferece dois tipos principais de loops: for e while.

1.10.1 for

O loop for é usado para iterar sobre uma sequência (como uma lista, tupla, string ou range) e executar um bloco de código para cada item dessa sequência. É especialmente útil quando o número de iterações é conhecido ou quando você deseja percorrer uma estrutura de dados.

```
## Iterando sobre uma lista
frutas = ['maçã', 'banana', 'laranja']
for fruta in frutas:
    print(fruta)
```

```
maçã
banana
laranja
```

```
## Iterando de 0 a 4
for i in range(5):
    print(i)
```

```
0
1
2
3
4
```

```
frutas = ['maçã', 'banana', 'laranja']
for i, fruta in enumerate(frutas):
    print(i, fruta)
```

```
0 maçã
1 banana
2 laranja
```

1.10.2 while

O loop while executa um bloco de código repetidamente enquanto uma condição for verdadeira. Ele é útil quando o número de iterações não é conhecido antecipadamente e depende de uma condição dinâmica.

```
## Loop enquanto o valor de x for menor que 5
x = 0
while x < 5:
    print(x)
    x += 1
```

```
0
1
2
3
4
```

1.10.3 Controle de Loops: break e continue

break: interrompe o loop imediatamente, mesmo que a condição ainda seja verdadeira (no caso do while) ou ainda restem itens na sequência (no caso do for).

continue: pula para a próxima iteração do loop, ignorando o código restante naquela iteração.

```python
for i in range(10):
    if i == 5:
        break  ## Interrompe o loop quando i é igual a 5
    print(i)
```

```
0
1
2
3
4
```

```python
for i in range(5):
    if i == 3:
        continue  ## Pula a iteração quando i é igual a 3
    print(i)
```

```
0
1
2
4
```

1.11 Estruturas Condicionais: if, else e elif em Python

As estruturas condicionais em Python permitem que o programa tome decisões e execute blocos de código diferentes com base em condições específicas. As principais instruções condicionais são if, else e elif.

1.11.1 if

A instrução if é usada para executar um bloco de código se uma condição for verdadeira. Se a condição avaliada for True, o bloco de código indentado após o if será executado.

```python
idade = 20
if idade >= 18:
    print("Você é maior de idade")
```

```
Você é maior de idade
```

1.11.2 else

A instrução else é usada para executar um bloco de código se a condição do if for falsa. É como uma segunda opção, caso a primeira condição não seja atendida.

```
idade = 16
if idade >= 18:
    print("Você é maior de idade")
else:
    print("Você é menor de idade")
```

```
Você é menor de idade
```

1.11.3 elif

A instrução elif (abreviação de else if) permite testar múltiplas condições. Se a condição if for falsa, o Python verificará a condição do elif. Você pode ter vários blocos elif em uma estrutura condicional.

```
nota = 85
if nota >= 90:
    print("Aprovado com excelência")
elif nota >= 70:
    print("Aprovado")
else:
    print("Reprovado")
```

```
Aprovado
```

1.11.4 Operadores lógicos

As condições podem usar operadores lógicos para combinar mais de uma verificação:

- and: todas as condições devem ser verdadeiras.
- or: pelo menos uma condição deve ser verdadeira.
- not: inverte o resultado da condição.

```
idade = 20
possui_carteira = True

if idade >= 18 and possui_carteira:
    print("Você pode dirigir")
else:
    print("Você não pode dirigir")
```

```
Você pode dirigir
```

1.12 Bibliotecas Essenciais para Estatística: NumPy, Pandas e Matplotlib

Em Python, as bibliotecas NumPy, Pandas, e Matplotlib são amplamente utilizadas para análise de dados e computação científica. Elas fornecem ferramentas poderosas para lidar com grandes volumes de dados, realizar cálculos matemáticos eficientes e criar visualizações de alta qualidade. Vamos detalhar cada uma delas:

1.12.1 NumPy

NumPy (Numerical Python) é uma biblioteca fundamental para cálculos matemáticos em Python. Ela fornece suporte para arrays e matrizes multidimensionais, além de uma coleção de funções para operações com esses arrays. Principais características:

- Array multidimensional (ndarray): O ndarray é a estrutura central da NumPy, oferecendo suporte a vetores e matrizes de várias dimensões, com operações eficientes em termos de memória e tempo de execução.
- Operações vetorizadas: Permite realizar operações em todos os elementos de um array sem a necessidade de loops explícitos.
- Funções matemáticas: Inclui uma vasta gama de funções para álgebra linear, estatística, trigonometria, entre outros.

```
import numpy as np

## Criando um array NumPy
array = np.array([1, 2, 3, 4, 5])

## Operações elementares
print(array * 2)  ## Multiplicação por escalar: [2 4 6 8 10]
```

```
## Matrizes e operações matriciais
matriz = np.array([[1, 2], [3, 4]])
print(np.dot(matriz, matriz))  ## Multiplicação de matrizes
```

```
[ 2  4  6  8 10]
[[ 7 10]
 [15 22]]
```

```
dados = np.array([1, 2, 3, 4, 5])
media = np.mean(dados)
print(media)  ## Saída: 3.0
```

```
3.0
```

```
mediana = np.median(dados)
print(mediana)  ## Saída: 3.0
```

```
3.0
```

```
variancia = np.var(dados)
print(variancia)  ## Saída: 2.0
```

```
2.0
```

```
desvio_padrao = np.std(dados)
print(desvio_padrao)  ## Saída: 1.4142135623730951
```

```
1.4142135623730951
```

```
minimo = np.min(dados)
maximo = np.max(dados)
print(minimo, maximo)  ## Saída: 1 5
```

```
1 5
```

```
p25 = np.percentile(dados, 25)
p50 = np.percentile(dados, 50)
p75 = np.percentile(dados, 75)
print(p25, p50, p75)  ## Saída: 2.0 3.0 4.0
```

```
2.0 3.0 4.0
```

1.12.2 Pandas

Pandas é uma biblioteca poderosa para manipulação de dados em Python, frequentemente usada em projetos de ciência de dados, análise estatística e processamento de dados tabulares. Ela oferece estruturas de dados como DataFrames e Series que facilitam a organização, limpeza e análise de dados, tornando-a uma das ferramentas mais populares para lidar com grandes volumes de dados.

1.12.2.1 Séries

Uma Series é uma coluna de dados unidimensional, semelhante a um array de NumPy, mas com rótulos (índices) associados a cada valor. A Series pode armazenar qualquer tipo de dado, como inteiros, floats, strings, ou objetos.

```
import pandas as pd

## Criando uma Series
s = pd.Series([1, 2, 3, 4, 5], index=['a', 'b', 'c', 'd', 'e'])
print(s)

## Acessando elementos por índice
print(s['b'])  ## Saída: 2
```

```
a    1
b    2
c    3
d    4
e    5
dtype: int64
2
```

1.12.2.2 DataFrame

O DataFrame é a estrutura de dados mais importante do Pandas. Ele é uma tabela bidimensional (semelhante a uma planilha ou tabela SQL) com rótulos para as linhas e colunas. Cada coluna de um DataFrame é uma Series, e as colunas podem ter diferentes tipos de dados.

```
## Criando um DataFrame a partir de um dicionário
dados = {
    'Nome': ['Ana', 'Pedro', 'João'],
    'Idade': [23, 34, 19],
    'Cidade': ['São Paulo', 'Rio de Janeiro', 'Curitiba']
}

df = pd.DataFrame(dados)
print(df)
```

```
    Nome  Idade          Cidade
0    Ana     23       São Paulo
1  Pedro     34  Rio de Janeiro
2   João     19        Curitiba
```

1.12.2.3 Operações Essenciais com DataFrames

1. Selecionar Colunas
2. Filtragem de Dados
3. Alteração de Dados
4. Agrupamento e Agregação
5. Tratamento de Dados Faltantes

```
## Selecionando uma única coluna
print(df['Nome'])
```

```
0      Ana
1    Pedro
2     João
Name: Nome, dtype: object
```

```
## Selecionando múltiplas colunas
print(df[['Nome', 'Cidade']])
```

```
    Nome          Cidade
0    Ana       São Paulo
1  Pedro  Rio de Janeiro
2   João        Curitiba
```

```
## Filtrando o DataFrame para mostrar apenas pessoas com mais de 20 anos
filtro = df[df['Idade'] > 20]
print(filtro)
```

```
    Nome  Idade          Cidade
0    Ana     23       São Paulo
1  Pedro     34  Rio de Janeiro
```

```
## Alterando o valor de uma célula
df.loc[0, 'Idade'] = 24
## Alterando uma coluna inteira
df['Idade'] = df['Idade'] + 1
```

```
## Agrupando por 'Cidade' e calculando a média de 'Idade'
agrupado = df.groupby('Cidade')['Idade'].mean()
print(agrupado)
```

```
Cidade
Curitiba          20.0
Rio de Janeiro    35.0
São Paulo         25.0
Name: Idade, dtype: float64
```

```
## Verificando valores faltantes
print(df.isnull().sum())

## Removendo linhas com dados faltantes
df_limpo = df.dropna()

## Preenchendo valores faltantes
df['Idade'].fillna(df['Idade'].mean())
```

```
Nome      0
Idade     0
Cidade    0
dtype: int64
```

```
0    25
1    35
2    20
Name: Idade, dtype: int64
```

1.12.2.4 Estatísticas e Operações com Dados

Pandas facilita o cálculo de estatísticas descritivas, como média, desvio padrão, contagem, entre outras.

```
## Estatísticas descritivas
print(df.describe())
```

```
           Idade
count   3.000000
mean   26.666667
std     7.637626
min    20.000000
25%    22.500000
50%    25.000000
75%    30.000000
max    35.000000
```

```
## Soma, contagem e média de colunas específicas
print(df['Idade'].sum())
print(df['Idade'].count())
print(df['Idade'].mean())
```

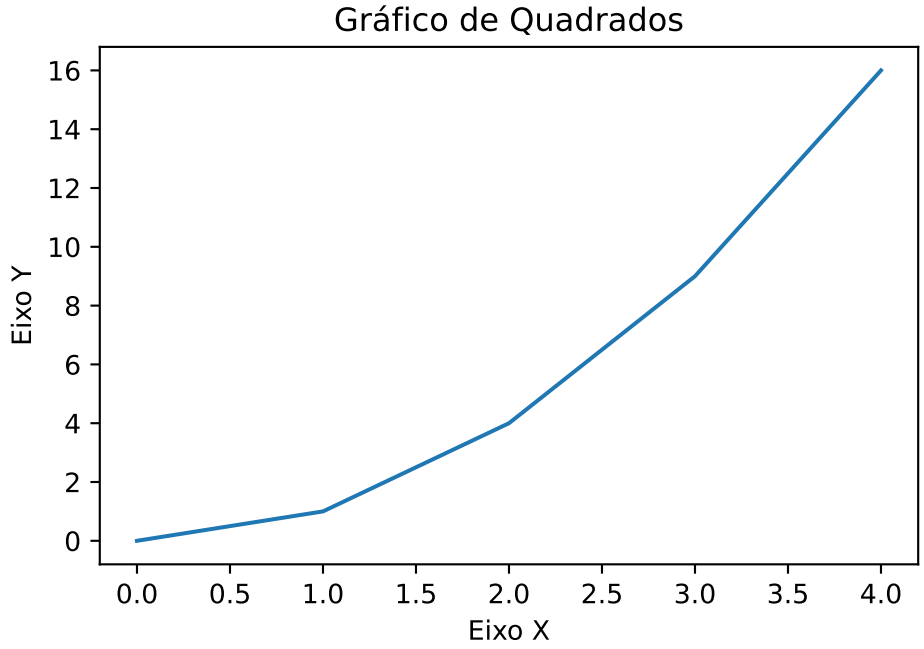
```
80
3
26.666666666666668
```

1.12.3 Matplotlib: Biblioteca de Visualização de Dados em Python

Matplotlib é uma biblioteca poderosa e flexível para visualização de dados em Python. Ela permite criar uma ampla gama de gráficos, desde simples gráficos de linha até visualizações complexas e altamente customizadas. Embora outras bibliotecas como Seaborn ou Plotly sejam populares para visualizações avançadas, Matplotlib continua sendo o núcleo para muitas dessas bibliotecas e é amplamente utilizado por sua versatilidade e integração com NumPy e Pandas.

A maneira mais comum de usar Matplotlib é através do submódulo pyplot, que fornece uma interface simples para criar gráficos. A estrutura básica de um gráfico com pyplot envolve definir os dados e criar o gráfico com funções que controlam o comportamento do gráfico.

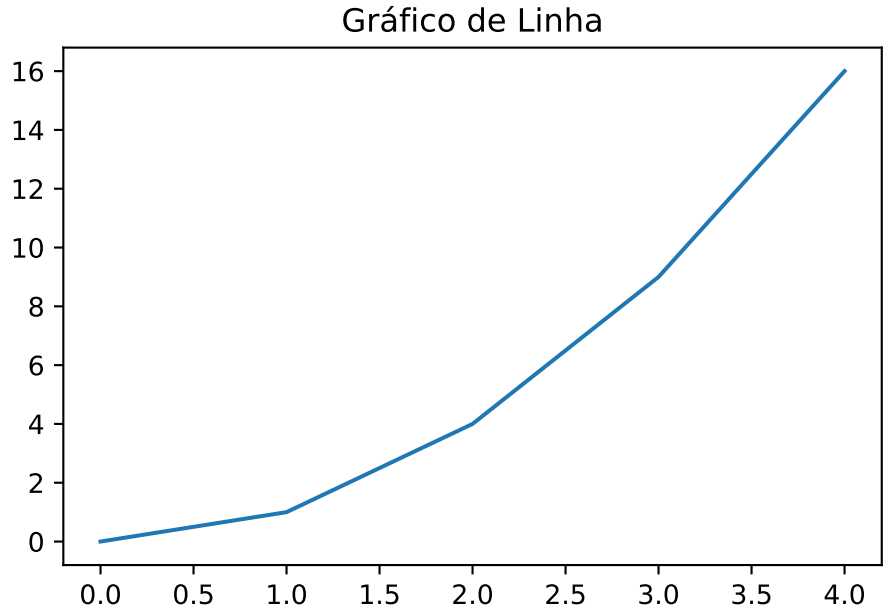
```
import matplotlib.pyplot as plt

## Dados
x = [0, 1, 2, 3, 4]
y = [0, 1, 4, 9, 16]

## Criando um gráfico de linha
plt.plot(x, y)

## Adicionando título e rótulos aos eixos
plt.title('Gráfico de Quadrados')
plt.xlabel('Eixo X')
plt.ylabel('Eixo Y')

## Exibindo o gráfico
plt.show()
```



1.12.3.1 Tipos de Gráficos Comuns

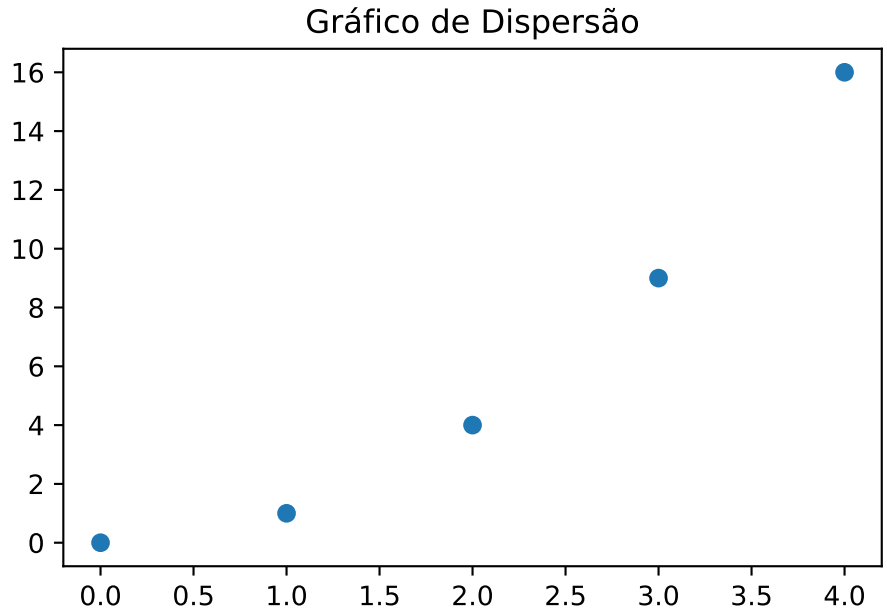
1.12.3.1.1 Linha

```
x = [0, 1, 2, 3, 4]
y = [0, 1, 4, 9, 16]
plt.plot(x, y)
plt.title('Gráfico de Linha')
plt.show()
```



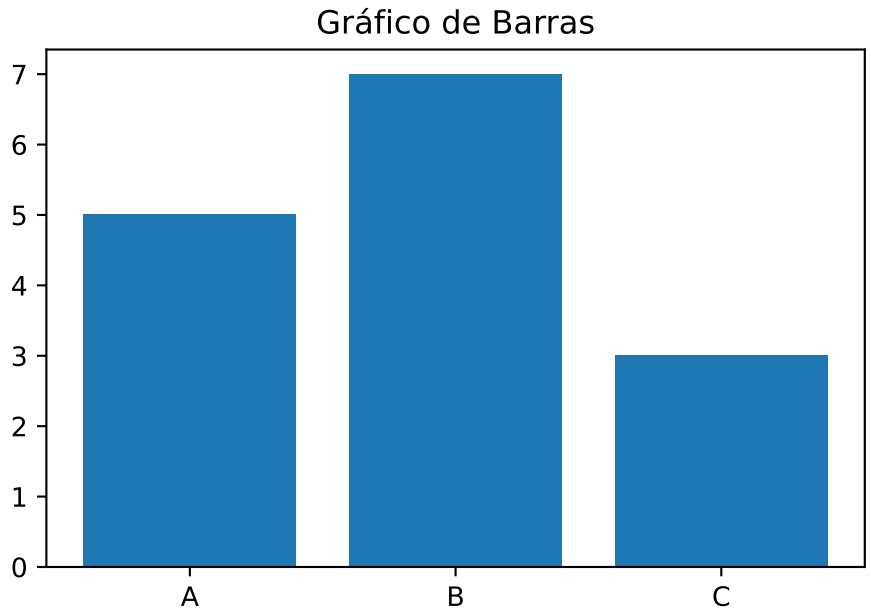
1.12.3.1.2 Dispersão

```
plt.scatter(x, y)
plt.title('Gráfico de Dispersão')
plt.show()
```



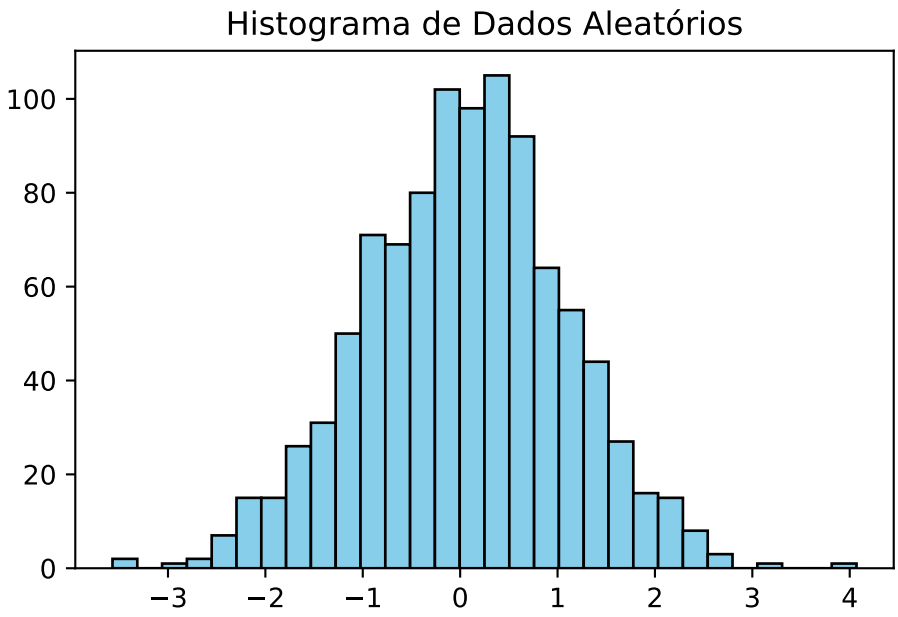
1.12.3.1.3 Barras

```
categorias = ['A', 'B', 'C']
valores = [5, 7, 3]
plt.bar(categorias, valores)
plt.title('Gráfico de Barras')
plt.show()
```



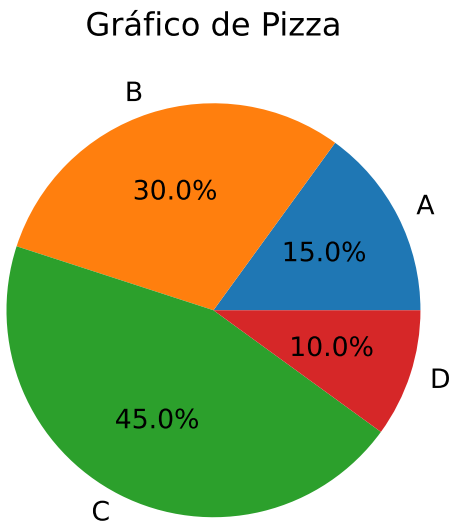
1.12.3.1.4 Histograma

```
import numpy as np

dados = np.random.randn(1000)
plt.hist(dados, bins=30, color='skyblue', edgecolor='black')
plt.title('Histograma de Dados Aleatórios')
plt.show()
```



1.12.3.1.5 Pizza

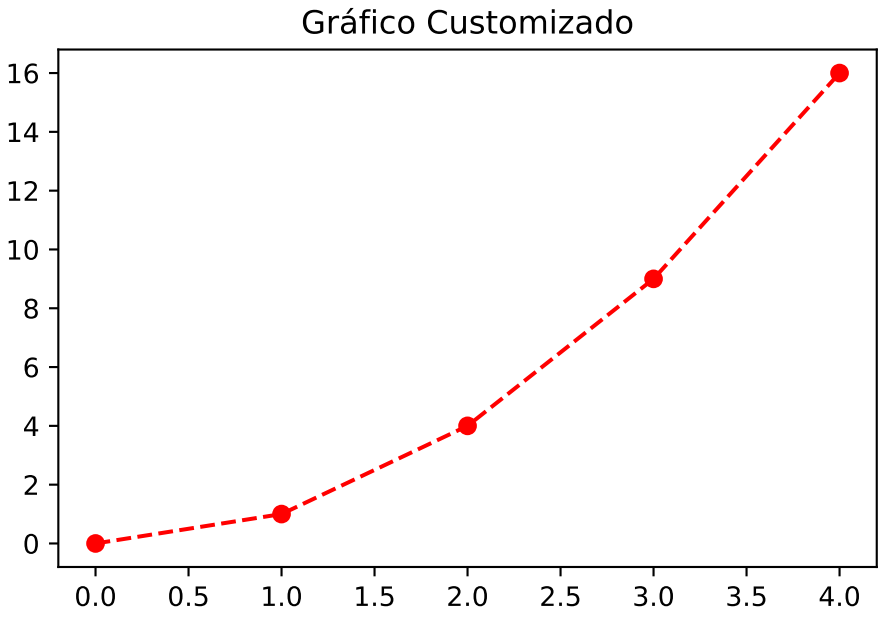
```
tamanhos = [15, 30, 45, 10]
labels = ['A', 'B', 'C', 'D']
plt.pie(tamanhos, labels=labels, autopct='%1.1f%%')
plt.title('Gráfico de Pizza')
plt.show()
```



1.12.3.2 Customização

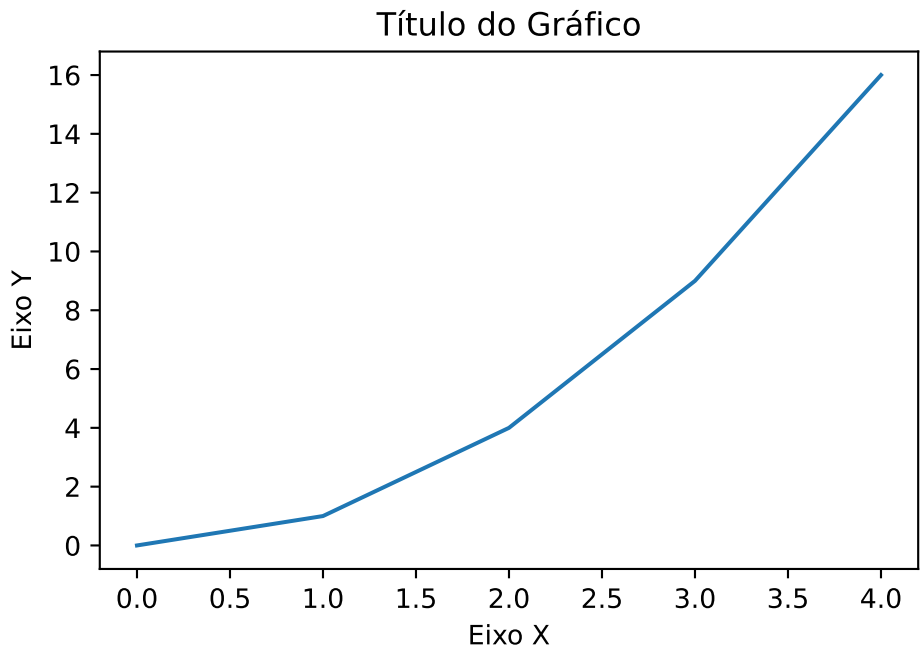
1.12.3.2.1 Alterando Cores e Estilos de Linha

```
plt.plot(x, y, color='red', linestyle='--', marker='o')  ## Linha vermelha com marcador
plt.title('Gráfico Customizado')
plt.show()
```



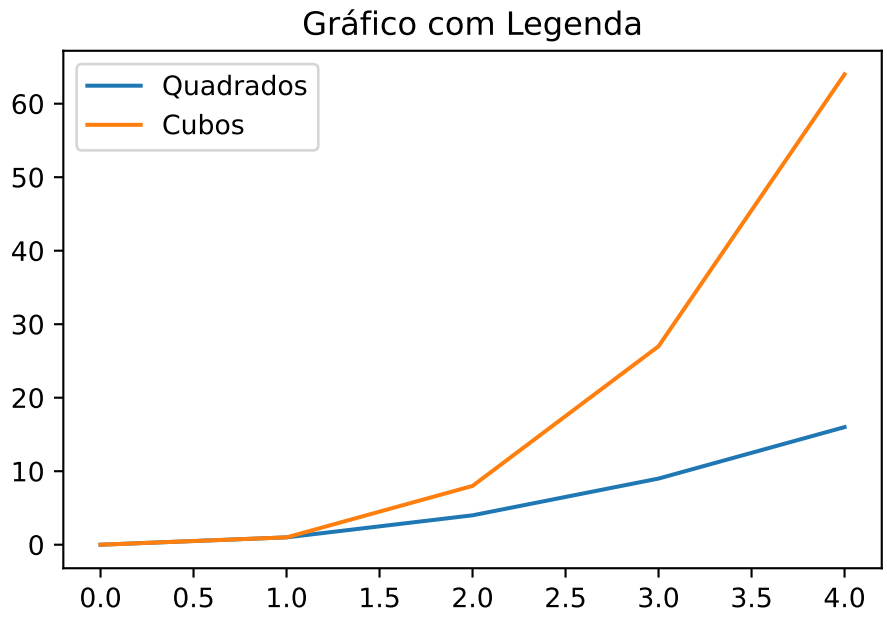
1.12.3.2.2 Adicionando Títulos e Rótulos aos Eixos

```
plt.plot(x, y)
plt.title('Título do Gráfico')
plt.xlabel('Eixo X')
plt.ylabel('Eixo Y')
plt.show()
```



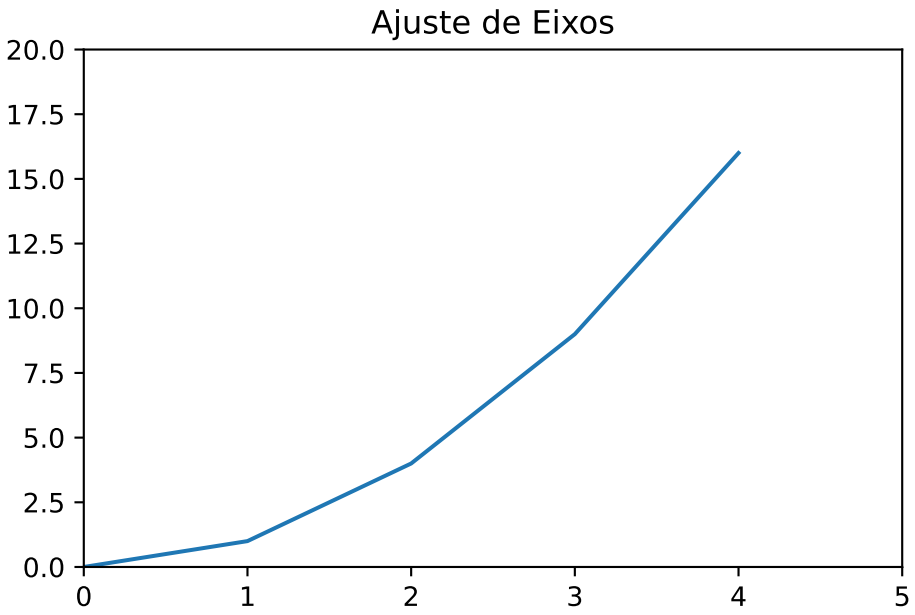
1.12.3.2.3 Legendas

```
plt.plot(x, y, label='Quadrados')
plt.plot(x, [i**3 for i in x], label='Cubos')
plt.title('Gráfico com Legenda')
plt.legend()  ## Adiciona legenda
plt.show()
```



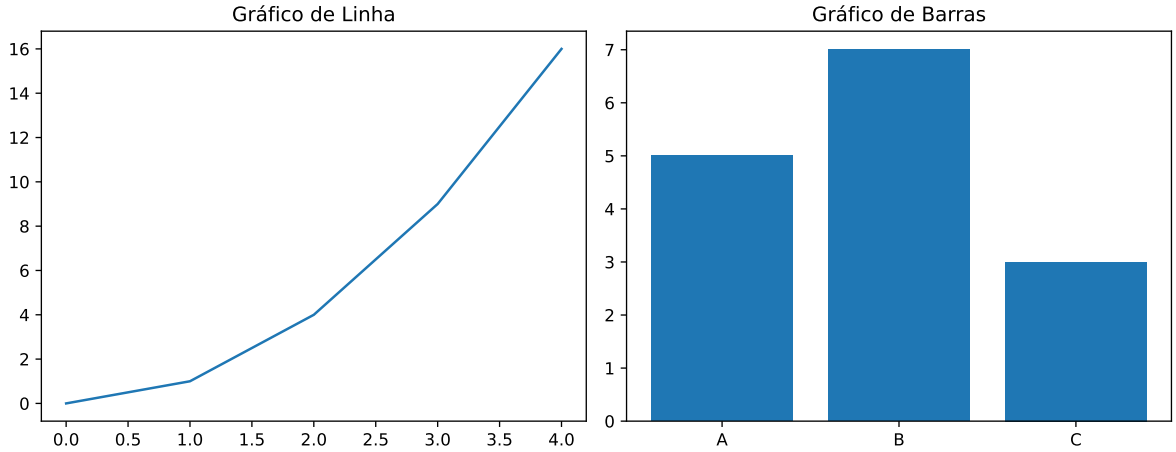
1.12.3.2.4 Ajustando os Eixos

```
plt.plot(x, y)
plt.xlim(0, 5)
plt.ylim(0, 20)
plt.title('Ajuste de Eixos')
plt.show()
```



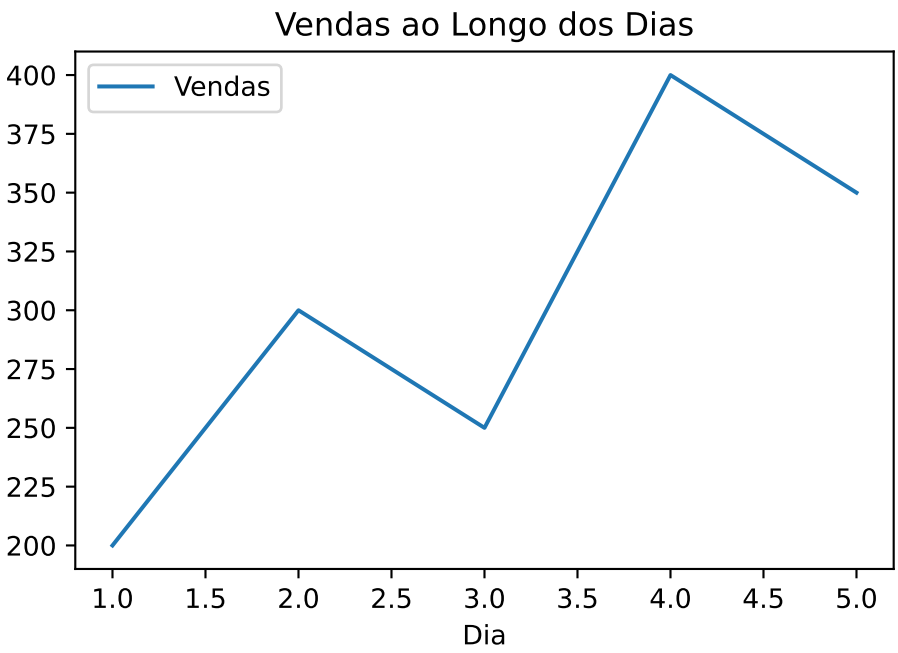
1.12.3.2.5 Subplot

```
## Criando uma figura com dois gráficos lado a lado
plt.figure(figsize=(10, 4))

plt.subplot(1, 2, 1)  ## 1 linha, 2 colunas, 1º gráfico
plt.plot(x, y)
plt.title('Gráfico de Linha')

plt.subplot(1, 2, 2)  ## 1 linha, 2 colunas, 2º gráfico
plt.bar(categorias, valores)
plt.title('Gráfico de Barras')

plt.tight_layout()
plt.show()
```



1.12.3.3 Integração com Pandas

```
import pandas as pd

## Criando um DataFrame
dados = {
    'Dia': [1, 2, 3, 4, 5],
    'Vendas': [200, 300, 250, 400, 350]
}
df = pd.DataFrame(dados)

## Plotando os dados
df.plot(x='Dia', y='Vendas', kind='line')
plt.title('Vendas ao Longo dos Dias')
plt.show()
```



1.13 Exercícios

1.13.1 Exercício 1.

Execute as seguintes operações no Python e interprete os resultados:

- Use a função `math.log()` para calcular o logaritmo natural de 10 e depois o logaritmo na base 10 de 1000.
- Descubra a função que calcula a raiz quadrada de um número utilizando a função `help()`, e aplique-a ao número 144.

1.13.2 Exercício 2.

Armazene o resultado de `2 * 7` em uma variável chamada `resultado`. Use `resultado` para calcular o valor de `resultado ** 2`.

Liste todas as variáveis no ambiente do Python usando a função `globals()`. Exclua a variável `resultado` usando `del` e verifique novamente as variáveis presentes.

1.13.3 Exercício 3.

Crie um vetor NumPy `v` contendo os números 4, 8, 15, 16, 23, 42. Use subsetting para selecionar: - O segundo e o quarto elemento. - Todos os elementos exceto o terceiro. - Os elementos que são maiores que 10.

Multiplique cada elemento do vetor NumPy `v` por 2 e armazene o resultado em um novo vetor `v2`.

1.13.4 Exercício 4.

Verifique se `8 > 5` e se `8 == 10`.

Crie dois vetores NumPy lógicos `a = np.array([True, False, True])` e `b = np.array([False, True, False])`. Aplique os operadores `&`, `|` e `np.logical_xor()` nesses vetores.

1.13.5 Exercício 5.

Escreva uma função `soma_quadrados` que receba dois números como argumentos e retorne a soma de seus quadrados. Teste sua função com os números 3 e 4.

Modifique a função `soma_quadrados` para que o segundo argumento tenha um valor padrão de 2. Teste a função chamando-a com apenas um argumento.

1.13.6 Exercício 6.

Escreva um laço `for` que calcule a soma dos números de 1 a 100.

Crie um laço `while` que multiplique os números de 1 a 6 e retorne o resultado.

1.13.7 Exercício 7.

Crie duas variáveis com o seu primeiro e último nome. Use a função `f-string` para juntar as duas variáveis em uma frase que diga "Meu nome completo é [nome completo]".

Altere o separador para um traço `-` e junte novamente as variáveis.

1.13.8 Exercício 8.

Crie um DataFrame com os dados fictícios a seguir utilizando `pandas`:

Nome	Idade	Cidade
Ana	23	São Paulo
Pedro	34	Rio de Janeiro
João	19	Curitiba

Filtre as observações onde a idade é maior que 20.

Ordene o DataFrame pela coluna `Idade` em ordem decrescente.

1.13.9 Exercício 9.

Usando o DataFrame criado no exercício anterior, crie um gráfico de barras (`plt.bar`) que mostre a idade de cada pessoa.

No gráfico anterior, mude a cor de cada barra.

1.13.10 Exercício 10.

Crie um DataFrame com os dados de temperatura de uma semana:

Dia	Temperatura (°C)
Seg	22
Ter	24
Qua	19
Qui	21
Sex	23
Sáb	25
Dom	20

Agora, responda às perguntas abaixo:

1. Filtre todos os dias em que a temperatura foi maior que 21°C.
2. Calcule a média das temperaturas da semana.
3. Crie um gráfico de linha (`plt.plot`) que mostre a variação da temperatura ao longo da semana.

2 Breve Introdução ao R

Aqui faremos uma breve introdução ao R. Para uma introdução mais delhada, veja https://curso-r.com/material/ e https://r4ds.had.co.nz/.

2.1 Variáveis Numéricas

Aqui vão alguns exemplos para começarmos a entender como o R funciona. Inicialmente, veremos como podemos usar o R como calculadora.

```
2 * 7
```

```
[1] 14
```

```
0 / 0
```

```
[1] NaN
```

```
10^1000
```

```
[1] Inf
```

```
log(1)
```

```
[1] 0
```

```
exp(1)
```

```
[1] 2.718282
```

Para entender o que uma função faz, você pode digitar o símbolo de interrogação seguido do nome da função, por exemplo:

```
?exp
```

O help contém as seguintes informações:

- **Description**: Resumo geral sobre o uso da função.
- **Usage**: Mostra como a função deve ser utilizada e quais argumentos podem ser especificados.
- **Arguments**: Explica o que é cada um dos argumentos.
- **Details**: Explica alguns detalhes sobre o uso e aplicação da função.
- **Value**: Mostra o que sai no output após usar a função (os resultados).
- **Note**: Notas sobre a função.
- **Authors**: Lista os autores da função.
- **References**: Referências para os métodos usados.
- **See also**: Outras funções relacionadas que podem ser consultadas.
- **Examples**: Exemplos do uso da função.

2.1.1 Armazenando resultados em variáveis

Podemos também armazenar resultados de contas em variáveis. Por exemplo:

```
x = 2 + 3
x
```

```
[1] 5
```

```
y = 2 * x
y
```

```
[1] 10
```

```
print(y)
```

```
[1] 10
```

Números grandes são impressos usando notação científica:

```
y = 2 * 10^10
print(y)
```

```
[1] 2e+10
```

Para listar quais variáveis estão declaradas no ambiente, podemos usar:

```
ls()
```

```
[1] "x" "y"
```

Para remover uma variável:

```
rm(x)
ls()
```

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

Para remover todas as variáveis existentes:

```
rm(list = ls())  # Essa função apaga todas as variáveis existentes
gc()  # Essa função libera a memória utilizada
```

```
         used (Mb) gc trigger (Mb) max used (Mb)
Ncells  628619 33.6    1279465 68.4  1279465 68.4
Vcells 1186360  9.1    8388608 64.0  1967707 15.1
```

2.2 Variáveis Lógicas

Alguns operadores lógicos definidos no R são mostrados na tabela abaixo:

#	Operador	Descrição
1	x < y	x menor que y?
2	x <= y	x menor ou igual a y?
3	x > y	x maior que y?
4	x >= y	x maior ou igual a y?
5	x == y	x igual a y?
6	x != y	x diferente de y?
7	!x	Negativa de x
8	x | y	x ou y são verdadeiros?

#	Operador	Descrição
9	x & y	x e y são verdadeiros?
10	xor(x, y)	Apenas um dos dois é verdadeiro?

2.2.1 Exemplos de uso de operadores lógicos

```
1 == 3
```

```
[1] FALSE
```

```
1 == 1
```

```
[1] TRUE
```

```
1 <= 3
```

```
[1] TRUE
```

```
x = 1 > 3
print(x)
```

```
[1] FALSE
```

```
x = 1; y = 3
x < y
```

```
[1] TRUE
```

```
(x == 1) & (y == 3)
```

```
[1] TRUE
```

```
(x == 1) & (y != 3)
```

```
[1] FALSE
```

```
!TRUE
```

```
[1] FALSE
```

```
x = TRUE; y = FALSE
x | y
```

```
[1] TRUE
```

O número um tem o valor verdadeiro, e o número zero tem o valor falso:

```
x = 1; y = 0
x | y
```

```
[1] TRUE
```

Note que ao fazermos contas com variáveis lógicas, elas são transformadas em zero e um:

```
(TRUE | FALSE) + 2
```

```
[1] 3
```

2.3 Caracteres/Strings

Para declarar cadeias de caracteres, usamos aspas no R:

```
x = "Rafael"
y = "Izbicki"
```

Várias operações podem ser feitas com esses objetos. Um exemplo é a função `paste`:

```
paste(x, y)
```

```
[1] "Rafael Izbicki"
```

```r
paste(x, y, sep = "+")
```

```
[1] "Rafael+Izbicki"
```

2.4 Vetores e Sequências

Usualmente declaramos vetores usando o operador `c` (concatenação):

```r
x = c(2, 5, 7, 1)
x
```

```
[1] 2 5 7 1
```

Para acessar seus componentes, fazemos:

```r
x[2]
```

```
[1] 5
```

```r
# [1] 5

x = x[c(2, 3)]
x[2:3]
```

```
[1]  7 NA
```

```r
x[-c(2, 3)]
```

```
[1] 5
```

As operações `x[c(2, 3)]` e `x[-c(2, 3)]` são chamadas de *subsetting*; subsetting é a seleção de um subconjunto de um objeto. Veremos mais à frente outras maneiras de fazermos isso.

Podemos mudar alguns dos valores deste vetor usando:

```r
x[2:3] = 0
x
```

```
[1] 5 0 0
```

Operações aritméticas podem ser facilmente feitas para cada elemento de um vetor. Alguns exemplos:

```r
x = x - 1
x
```

```
[1]  4 -1 -1
```

```r
x = 2 * x
x
```

```
[1]  8 -2 -2
```

Uma função útil para criar vetores é a `seq`:

```r
x = seq(from = 1, to = 100, by = 2)
x
```

```
 [1]  1  3  5  7  9 11 13 15 17 19 21 23 25 27 29 31 33 35 37 39 41 43 45 47 49
[26] 51 53 55 57 59 61 63 65 67 69 71 73 75 77 79 81 83 85 87 89 91 93 95 97 99
```

```r
y = seq(from = 1, to = 100, length = 5)
y
```

```
[1]   1.00  25.75  50.50  75.25 100.00
```

Podemos também usar operadores lógicos em vetores:

```r
x > 5
```

```
 [1] FALSE FALSE FALSE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE
[13]  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE
[25]  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE
[37]  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE  TRUE
[49]  TRUE  TRUE
```

Note que `x > 5` é um vetor lógico.

Podemos usar as operações lógicas em vetores lógicos:

```
x = c(TRUE, TRUE, FALSE, FALSE)
y = c(TRUE, FALSE, TRUE, FALSE)

x | y
```

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

```
x & y
```

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

Operadores lógicos também podem ser usados para fazer *subsetting*:

```
x[x > 5] = 0
x
```

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

```
x[!(x <= 0)] = -1
x
```

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

Podemos ter vetores de caracteres:

```
x = c("a", "c", "fgh")
x[-c(2, 3)]
```

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

```
paste(x, "add")
```

```
[1] "a add"   "c add"   "fgh add"
```

```r
paste(x, "add", collapse = "+")
```

```
[1] "a add+c add+fgh add"
```

Algumas funções adicionais úteis:

```r
rep(2, 5)
```

```
[1] 2 2 2 2 2
```

```r
rep(c(1, 2), 5)
```

```
 [1] 1 2 1 2 1 2 1 2 1 2
```

```r
rep(c(1, 2), each = 5)
```

```
 [1] 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2
```

```r
sort(c(5, 10, 0, 20))
```

```
[1]  0  5 10 20
```

```r
order(c(5, 10, 0, 20))
```

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

2.5 Funções

Para declarar funções em R, fazemos:

```r
minhaFuncao <- function(argumento1, argumento2) {
  # corpo da função
}
```

Por exemplo:

```r
potencia <- function(x, y) {
  return(x^y)
}
potencia(2, 3)
```

```
[1] 8
```

```r
# [1] 8
```

Note que `x` e `y` podem ser vetores:

```r
potencia(x = c(1, 2, 3), y = c(0, 1, 2))
```

```
[1] 1 2 9
```

Você pode inverter a ordem dos argumentos, desde que eles sejam nomeados:

```r
potencia(y = c(0, 1, 2), x = c(1, 2, 3))
```

```
[1] 1 2 9
```

2.5.1 Argumentos com valores default

Os argumentos podem ter valores *default*. Por exemplo:

```r
potencia <- function(x, y = rep(1, length(x))) {
  return(x^y)
}
```

Neste caso, se o argumento `y` não for fornecido, ele será um vetor de uns do tamanho de `x`:

```r
potencia(2)
```

```
[1] 2
```

```r
potencia(2, 3)
```

```
[1] 8
```

2.6 Laços

Para calcular o fatorial de um número `n`, podemos usar um laço `while`:

```r
n <- 4
i <- 1
nFatorial <- 1
while(i <= n) {
  nFatorial <- nFatorial * i
  i <- i + 1
}
nFatorial
```

```
[1] 24
```

Ou podemos usar um laço `for`:

```r
n <- 4
nFatorial <- 1
for(i in 1:n) {
  nFatorial <- nFatorial * i
}
nFatorial
```

```
[1] 24
```

Lembre-se de que laços podem ser lentos no R, especialmente se o tamanho do objeto não for previamente declarado. Vamos comparar o tempo de execução de diferentes abordagens usando a função `system.time`. Para isso, vamos calcular a soma acumulada de um vetor.

```r
x <- 1:100000
```

1. **Laço sem declaração de tamanho**:

```r
aux <- function(x) {
  somaAcumulada <- NULL
  somaAcumulada[1] <- x[1]
  for(i in 2:length(x)) {
    somaAcumulada[i] <- somaAcumulada[i - 1] + x[i]
  }
}
system.time(aux(x))[1]
```

```
user.self
    0.018
```

2. **Laço com declaração de tamanho**:

```r
aux <- function(x) {
  somaAcumulada <- rep(NA, length(x))
  somaAcumulada[1] <- x[1]
  for(i in 2:length(x)) {
    somaAcumulada[i] <- somaAcumulada[i - 1] + x[i]
  }
}
system.time(aux(x))[1]
```

```
user.self
    0.007
```

3. **Função nativa do R**:

```r
aux <- function(x) {
  cumsum(x)
}
system.time(aux(x))[1]
```

```
user.self
    0.001
```

Note que, em geral, funções nativas do R são muito mais rápidas.

2.7 If/Else

O R permite o uso de condicionais `if` e `else` para controlar o fluxo de execução. A sintaxe básica é:

```
if (condição1) {
  # código se a condição1 for verdadeira
} else if (condição2) {
  # código se a condição1 for falsa e condição2 verdadeira
} else {
  # código se todas as condições forem falsas
}
```

Exemplo:

```
testaX <- function(x) {
  if (!is.numeric(x)) {
    print("x não é um número")
  } else if (x > 0) {
    print("x é positivo")
  } else if (x < 0) {
    print("x é negativo")
  } else {
    print("x é nulo")
  }
}
testaX(5)
```

```
[1] "x é positivo"
```

```
testaX(-5)
```

```
[1] "x é negativo"
```

```
testaX("5")
```

```
[1] "x não é um número"
```

2.8 Listas

Listas são como vetores, mas podem conter componentes de diferentes tipos (inclusive outras listas).

```
minhaLista <- list("um", TRUE, 3, c("q", "u", "a", "t", "r", "o"), "cinco")
minhaLista[[3]]
```

```
[1] 3
```

Você também pode atribuir nomes aos elementos de uma lista:

```
minhaLista <- list(primeiro = "um", segundo = TRUE, terceiro = 3,
                   quarto = c("q", "u", "a", "t", "r", "o"), quinto = "cinco")
minhaLista$quinto
```

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

Listas são frequentemente usadas para retornar várias saídas de uma função. Por exemplo, ao ajustar um modelo de regressão linear, os resultados são armazenados em uma lista:

```
x <- rnorm(100)
y <- 1 + 2*x + rnorm(length(x), 0.1)
ajuste <- lm(y ~ x)
typeof(ajuste)
```

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

Os componentes da lista podem ser acessados com:

```
names(ajuste)
```

```
 [1] "coefficients"  "residuals"     "effects"       "rank"
 [5] "fitted.values" "assign"        "qr"            "df.residual"
 [9] "xlevels"       "call"          "terms"         "model"
```

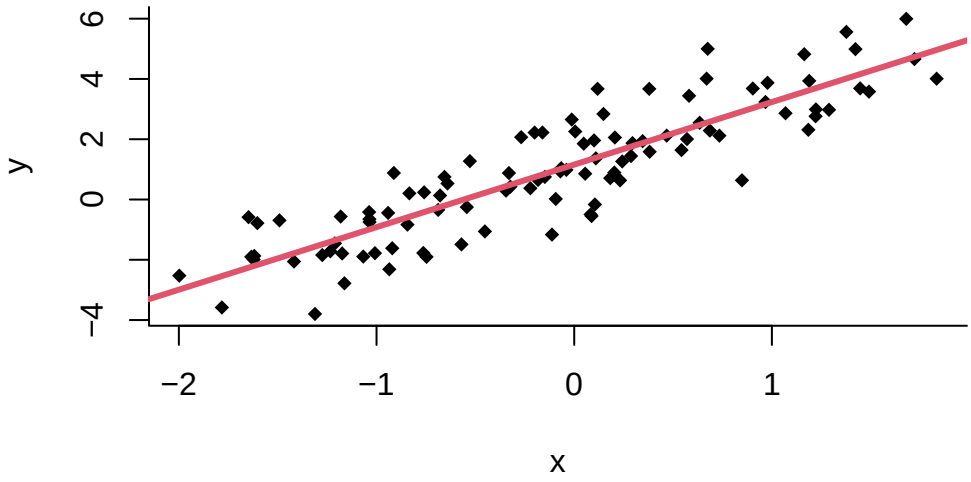
Para ver os coeficientes ajustados:

```
ajuste$coefficients
```

```
(Intercept)           x
   1.158199    2.075165
```

Para adicionar a reta estimada ao gráfico:

```
plot(x, y, pch = 18, bty = "l")
abline(ajuste, col = 2, lwd = 3)
```



Você também pode inicializar uma lista vazia:

```
minhaLista <- list()
```

2.9 Estatística Descritiva

O R é uma ferramenta poderosa para realizar análises descritivas. Vamos explorar alguns recursos para calcular estatísticas de variáveis quantitativas e qualitativas.

2.9.1 Variáveis quantitativas

```
x <- c(30, 1, 20, 5, 20, 60)
y <- c(12, 0, 2, 15, 22, 20)

mean(x)
```

```
[1] 22.66667
```

```
var(x)
```

```
[1] 448.6667
```

```
min(x)
```

```
[1] 1
```

```
which.min(x)
```

```
[1] 2
```

```
max(x)
```

```
[1] 60
```

```
which.max(x)
```

```
[1] 6
```

```
sort(x)
```

```
[1]  1  5 20 20 30 60
```

```
order(x)
```

```
[1] 2 4 3 5 1 6
```

```
median(x)
```

```
[1] 20
```

```r
cor(x, y)
```

```
[1] 0.5229211
```

```r
which(x > 10)
```

```
[1] 1 3 5 6
```

```r
mean(y[x > 10])
```

```
[1] 14
```

2.9.2 Variáveis qualitativas

```r
x <- c("S", "R", "P", "P", "Q", "P")
y <- c("a", "a", "b", "a", "c", "d")

x[y %in% c("a", "c")]
```

```
[1] "S" "R" "P" "Q"
```

```r
table(x)
```

```
x
P Q R S
3 1 1 1
```

```r
table(x, y)
```

```
   y
x   a b c d
  P 1 1 0 1
  Q 0 0 1 0
  R 1 0 0 0
  S 1 0 0 0
```

2.9.3 Subconjuntos

Podemos utilizar subsetting para trabalhar com subconjuntos de interesse. Por exemplo, suponha que `dados` é um banco de dados com informações de alunos e queremos selecionar os alunos com idade menor que 20, altura maior que 1,70 e que estejam no primeiro ou segundo ano.

```
dados[dados$idade < 20 & dados$altura > 1.70 & dados$ano %in% c("Primeiro", "Segundo"), ]
```

2.9.4 Funções Apply

As funções da família `apply` (como `apply`, `lapply`, `sapply`) são úteis para aplicar uma função a um conjunto de dados. Vamos criar um banco de dados artificial para exemplificar:

```
dados <- data.frame(altura = rnorm(100, 1.7, 0.2), salario = rnorm(100, 3000, 500))
dados$peso <- dados$altura * 35 + rnorm(100, 0, 10)
```

2.9.4.1 `apply`

Para calcular a média de cada coluna de `dados`, usamos:

```
apply(dados, 2, mean)
```

```
     altura     salario        peso
   1.729087 2972.704784   61.600093
```

Aqui, o argumento 2 indica que a operação deve ser aplicada a cada coluna. Para calcular a soma de cada linha:

```
apply(dados, 1, sum)
```

```
  [1] 2948.064 2260.388 4005.971 3520.355 3428.209 2623.795 3348.398 3266.610
  [9] 2313.268 2662.577 2721.183 3495.509 3331.212 3430.180 3261.549 3337.543
 [17] 3048.174 3079.300 2821.392 2775.209 2390.014 3150.993 2916.629 2901.700
 [25] 3717.145 3724.314 2663.960 2300.066 3401.736 3569.337 3878.421 3204.586
 [33] 3191.306 3159.938 3362.930 2424.499 4067.883 2514.065 3358.212 3514.634
 [41] 2859.117 2591.453 3504.600 2618.506 3386.853 2989.869 2727.689 2714.902
 [49] 3528.540 2679.447 2754.566 1840.696 3337.071 2603.819 3209.589 3447.460
 [57] 3366.881 3463.228 2456.584 2955.328 3333.873 2831.311 4319.018 3191.317
```

```
 [65] 3043.297 3504.169 3052.433 3079.907 2376.560 1930.533 2851.089 3024.691
 [73] 2927.159 3021.506 2814.915 2222.394 2910.426 2510.996 2842.150 3098.265
 [81] 3437.217 3358.308 2685.821 3839.649 2166.731 3324.486 3243.945 2406.441
 [89] 3398.127 3112.373 3038.829 2414.558 3070.809 2986.322 2739.990 3176.479
 [97] 2964.849 2764.201 2552.597 3908.199
```

2.9.4.2 Funções anônimas

Usando funções anônimas, podemos calcular várias estatísticas descritivas ao mesmo tempo:

```r
estatisticas <- apply(dados, 2, function(x) {
  listaResultados <- list()
  listaResultados$media <- mean(x)
  listaResultados$mediaAparada <- mean(x, trim = 0.1)
  listaResultados$mediana <- median(x)
  listaResultados$maximo <- max(x)
  return(listaResultados)
})

estatisticas$altura
```

```
$media
[1] 1.729087

$mediaAparada
[1] 1.731961

$mediana
[1] 1.741118

$maximo
[1] 2.205516
```

2.10 O operador %>% (pipe)

O operador pipe foi uma das grandes revoluções recentes do R, tornando o código mais legível. Esse operador está definido no pacote `magrittr`, e vários outros pacotes, como o `dplyr`, fazem uso dele (veja a próxima seção).

A ideia é simples: o operador `%>%` usa o resultado do lado esquerdo como o primeiro argumento da função do lado direito. Um exemplo:

```
library(magrittr)
x <- c(1, 2, 3, 4)
x %>% sum() %>% sqrt()
```

```
[1] 3.162278
```

Isso é equivalente a:

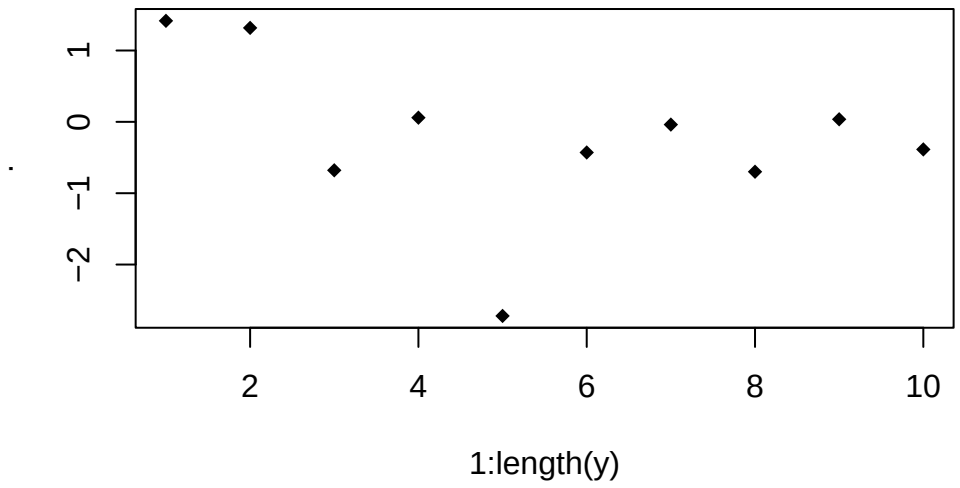
```
sqrt(sum(x))
```

```
[1] 3.162278
```

Mas a leitura com pipe é mais clara. No RStudio, você pode inserir o pipe com o atalho `ctrl + shift + m`.

O pipe envia o valor à esquerda apenas para o primeiro argumento da função à direita. Para utilizar o valor da esquerda em outro argumento, utilize o `"."`:

```
y <- rnorm(10)
y %>% plot(x = 1:length(y), y = ., pch = 18)
```



2.11 O pacote `dplyr`

O pacote `dplyr` é muito útil para manipulação eficiente de data frames. Vamos demonstrar alguns exemplos usando o conjunto de dados `hflights`.

```
library(dplyr)
library(hflights)
data(hflights)
```

Primeiro, converta os dados para o formato `tbl_df`, uma variação mais amigável do `data.frame`:

```
flights <- tbl_df(hflights)
```

2.11.1 Filter

A função `filter` retorna todas as linhas que satisfazem uma condição. Por exemplo, para mostrar todos os voos do dia 1º de janeiro:

```
flights %>% filter(Month == 1, DayofMonth == 1)
```

```
# A tibble: 552 x 21
    Year Month DayofMonth DayOfWeek DepTime ArrTime UniqueCarrier FlightNum
   <int> <int>      <int>     <int>   <int>   <int> <chr>             <int>
 1  2011     1          1         6    1400    1500 AA                  428
 2  2011     1          1         6     728     840 AA                  460
 3  2011     1          1         6    1631    1736 AA                 1121
 4  2011     1          1         6    1756    2112 AA                 1294
 5  2011     1          1         6    1012    1347 AA                 1700
 6  2011     1          1         6    1211    1325 AA                 1820
 7  2011     1          1         6     557     906 AA                 1994
 8  2011     1          1         6    1824    2106 AS                  731
 9  2011     1          1         6     654    1124 B6                  620
10  2011     1          1         6    1639    2110 B6                  622
# i 542 more rows
# i 13 more variables: TailNum <chr>, ActualElapsedTime <int>, AirTime <int>,
#   ArrDelay <int>, DepDelay <int>, Origin <chr>, Dest <chr>, Distance <int>,
#   TaxiIn <int>, TaxiOut <int>, Cancelled <int>, CancellationCode <chr>,
#   Diverted <int>
```

Para condições alternativas, podemos usar o operador | (ou) ou %in%:

```
flights %>% filter(UniqueCarrier %in% c("AA", "UA"))
```

```
# A tibble: 5,316 x 21
    Year Month DayofMonth DayOfWeek DepTime ArrTime UniqueCarrier FlightNum
   <int> <int>      <int>     <int>   <int>   <int> <chr>              <int>
 1  2011     1          1         6    1400    1500 AA                   428
 2  2011     1          2         7    1401    1501 AA                   428
 3  2011     1          3         1    1352    1502 AA                   428
 4  2011     1          4         2    1403    1513 AA                   428
 5  2011     1          5         3    1405    1507 AA                   428
 6  2011     1          6         4    1359    1503 AA                   428
 7  2011     1          7         5    1359    1509 AA                   428
 8  2011     1          8         6    1355    1454 AA                   428
 9  2011     1          9         7    1443    1554 AA                   428
10  2011     1         10         1    1443    1553 AA                   428
# i 5,306 more rows
# i 13 more variables: TailNum <chr>, ActualElapsedTime <int>, AirTime <int>,
#   ArrDelay <int>, DepDelay <int>, Origin <chr>, Dest <chr>, Distance <int>,
#   TaxiIn <int>, TaxiOut <int>, Cancelled <int>, CancellationCode <chr>,
#   Diverted <int>
```

2.11.2 Select

A função `select` seleciona colunas específicas de um data frame. Para selecionar as colunas `DepTime`, `ArrTime`, e `FlightNum`:

```
flights %>% select(DepTime, ArrTime, FlightNum)
```

```
# A tibble: 227,496 x 3
   DepTime ArrTime FlightNum
     <int>   <int>     <int>
 1    1400    1500       428
 2    1401    1501       428
 3    1352    1502       428
 4    1403    1513       428
 5    1405    1507       428
 6    1359    1503       428
 7    1359    1509       428
 8    1355    1454       428
```

```
 9    1443    1554       428
10    1443    1553       428
# i 227,486 more rows
```

Para selecionar todas as colunas que contêm "Taxi" ou "Delay":

```
flights %>% select(contains("Taxi"), contains("Delay"))
```

```
# A tibble: 227,496 x 4
   TaxiIn TaxiOut ArrDelay DepDelay
    <int>   <int>    <int>    <int>
 1      7      13      -10        0
 2      6       9       -9        1
 3      5      17       -8       -8
 4      9      22        3        3
 5      9       9       -3        5
 6      6      13       -7       -1
 7     12      15       -1       -1
 8      7      12      -16       -5
 9      8      22       44       43
10      6      19       43       43
# i 227,486 more rows
```

2.11.3 Arrange

A função `arrange` ordena o data frame de acordo com algum critério. Para ordenar pelo atraso de partida (`DepDelay`):

```
flights %>% arrange(DepDelay)
```

```
# A tibble: 227,496 x 21
    Year Month DayofMonth DayOfWeek DepTime ArrTime UniqueCarrier FlightNum
   <int> <int>      <int>     <int>   <int>   <int> <chr>             <int>
 1  2011    12         24         6    1112    1314 OO                 5440
 2  2011     2         14         1    1917    2027 MQ                 3328
 3  2011     4         10         7    2101    2206 XE                 2669
 4  2011     8          3         3    1741    1810 XE                 2603
 5  2011     1         18         2    1542    1936 CO                 1688
 6  2011    10          4         2    1438    1813 EV                 5412
 7  2011     1         26         3    2248    2343 XE                 2450
```

```
 8  2011     3          8         2     953    1156 CO                 1882
 9  2011     3         18         5    2103    2156 XE                 2261
10  2011     4          3         7    1048    1307 MQ                 3796
# i 227,486 more rows
# i 13 more variables: TailNum <chr>, ActualElapsedTime <int>, AirTime <int>,
#   ArrDelay <int>, DepDelay <int>, Origin <chr>, Dest <chr>, Distance <int>,
#   TaxiIn <int>, TaxiOut <int>, Cancelled <int>, CancellationCode <chr>,
#   Diverted <int>
```

Para ordem decrescente:

```
flights %>% arrange(desc(DepDelay))
```

```
# A tibble: 227,496 x 21
    Year Month DayofMonth DayOfWeek DepTime ArrTime UniqueCarrier FlightNum
   <int> <int>      <int>     <int>   <int>   <int> <chr>              <int>
 1  2011     8          1         1     156     452 CO                     1
 2  2011    12         12         1     650     808 AA                  1740
 3  2011    11          8         2     721     948 MQ                  3786
 4  2011     6         21         2    2334     124 UA                   855
 5  2011     6          9         4    2029    2243 MQ                  3859
 6  2011     5         20         5     858    1027 MQ                  3328
 7  2011     1         20         4     635     807 CO                    59
 8  2011     6         22         3     908    1040 CO                   595
 9  2011    10         25         2    2310     149 DL                  1215
10  2011    12         13         2     706     824 MQ                  3328
# i 227,486 more rows
# i 13 more variables: TailNum <chr>, ActualElapsedTime <int>, AirTime <int>,
#   ArrDelay <int>, DepDelay <int>, Origin <chr>, Dest <chr>, Distance <int>,
#   TaxiIn <int>, TaxiOut <int>, Cancelled <int>, CancellationCode <chr>,
#   Diverted <int>
```

2.11.4 Mutate

A função `mutate` cria novas variáveis. Para criar a variável `Speed` (velocidade) e adicioná-la ao banco:

```
flights <- flights %>% mutate(Speed = Distance / AirTime * 60)
```

2.11.5 Summarise e Group_by

A função `summarise` calcula estatísticas resumo. Para calcular o atraso médio de chegada por destino:

```
flights %>% group_by(Dest) %>% summarise(avg_delay = mean(ArrDelay, na.rm = TRUE))
```

```
# A tibble: 116 x 2
   Dest  avg_delay
   <chr>     <dbl>
 1 ABQ        7.23
 2 AEX        5.84
 3 AGS        4
 4 AMA        6.84
 5 ANC       26.1
 6 ASE        6.79
 7 ATL        8.23
 8 AUS        7.45
 9 AVL        9.97
10 BFL      -13.2
# i 106 more rows
```

A função `summarise_each` aplica uma função a várias colunas ao mesmo tempo. Para calcular a média de `Cancelled` e `Diverted` por companhia aérea:

```
flights %>% group_by(UniqueCarrier) %>% summarise_each(funs(mean), Cancelled, Diverted)
```

```
# A tibble: 15 x 3
   UniqueCarrier Cancelled Diverted
   <chr>             <dbl>    <dbl>
 1 AA              0.0185   0.00185
 2 AS              0        0.00274
 3 B6              0.0259   0.00576
 4 CO              0.00678  0.00263
 5 DL              0.0159   0.00303
 6 EV              0.0345   0.00318
 7 F9              0.00716  0
 8 FL              0.00982  0.00327
 9 MQ              0.0290   0.00194
10 OO              0.0139   0.00349
11 UA              0.0164   0.00241
```

```
12 US              0.0113   0.00147
13 WN              0.0155   0.00229
14 XE              0.0155   0.00345
15 YV              0.0127   0
```

Também podemos aplicar várias funções a uma mesma coluna:

```
flights %>% group_by(UniqueCarrier) %>% summarise_each(funs(mean, var), Cancelled, Diverted)
```

```
# A tibble: 15 x 5
   UniqueCarrier Cancelled_mean Diverted_mean Cancelled_var Diverted_var
   <chr>                  <dbl>         <dbl>         <dbl>        <dbl>
 1 AA                    0.0185       0.00185       0.0182       0.00185
 2 AS                    0            0.00274       0            0.00274
 3 B6                    0.0259       0.00576       0.0253       0.00573
 4 CO                    0.00678      0.00263       0.00674      0.00262
 5 DL                    0.0159       0.00303       0.0157       0.00302
 6 EV                    0.0345       0.00318       0.0333       0.00317
 7 F9                    0.00716      0             0.00712      0
 8 FL                    0.00982      0.00327       0.00973      0.00326
 9 MQ                    0.0290       0.00194       0.0282       0.00193
10 OO                    0.0139       0.00349       0.0138       0.00347
11 UA                    0.0164       0.00241       0.0161       0.00241
12 US                    0.0113       0.00147       0.0111       0.00147
13 WN                    0.0155       0.00229       0.0153       0.00229
14 XE                    0.0155       0.00345       0.0153       0.00344
15 YV                    0.0127       0             0.0127       0
```

Além disso, podemos usar o operador "." para aplicar funções com múltiplos argumentos:

```
flights %>% group_by(UniqueCarrier) %>% summarise_each(funs(min(., na.rm = TRUE), max(., na.r
```

```
# A tibble: 15 x 5
   UniqueCarrier ArrDelay_min DepDelay_min ArrDelay_max DepDelay_max
   <chr>               <int>        <int>        <int>        <int>
 1 AA                    -39          -15          978          970
 2 AS                    -43          -15          183          172
 3 B6                    -44          -14          335          310
 4 CO                    -55          -18          957          981
 5 DL                    -32          -17          701          730
 6 EV                    -40          -18          469          479
```

```
 7 F9                    -24          -15          277          275
 8 FL                    -30          -14          500          507
 9 MQ                    -38          -23          918          931
10 OO                    -57          -33          380          360
11 UA                    -47          -11          861          869
12 US                    -42          -17          433          425
13 WN                    -44          -10          499          548
14 XE                    -70          -19          634          628
15 YV                    -32          -11           72           54
```

Por fim, podemos realizar agrupamentos múltiplos:

```
flights %>% group_by(UniqueCarrier, DayOfWeek) %>% summarise_each(funs(min(., na.rm = TRUE),
```

```
# A tibble: 105 x 6
# Groups:   UniqueCarrier [15]
   UniqueCarrier DayOfWeek ArrDelay_min DepDelay_min ArrDelay_max DepDelay_max
   <chr>             <int>        <int>        <int>        <int>        <int>
 1 AA                    1          -30          -14          978          970
 2 AA                    2          -30          -12          265          286
 3 AA                    3          -33          -15          179          168
 4 AA                    4          -38          -15          663          653
 5 AA                    5          -28          -13          255          234
 6 AA                    6          -39          -13          685          677
 7 AA                    7          -34          -15          507          525
 8 AS                    1          -30          -12          183          172
 9 AS                    2          -34          -12           92           68
10 AS                    3          -29          -12          123          138
# i 95 more rows
```

Aqui está a seção sobre o **pacote `ggplot2`** e `tidyr` atualizada, mantendo a clareza e estrutura para fins didáticos:

2.12 O pacote `ggplot2`

Nota: Esta seção foi adaptada de curso-r.com.

O `ggplot2` é um pacote do R voltado para a criação de gráficos estatísticos. Ele é baseado na Gramática dos Gráficos (Grammar of Graphics) de Leland Wilkinson. Segundo essa gramática, um gráfico estatístico é um mapeamento dos dados por meio de atributos estéticos (cores, formas, tamanho) de formas geométricas (pontos, linhas, barras).

```
library(ggplot2)
```

2.12.1 Construindo gráficos

Vamos discutir os aspectos básicos para a construção de gráficos com o `ggplot2`, utilizando o conjunto de dados `mtcars`. Para visualizar as primeiras linhas:

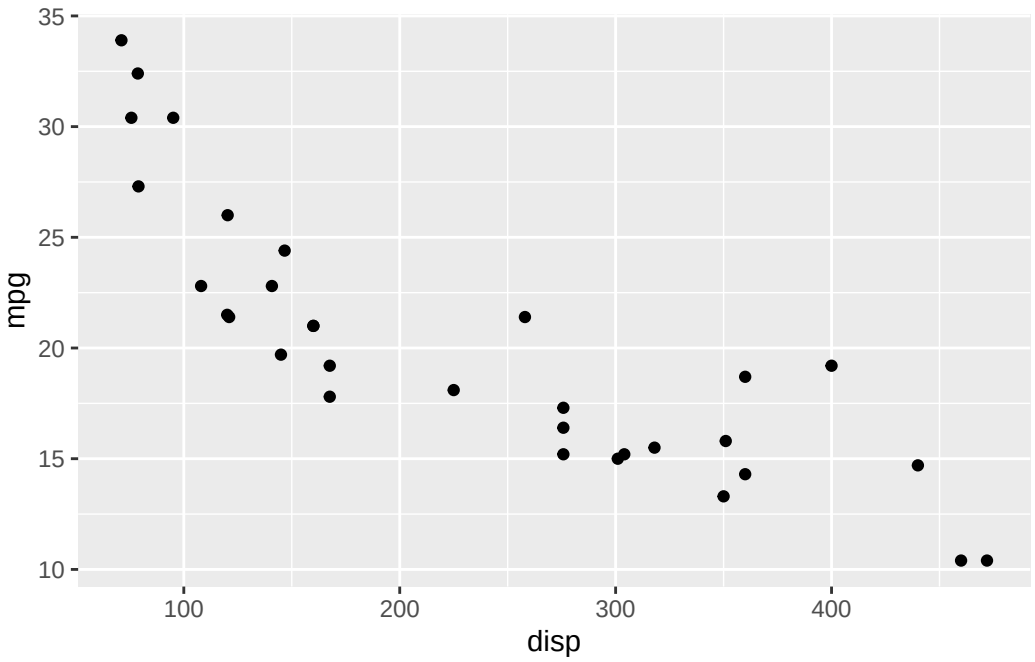
```
head(mtcars)
```

```
                   mpg cyl disp  hp drat    wt  qsec vs am gear carb
Mazda RX4         21.0   6  160 110 3.90 2.620 16.46  0  1    4    4
Mazda RX4 Wag     21.0   6  160 110 3.90 2.875 17.02  0  1    4    4
Datsun 710        22.8   4  108  93 3.85 2.320 18.61  1  1    4    1
Hornet 4 Drive    21.4   6  258 110 3.08 3.215 19.44  1  0    3    1
Hornet Sportabout 18.7   8  360 175 3.15 3.440 17.02  0  0    3    2
Valiant           18.1   6  225 105 2.76 3.460 20.22  1  0    3    1
```

2.12.2 As camadas de um gráfico

Os gráficos no `ggplot2` são construídos camada por camada. A primeira camada é criada com a função `ggplot`. Um exemplo de gráfico simples:

```
ggplot(data = mtcars) +
  geom_point(aes(x = disp, y = mpg))
```

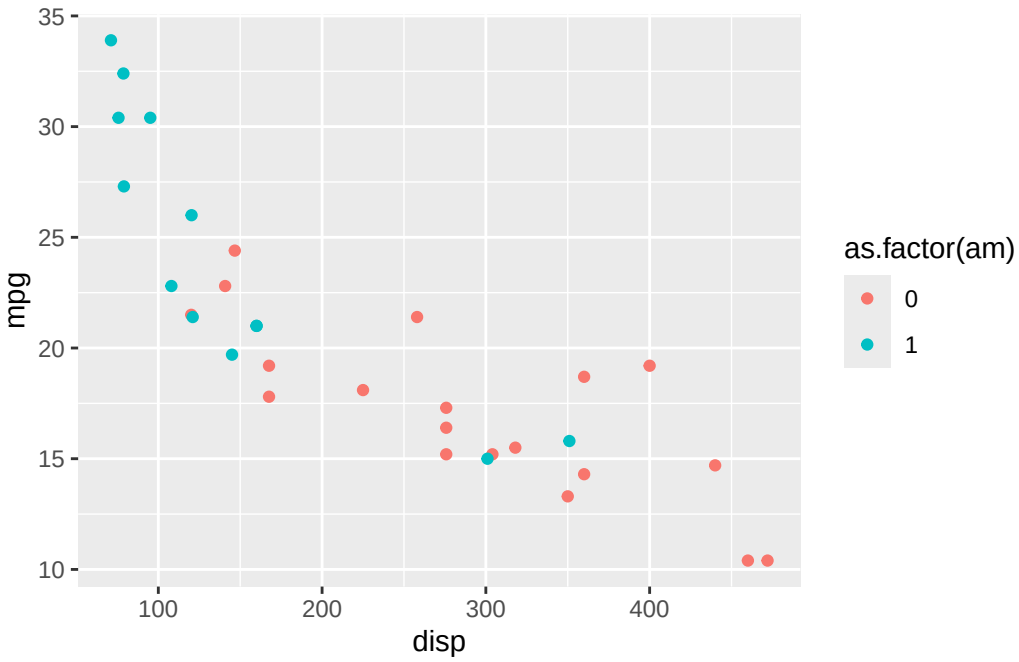


A função `aes` define o mapeamento entre as variáveis e os aspectos visuais. Neste caso, estamos criando um gráfico de dispersão (com `geom_point`) entre `disp` (cilindradas) e `mpg` (milhas por galão).

2.12.3 Aesthetics

Podemos mapear variáveis a diferentes aspectos estéticos, como cor e tamanho. Por exemplo, para mapear a variável `am` (transmissão) para a cor dos pontos:

```
ggplot(data = mtcars) +
  geom_point(aes(x = disp, y = mpg, colour = as.factor(am)))
```



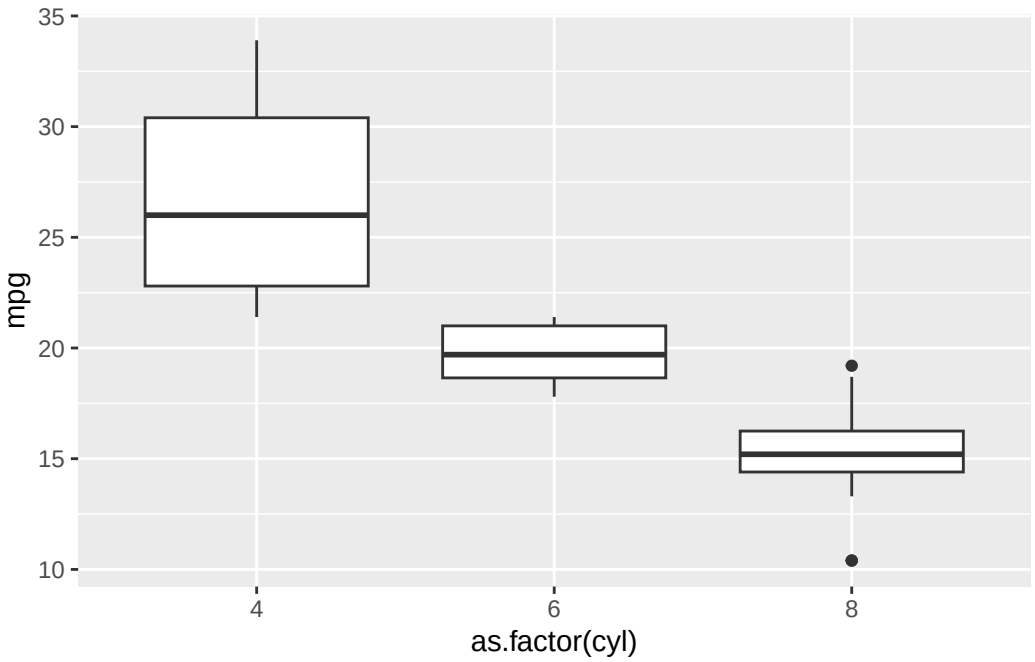
2.12.4 Geoms

Os `geoms` definem as formas geométricas usadas para a visualização dos dados. Além de `geom_point`, podemos usar:

- `geom_line` para linhas
- `geom_boxplot` para boxplots
- `geom_histogram` para histogramas

Exemplo de um boxplot:

```
ggplot(mtcars) +
  geom_boxplot(aes(x = as.factor(cyl), y = mpg))
```

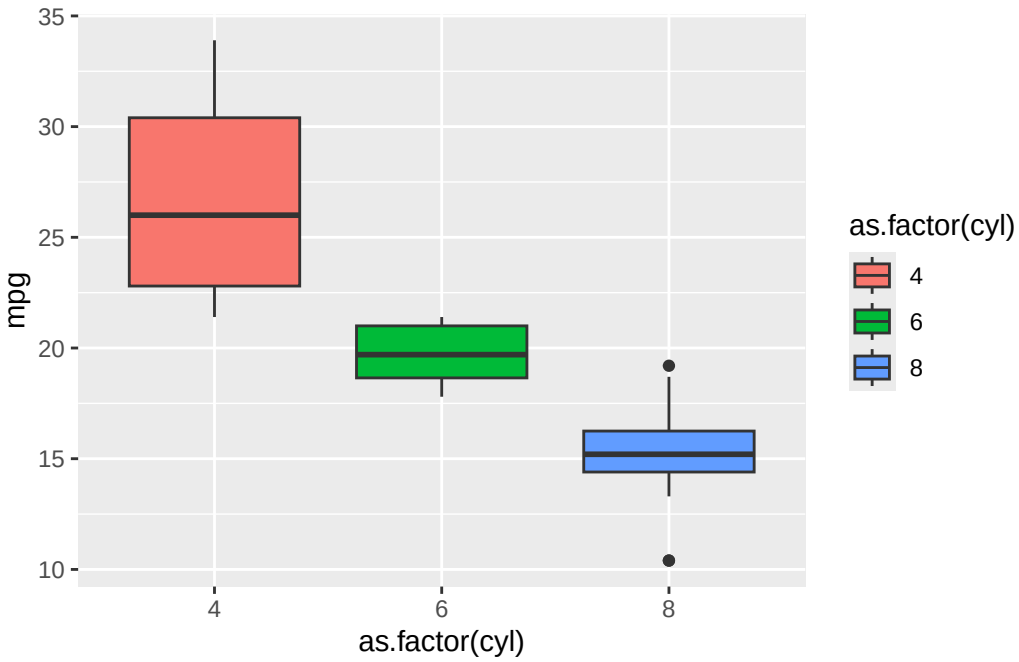


2.12.5 Personalizando os gráficos

2.12.5.1 Cores

Para mudar as cores do gráfico, podemos usar o argumento `colour` ou `fill`:

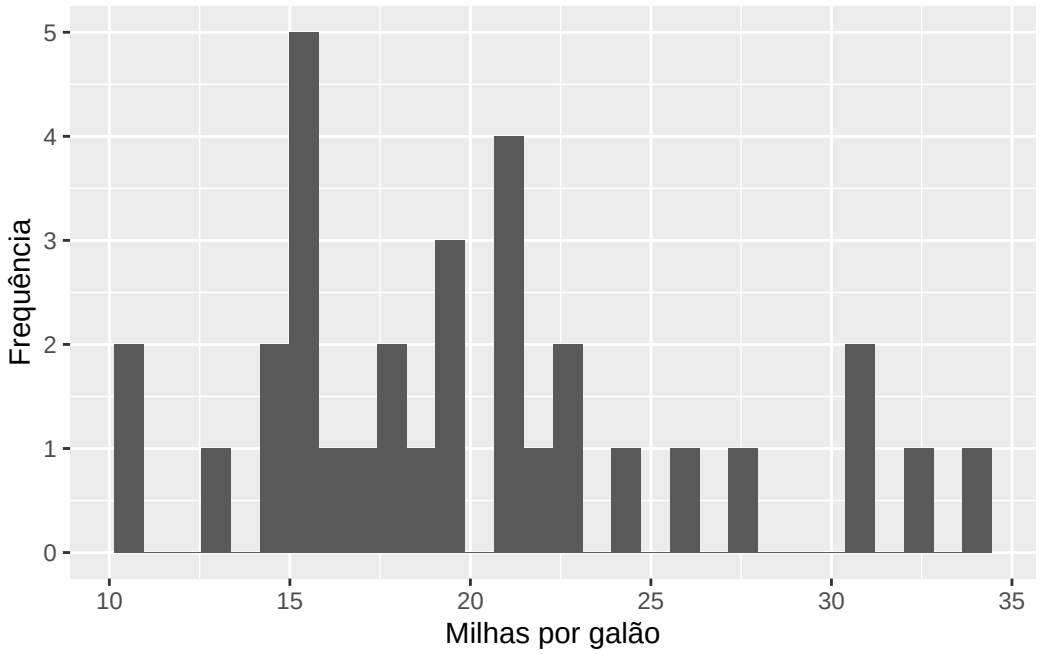
```
ggplot(mtcars) +
  geom_boxplot(aes(x = as.factor(cyl), y = mpg, fill = as.factor(cyl)))
```



2.12.5.2 Eixos

Para alterar os rótulos dos eixos:

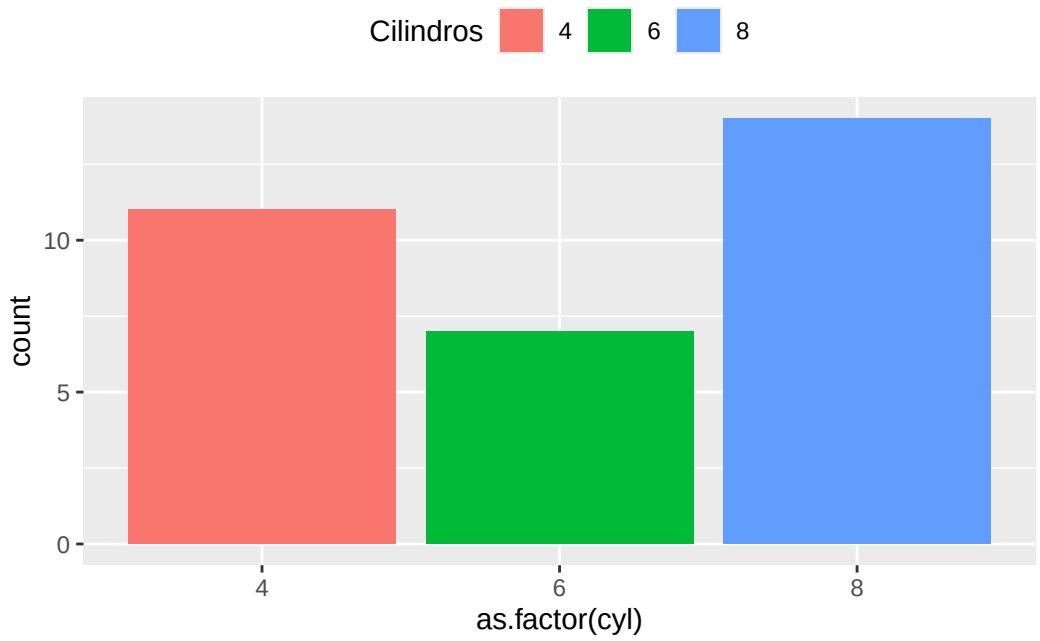
```
ggplot(mtcars) +
  geom_histogram(aes(x = mpg)) +
  xlab("Milhas por galão") +
  ylab("Frequência")
```



2.12.5.3 Legendas

Podemos personalizar ou remover legendas facilmente:

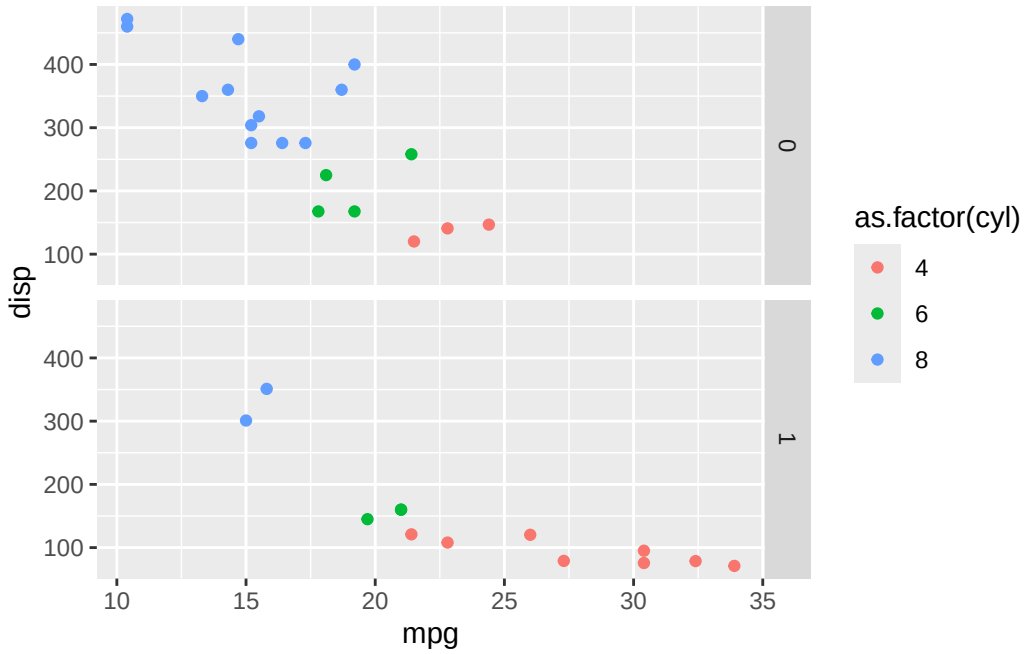
```
ggplot(mtcars) +
  geom_bar(aes(x = as.factor(cyl), fill = as.factor(cyl))) +
  labs(fill = "Cilindros") +
  theme(legend.position = "top")
```



2.12.6 Facets

O `facet_grid` permite dividir o gráfico em subgráficos com base em uma variável:

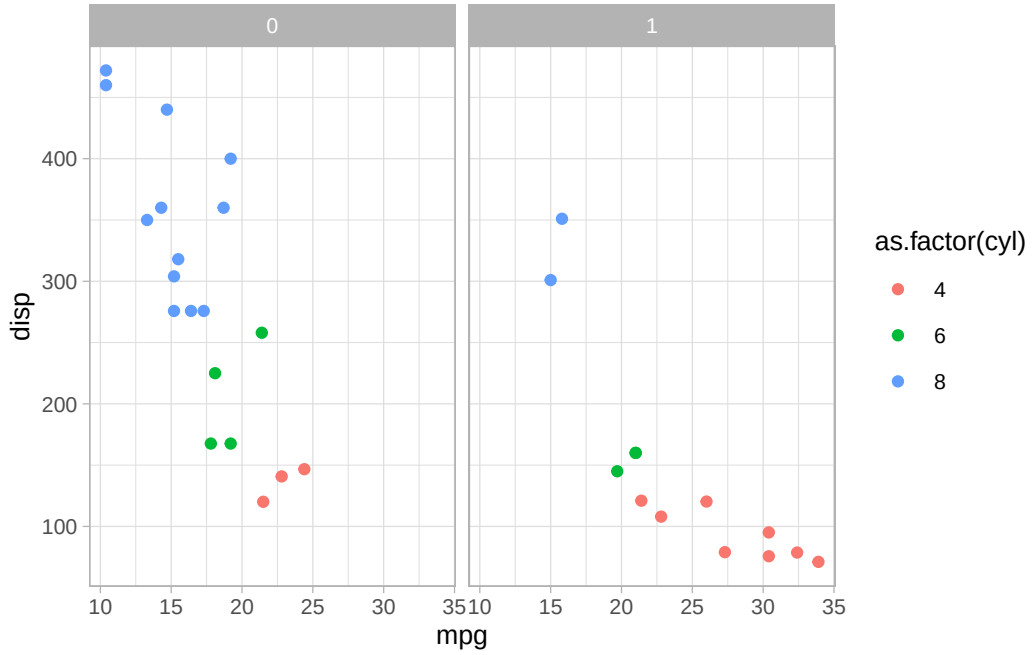
```
ggplot(mtcars) +
  geom_point(aes(x = mpg, y = disp, colour = as.factor(cyl))) +
  facet_grid(am ~ .)
```



2.12.7 Temas

Podemos mudar o tema de um gráfico com a função `theme_set`:

```
theme_set(theme_light(base_size = 10))
ggplot(mtcars) +
  geom_point(aes(x = mpg, y = disp, colour = as.factor(cyl))) +
  facet_grid(. ~ am)
```



2.13 O pacote `tidyr`

O pacote `tidyr` facilita a transformação e organização de dados no R. Para converter os dados de formato "wide" (largo) para "long" (longo), podemos utilizar a função `pivot_longer`, que substitui a antiga função `gather`. Considere os dados a seguir:

```
dados.originais <- data.frame(
  paciente = c("João", "Marcos", "Antonio"),
  pressao.antes = c(67, 80, 64),
  pressao.durante = c(54, 70, 60),
  pressao.depois = c(56, 90, 50)
)
dados.originais
```

```
  paciente pressao.antes pressao.durante pressao.depois
1     João            67              54             56
2   Marcos            80              70             90
3  Antonio            64              60             50
```

Para reorganizar esses dados em um formato "long", usando `pivot_longer`:

```r
library(tidyr)
dados.novo.formato <- dados.originais %>%
  pivot_longer(cols = pressao.antes:pressao.depois,
               names_to = "instante",
               values_to = "pressao.arterial")
dados.novo.formato
```

```
# A tibble: 9 x 3
  paciente instante        pressao.arterial
  <chr>    <chr>                      <dbl>
1 João     pressao.antes                 67
2 João     pressao.durante               54
3 João     pressao.depois                56
4 Marcos   pressao.antes                 80
5 Marcos   pressao.durante               70
6 Marcos   pressao.depois                90
7 Antonio  pressao.antes                 64
8 Antonio  pressao.durante               60
9 Antonio  pressao.depois                50
```

A função `pivot_wider` é usada para converter dados de formato "long" (longo) para "wide" (largo), espalhando uma variável por várias colunas. Vamos começar com um conjunto de dados em formato "long" e então reorganizá-los para o formato "wide".

Considere o conjunto de dados `dados.novo.formato` que organizamos anteriormente:

```r
dados.novo.formato <- data.frame(
  paciente = c("João", "Marcos", "Antonio", "João", "Marcos", "Antonio", "João", "Marcos", "
  instante = c("pressao.antes", "pressao.antes", "pressao.antes", "pressao.durante", "pressa
  pressao.arterial = c(67, 80, 64, 54, 70, 60, 56, 90, 50)
)
dados.novo.formato
```

```
  paciente        instante pressao.arterial
1     João   pressao.antes               67
2   Marcos   pressao.antes               80
3  Antonio   pressao.antes               64
4     João pressao.durante               54
5   Marcos pressao.durante               70
6  Antonio pressao.durante               60
7     João  pressao.depois               56
```

```
8   Marcos  pressao.depois               90
9  Antonio  pressao.depois               50
```

Agora, vamos usar `pivot_wider` para transformar esses dados de volta ao formato "wide":

```
dados.wide <- dados.novo.formato %>%
  pivot_wider(names_from = instante, values_from = pressao.arterial)
dados.wide
```

```
# A tibble: 3 x 4
  paciente pressao.antes pressao.durante pressao.depois
  <chr>            <dbl>           <dbl>          <dbl>
1 João                67              54             56
2 Marcos              80              70             90
3 Antonio             64              60             50
```

Temos os seguintes argumentos: - `names_from` especifica a coluna cujos valores serão usados para criar novos nomes de colunas (neste caso, a variável `instante`). - `values_from` especifica a coluna cujos valores serão preenchidos nas novas colunas criadas (neste caso, a variável `pressao.arterial`).

Aqui está um exemplo de como o pacote `tidyr` pode ser usado para manipular os dados antes de visualizá-los com gráficos no `ggplot2`.

2.13.1 Exemplo: Manipulação e Visualização com `pivot_longer` e `ggplot2`

O pacote tidyr é particularmente últil dentro do ggplot2. Vamos continuar com o exemplo dos dados de pressão arterial. Suponha que você queira visualizar as variações da pressão arterial dos pacientes em diferentes instantes.

Primeiro, vamos reorganizar os dados usando `pivot_longer` para colocar os dados no formato "long", que é mais adequado para gráficos com o `ggplot2`:

```
library(tidyr)
library(ggplot2)

# Dados originais no formato "wide"
dados.originais <- data.frame(
  paciente = c("João", "Marcos", "Antonio"),
  pressao.antes = c(67, 80, 64),
  pressao.durante = c(54, 70, 60),
  pressao.depois = c(56, 90, 50)
```

```
)
dados.originais
```

```
  paciente pressao.antes pressao.durante pressao.depois
1     João            67              54             56
2   Marcos            80              70             90
3  Antonio            64              60             50
```

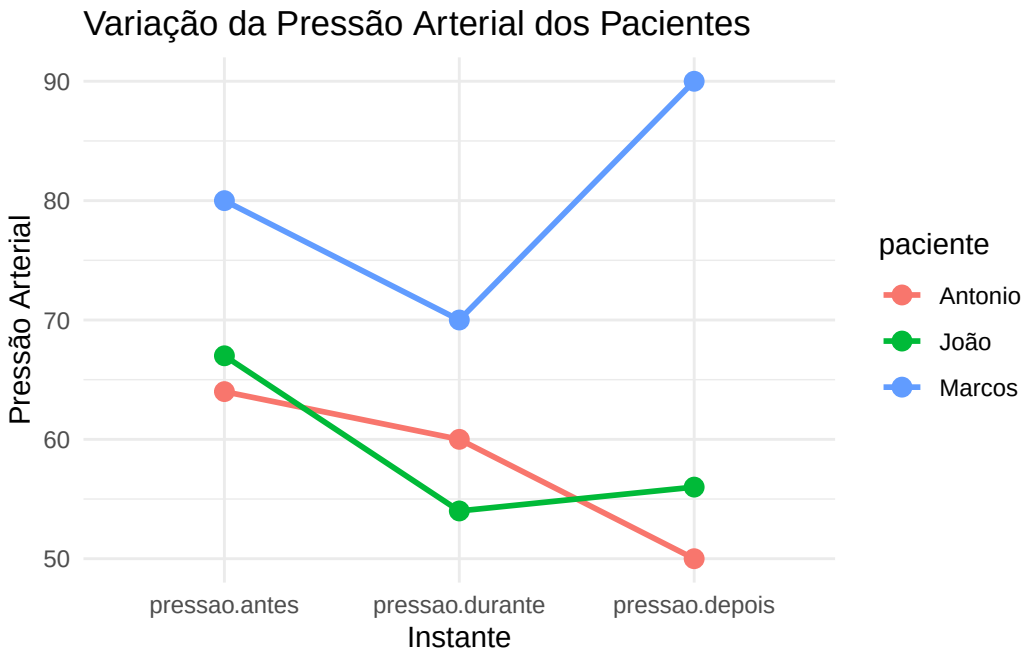
Para usá-los no ggplot, vamos os reorganizar no formato "long":

```
dados.long <- dados.originais %>%
  pivot_longer(cols = pressao.antes:pressao.depois,
               names_to = "instante",
               values_to = "pressao.arterial")
dados.long
```

```
# A tibble: 9 x 3
  paciente instante        pressao.arterial
  <chr>    <chr>                      <dbl>
1 João     pressao.antes                 67
2 João     pressao.durante               54
3 João     pressao.depois                56
4 Marcos   pressao.antes                 80
5 Marcos   pressao.durante               70
6 Marcos   pressao.depois                90
7 Antonio  pressao.antes                 64
8 Antonio  pressao.durante               60
9 Antonio  pressao.depois                50
```

Agora, vamos criar um gráfico de linhas que mostra as mudanças na pressão arterial ao longo do tempo para cada paciente. Note que estamos reordenando o eixo x para levar em conta o carater temporal do problema.

```
ggplot(dados.long, aes(x = factor(instante, levels = c("pressao.antes", "pressao.durante", "p
                       y = pressao.arterial, group = paciente, color = paciente)) +
  geom_line(size = 1) +
  geom_point(size = 3) +
  labs(title = "Variação da Pressão Arterial dos Pacientes",
       x = "Instante",
       y = "Pressão Arterial") +
  theme_minimal()
```



2.14 Leitura de Arquivos com `readr`

O `readr` é um pacote eficiente para leitura de arquivos de dados no R. Vamos explorar como utilizar o `readr` para ler e manipular arquivos CSV. Um arquivo CSV (Comma-Separated Values) é um formato comum para armazenar dados tabulares.

Para começar, carregue o pacote `readr`:

```
library(readr)
```

2.14.1 Exemplo: Leitura de um CSV com Dados Públicos

Vamos usar um banco de dados público disponível na internet. Um exemplo muito comum é o conjunto de dados de passageiros do Titanic, disponível em formato CSV. Para carregar diretamente da internet:

```
url <- "https://raw.githubusercontent.com/datasciencedojo/datasets/master/titanic.csv"
dados_titanic <- read_csv(url)
```

Aqui, estamos carregando os dados diretamente de um link. Após a leitura, podemos visualizar os primeiros registros:

```r
head(dados_titanic)
```

```
# A tibble: 6 x 12
  PassengerId Survived Pclass Name    Sex     Age SibSp Parch Ticket  Fare Cabin
        <dbl>    <dbl>  <dbl> <chr>   <chr> <dbl> <dbl> <dbl> <chr>  <dbl> <chr>
1           1        0      3 Braund~ male     22     1     0 A/5 2~  7.25 <NA>
2           2        1      1 Cuming~ fema~    38     1     0 PC 17~ 71.3  C85
3           3        1      3 Heikki~ fema~    26     0     0 STON/~  7.92 <NA>
4           4        1      1 Futrel~ fema~    35     1     0 113803 53.1  C123
5           5        0      3 Allen,~ male     35     0     0 373450  8.05 <NA>
6           6        0      3 Moran,~ male     NA     0     0 330877  8.46 <NA>
# i 1 more variable: Embarked <chr>
```

2.14.2 Manipulando os Dados Lidos

O `read_csv` detecta automaticamente os tipos de dados de cada coluna. No exemplo dos dados do Titanic, podemos realizar algumas análises rápidas, como visualizar a distribuição de sobreviventes:

```r
table(dados_titanic$Survived)
```

```
  0   1
549 342
```

2.14.3 Salvando o Conjunto de Dados

Se você quiser salvar o conjunto de dados em seu computador após manipulações, basta usar o `write_csv`:

```r
write_csv(dados_titanic, "titanic_local.csv")
```

Aqui está o conjunto de exercícios no formato solicitado:

2.15 Exercícios

Exercício 1.
Execute as seguintes operações no R e interprete os resultados: - $5 + 9$ - $\frac{0}{0}$ - 10^5

Utilize a função `log` para calcular o logaritmo natural de 10 e depois o logaritmo na base 10 de 1000.

Descubra a função que calcula a raiz quadrada de um número utilizando o símbolo de interrogação (`?`), e aplique-a ao número 144.

Exercício 2.
Armazene o resultado de 15×7 em uma variável chamada `resultado`. Use `resultado` para calcular o valor de $2 \times \textit{resultado}$.

Liste todas as variáveis no ambiente do R usando a função `ls()`. Exclua a variável `resultado` e verifique novamente as variáveis presentes.

Exercício 3.
Crie um vetor `v` contendo os números 4, 8, 15, 16, 23, 42. Use subsetting para selecionar: - O segundo e o quarto elemento. - Todos os elementos exceto o terceiro. - Os elementos que são maiores que 10.

Multiplique cada elemento do vetor `v` por 2 e armazene o resultado em um novo vetor `v2`.

Exercício 4.
Verifique se 8 é maior que 5 e se 8 é igual a 10.

Crie dois vetores lógicos `a = c(TRUE, FALSE, TRUE)` e `b = c(FALSE, TRUE, FALSE)`. Aplique os operadores `&`, `|` e `xor()` nesses vetores.

Exercício 5.
Escreva uma função `soma_quadrados` que receba dois números como argumentos e retorne a soma de seus quadrados. Teste sua função com os números 3 e 4.

Modifique a função `soma_quadrados` para que o segundo argumento tenha um valor padrão de 2. Teste a função chamando-a com apenas um argumento.

Exercício 6.
Escreva um laço `for` que calcule a soma dos números de 1 a 100.

Crie um laço `while` que multiplique os números de 1 a 6 e retorne o resultado.

Exercício 7.
Crie duas variáveis com o seu primeiro e último nome. Use a função `paste()` para juntar as duas variáveis em uma frase que diga "Meu nome completo é [nome completo]".

Altere o separador na função `paste()` para um traço `-` e junte novamente as variáveis.

Exercício 8.
Carregue o pacote `dplyr` e use o dataset `mtcars`. Selecione apenas as colunas `mpg`, `cyl`, e `hp`.

Filtre as observações onde `mpg` é maior que 20 e `hp` é menor que 150.

Ordene o dataset filtrado pela coluna `mpg` em ordem decrescente.

Exercício 9.
Usando o dataset `mtcars`, crie um gráfico de dispersão (`geom_point`) que mostre a relação entre `hp` (horsepower) e `mpg` (milhas por galão).

No gráfico anterior, mapeie a variável `cyl` para a cor dos pontos.

Exercício 10. Utilize a base pública de dados de voos da nycflights13 para responder às perguntas abaixo.

1. Carregue o pacote `nycflights13` e explore o dataset `flights`. Visualize as primeiras 6 linhas da base.
2. Filtre todos os voos que decolaram no mês de junho e aterrissaram com atraso maior que 1 hora.
3. Agrupe os dados por companhia aérea (`carrier`) e calcule o atraso médio de chegada (`arr_delay`) para cada companhia.
4. Crie um gráfico de barras que mostre o atraso médio de chegada por companhia aérea.

3 Geração de Números Aleatórios e Aplicação em Estatística

3.1 Objetivo da Aula

Nesta aula, vamos introduzir o conceito de números pseudoaleatórios e como eles podem ser usados para resolver problemas estatísticos por meio de simulação. Vamos abordar a importância da aleatoriedade em estatísticas e em algoritmos de Monte Carlo.

3.2 Conteúdo Teórico

A geração de números aleatórios é essencial em várias áreas da estatística e da ciência de dados. Esses números são utilizados em simulações estocásticas, amostragem e para resolver problemas que envolvem incerteza. Contudo, em computadores, os números "aleatórios" gerados são na verdade pseudoaleatórios, pois seguem uma sequência previsível, gerada por um algoritmo determinístico.

Os números pseudoaleatórios são amplamente usados em algoritmos de Monte Carlo, que dependem da simulação repetida de processos aleatórios para estimar soluções para problemas matemáticos e estatísticos.

3.3 Exemplo de Problema

Vamos resolver o problema de estimar o valor de (Pi) usando um método de Monte Carlo. A ideia é simular a área de um quarto de círculo inscrito em um quadrado. Gerando pontos aleatórios dentro do quadrado, podemos calcular a proporção desses pontos que também caem dentro do círculo e usar essa proporção para estimar o valor de Pi.

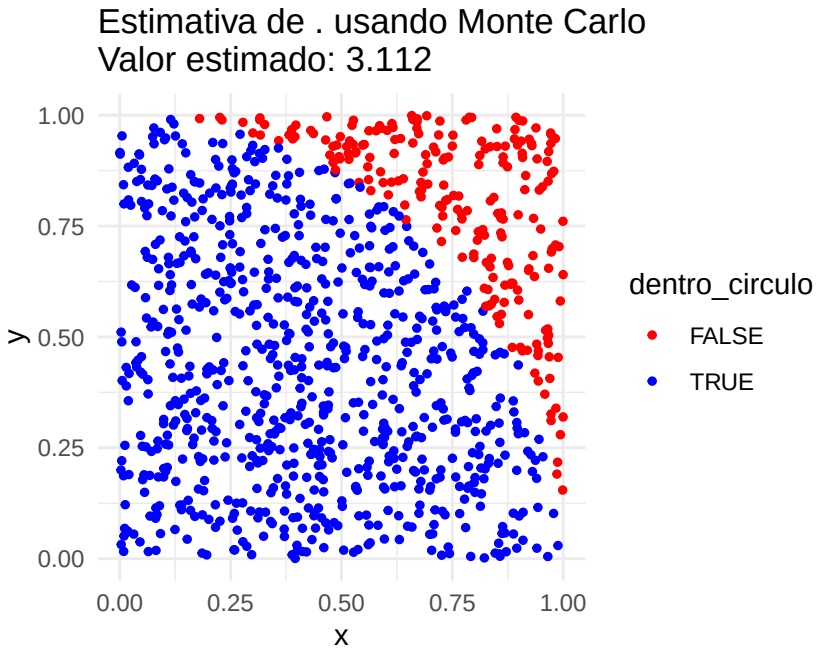
Como fazer isso?

4 R

```r
# Definindo o número de pontos a serem gerados
n_pontos <- 1000

# Gerando pontos aleatórios (x, y) no intervalo [0, 1]
x <- runif(n_pontos, 0, 1)
y <- runif(n_pontos, 0, 1)

# Calculando a distância de cada ponto à origem
distancia <- sqrt(x^2 + y^2)

# Contando quantos pontos estão dentro do quarto de círculo (distância <= 1)
dentro_circulo <- distancia <= 1
pi_estimado <- 4 * sum(dentro_circulo) / n_pontos

# Exibindo o valor estimado de Pi
cat("Valor estimado de  :", pi_estimado, "\n")
```

```
Valor estimado de  : 3.112
```

```r
# Visualizando a distribuição dos pontos
library(ggplot2)

dados <- data.frame(x = x, y = y, dentro_circulo = dentro_circulo)

ggplot(dados, aes(x = x, y = y, color = dentro_circulo)) +
  geom_point(size = 1) +
  scale_color_manual(values = c("red", "blue")) +
  ggtitle(paste0("Estimativa de  usando Monte Carlo\nValor estimado: ", round(pi_estimado, 5
  theme_minimal() +
  coord_equal() +
  labs(x = "x", y = "y")
```

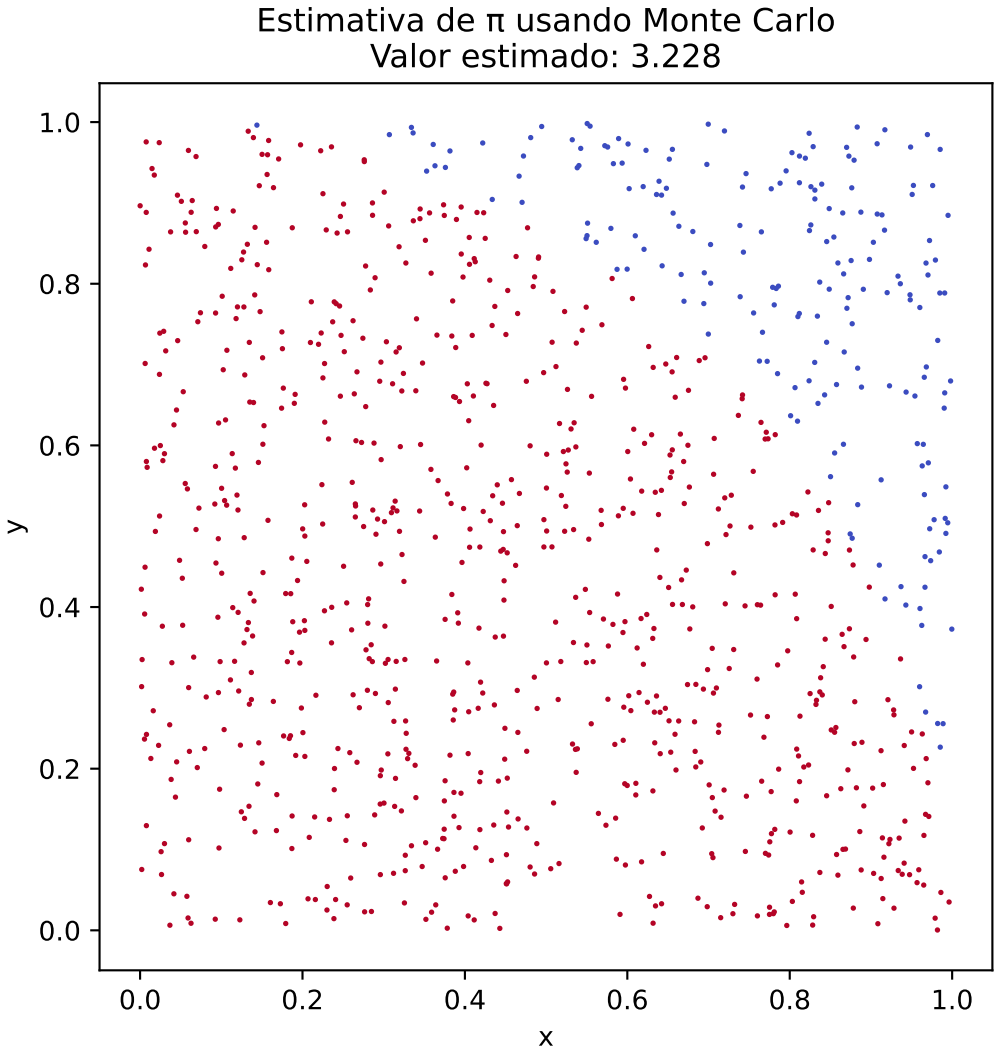

Estimativa de . usando Monte Carlo
Valor estimado: 3.112
1.00
0.75
0.50
0.25
0.00
y
0.00
0.25
0.50
0.75
1.00
x
dentro_circulo
FALSE
TRUE

5 Python

```python
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

# Definindo o número de pontos a serem gerados
n_pontos = 1000

# Gerando pontos aleatórios (x, y) no intervalo [0, 1]
x = np.random.uniform(0, 1, n_pontos)
y = np.random.uniform(0, 1, n_pontos)

# Calculando a distância de cada ponto à origem
distancia = np.sqrt(x**2 + y**2)

# Contando quantos pontos estão dentro do quarto de círculo (distância <= 1)
dentro_circulo = distancia <= 1
pi_estimado = 4 * np.sum(dentro_circulo) / n_pontos

# Exibindo o valor estimado de Pi
print(f"Valor estimado de  : {pi_estimado}")
```

```
Valor estimado de  : 3.228
```

```python
# Visualizando a distribuição dos pontos
plt.figure(figsize=(6,6))
plt.scatter(x, y, c=dentro_circulo, cmap='coolwarm', s=1)
plt.title(f'Estimativa de  usando Monte Carlo\nValor estimado: {pi_estimado}')
plt.xlabel('x')
plt.ylabel('y')
plt.show()
```



5.1 Exemplo: Simulação de um Jogo de Dados com Dado "Viciado"

Imagine que estamos jogando um jogo em que o dado é "viciado" e não segue uma distribuição uniforme, ou seja, alguns números têm uma chance maior de serem sorteados. Por exemplo, o número 6 pode ter uma probabilidade maior, e os outros números, menores.

Isso nos permite mostrar como alterar a probabilidade de ocorrência de eventos em uma

distribuição discreta.

6 R

```r
# Definindo as faces do dado e as probabilidades
faces <- 1:6
probabilidades <- c(0.05, 0.1, 0.15, 0.2, 0.25, 0.25)  # Probabilidades associadas às faces d

# Verificando que a soma das probabilidades é 1
cat("Soma das probabilidades:", sum(probabilidades), "\n")
```

```
Soma das probabilidades: 1
```

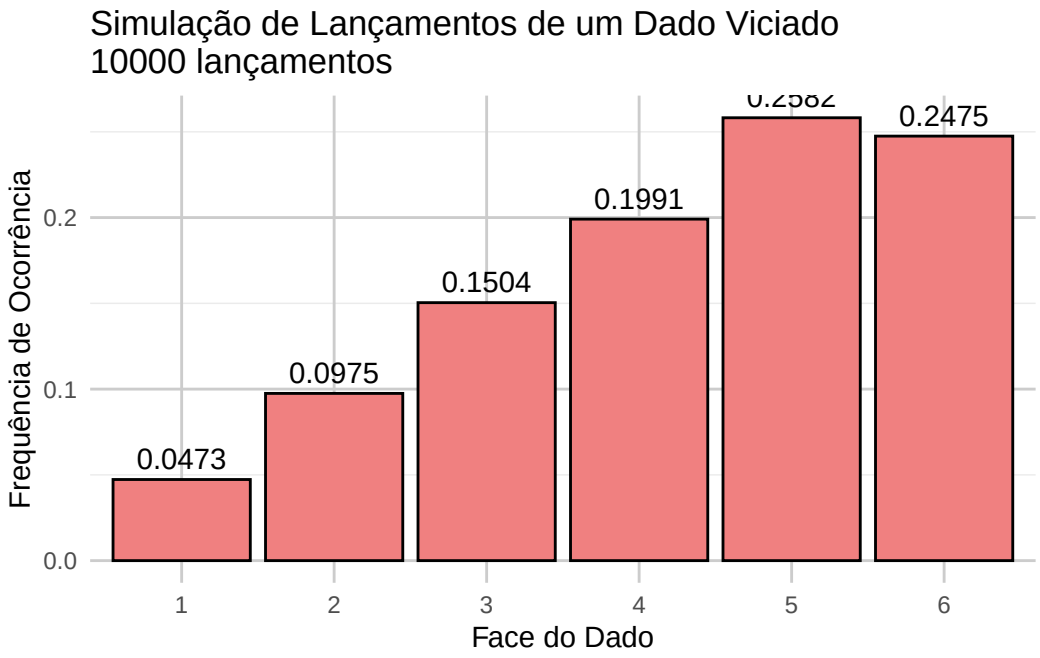
```r
# Simulando 10000 lançamentos de um dado viciado
n_lancamentos <- 10000
set.seed(123)  # Definindo seed para reprodutibilidade
resultados <- sample(faces, size = n_lancamentos, replace = TRUE, prob = probabilidades)

# Contando as frequências de cada face
frequencias <- table(resultados) / n_lancamentos

# Exibindo os resultados da simulação
cat("Frequências de cada face após", n_lancamentos, "lançamentos:\n")
```

```
Frequências de cada face após 10000 lançamentos:
```

```r
for (face in faces) {
  cat("Face", face, ":", frequencias[as.character(face)], "vezes\n")
}
```

```
Face 1 : 0.0473 vezes
Face 2 : 0.0975 vezes
Face 3 : 0.1504 vezes
Face 4 : 0.1991 vezes
Face 5 : 0.2582 vezes
Face 6 : 0.2475 vezes
```

```r
# Visualizando os resultados em um gráfico de barras
library(ggplot2)

dados <- data.frame(faces = as.factor(faces), frequencias = as.numeric(frequencias))

ggplot(dados, aes(x = faces, y = frequencias)) +
  geom_bar(stat = "identity", fill = "lightcoral", color = "black") +
  ggtitle(paste0("Simulação de Lançamentos de um Dado Viciado\n", n_lancamentos, " lançamento
  xlab("Face do Dado") +
  ylab("Frequência de Ocorrência") +
  theme_minimal() +
  geom_text(aes(label = round(frequencias, 4)), vjust = -0.5) +
  theme(panel.grid.major = element_line(color = "grey80"))
```



7 Python

```python
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

# Definindo as faces do dado e as probabilidades
faces = [1, 2, 3, 4, 5, 6]
probabilidades = [0.05, 0.1, 0.15, 0.2, 0.25, 0.25]  # Probabilidades associadas às faces do

# Verificando que a soma das probabilidades é 1
print(f"Soma das probabilidades: {sum(probabilidades)}")
```

```
Soma das probabilidades: 1.0
```

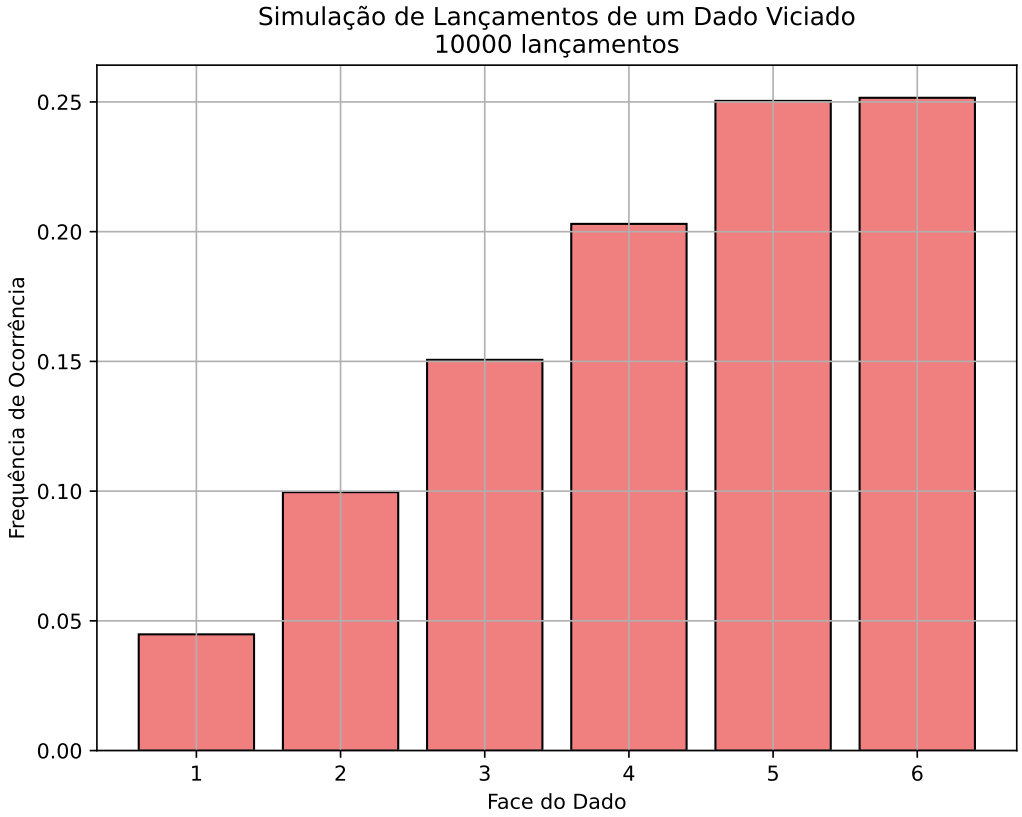
```python
# Simulando 10000 lançamentos de um dado viciado
n_lancamentos = 10000
resultados = np.random.choice(faces, size=n_lancamentos, p=probabilidades)

# Contando as frequências de cada face
frequencias = [np.sum(resultados == face) / n_lancamentos for face in faces]

# Exibindo os resultados da simulação
print(f"Frequências de cada face após {n_lancamentos} lançamentos:")
```

```
Frequências de cada face após 10000 lançamentos:
```

```python
for face, freq in zip(faces, frequencias):
    print(f"Face {face}: {freq} vezes")
```

```
Face 1: 0.0448 vezes
Face 2: 0.0996 vezes
Face 3: 0.1506 vezes
Face 4: 0.203 vezes
Face 5: 0.2504 vezes
Face 6: 0.2516 vezes
```

```
# Visualizando os resultados em um gráfico de barras
plt.figure(figsize=(8,6))
plt.bar(faces, frequencias, color='lightcoral', edgecolor='black')
plt.title(f'Simulação de Lançamentos de um Dado Viciado\n{n_lancamentos} lançamentos')
plt.xlabel('Face do Dado')
plt.ylabel('Frequência de Ocorrência')
plt.grid(True)
plt.show()
```



7.1 Conseguimos repetir o experimento anterior utilizando apenas uma uniforme?

Podemos utilizar uma única distribuição uniforme para simular o lançamento de um dado viciado. Ao dividir o intervalo [0, 1] em partes proporcionais às probabilidades das faces

do dado, podemos mapear cada número aleatório gerado a uma das faces, de acordo com o intervalo no qual o número cai. Abaixo está um exemplo de como realizar essa simulação.

8 R

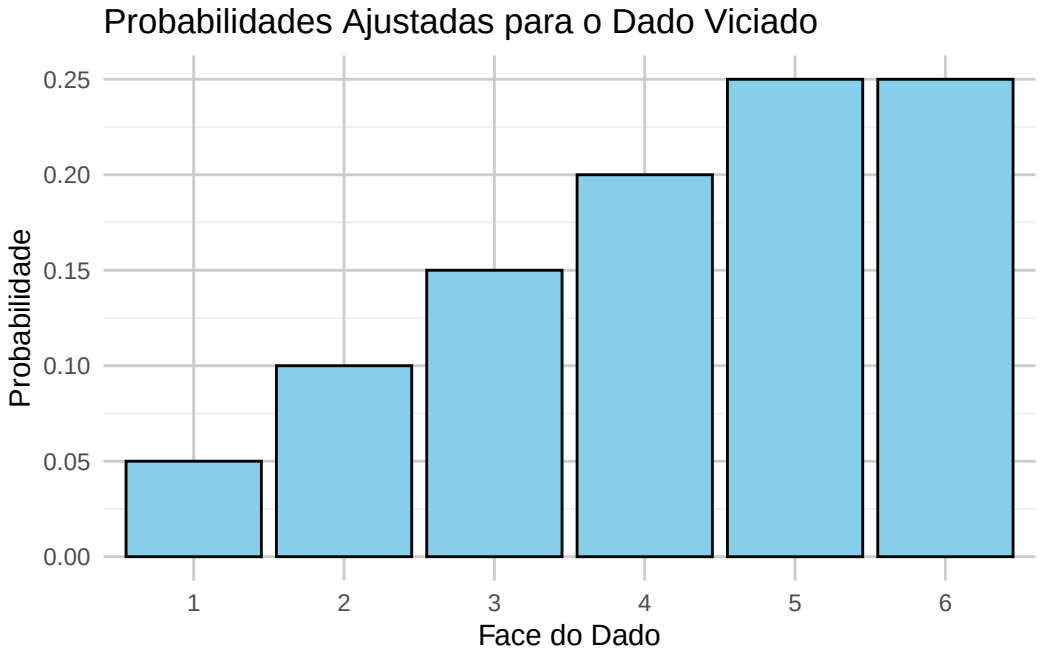
```r
# Definindo as faces do dado e as probabilidades associadas (não uniformes)
faces <- 1:6
probabilidades <- c(0.05, 0.1, 0.15, 0.2, 0.25, 0.25)  # Probabilidades associadas às faces d

# Função para gerar uma amostra baseada em intervalos de probabilidades
gerar_amostra_por_intervalos <- function(probabilidades, faces) {
  u <- runif(1)  # Gerando um número aleatório uniforme
  limite_inferior <- 0  # Limite inferior do intervalo

  # Percorrendo as probabilidades e verificando em qual intervalo o número cai
  for (i in seq_along(probabilidades)) {
    limite_superior <- limite_inferior + probabilidades[i]  # Definindo o limite superior do
    if (limite_inferior <= u && u < limite_superior) {
      return(faces[i])  # Retorna a face correspondente ao intervalo
    }
    limite_inferior <- limite_superior  # Atualiza o limite inferior para o próximo intervalo
  }
}

# Simulando lançamentos do dado viciado utilizando a verificação dos intervalos
n_lancamentos <- 10000
set.seed(123)  # Definindo seed para reprodutibilidade
resultados <- replicate(n_lancamentos, gerar_amostra_por_intervalos(probabilidades, faces))

# Contando as frequências de cada face
frequencias <- sapply(faces, function(face) sum(resultados == face) / n_lancamentos)

# Exibindo os resultados da simulação
cat("Frequências de cada face após", n_lancamentos, "lançamentos:\n")
```

```
Frequências de cada face após 10000 lançamentos:
```

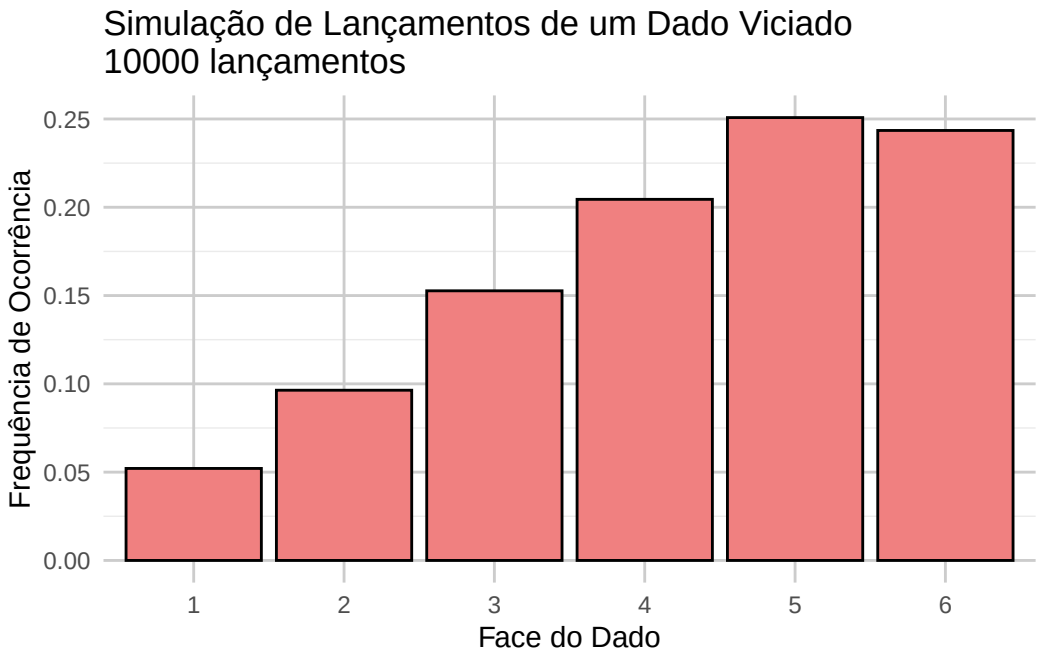
```r
for (i in seq_along(faces)) {
  cat("Face", faces[i], ":", frequencias[i], "vezes\n")
}
```

```
Face 1 : 0.0521 vezes
Face 2 : 0.0964 vezes
Face 3 : 0.1527 vezes
Face 4 : 0.2045 vezes
Face 5 : 0.2508 vezes
Face 6 : 0.2435 vezes
```

```r
# Visualizando os resultados em gráficos

library(ggplot2)

# Gráfico das probabilidades ajustadas
dados_probabilidades <- data.frame(faces = as.factor(faces), probabilidades = probabilidades)
ggplot(dados_probabilidades, aes(x = faces, y = probabilidades)) +
  geom_bar(stat = "identity", fill = "skyblue", color = "black") +
  ggtitle("Probabilidades Ajustadas para o Dado Viciado") +
  xlab("Face do Dado") +
  ylab("Probabilidade") +
  theme_minimal() +
  theme(panel.grid.major = element_line(color = "grey80"))
```




```r
# Gráfico das frequências obtidas
dados_frequencias <- data.frame(faces = as.factor(faces), frequencias = frequencias)
ggplot(dados_frequencias, aes(x = faces, y = frequencias)) +
  geom_bar(stat = "identity", fill = "lightcoral", color = "black") +
  ggtitle(paste0("Simulação de Lançamentos de um Dado Viciado\n", n_lancamentos, " lançament
  xlab("Face do Dado") +
  ylab("Frequência de Ocorrência") +
  theme_minimal() +
  theme(panel.grid.major = element_line(color = "grey80"))
```


Simulação de Lançamentos de um Dado Viciado
10000 lançamentos
Frequência de Ocorrência
0.25
0.20
0.15
0.10
0.05
0.00
1
2
3
4
5
6
Face do Dado

9 Python

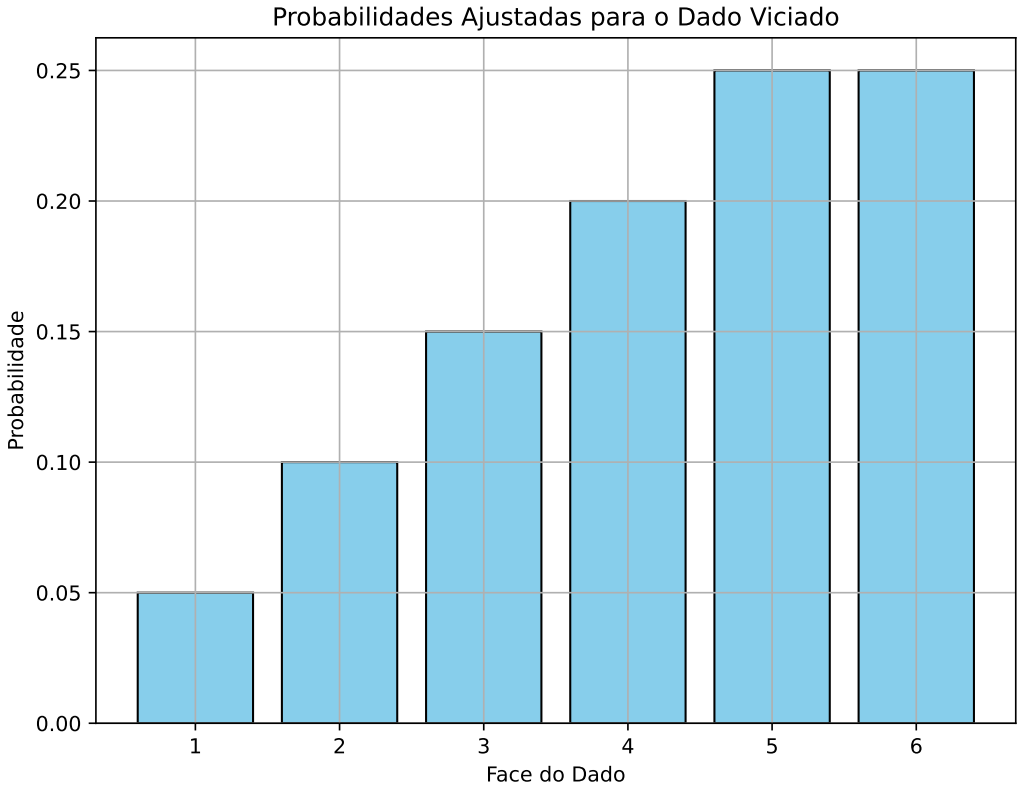
```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

# Definindo as faces do dado e as probabilidades associadas (não uniformes)
faces = [1, 2, 3, 4, 5, 6]
probabilidades = [0.05, 0.1, 0.15, 0.2, 0.25, 0.25]  # Probabilidades associadas às faces do

# Gerando um número aleatório e verificando em qual intervalo ele cai
def gerar_amostra_por_intervalos(probabilidades, faces):
    u = np.random.uniform(0, 1)  # Gerando um número aleatório uniforme
    limite_inferior = 0  # Limite inferior do intervalo

    # Percorrendo as probabilidades e verificando em qual intervalo o número cai
    for i, p in enumerate(probabilidades):
        limite_superior = limite_inferior + p  # Definindo o limite superior do intervalo
        if limite_inferior <= u < limite_superior:
            return faces[i]  # Retorna a face correspondente ao intervalo
        limite_inferior = limite_superior  # Atualiza o limite inferior para o próximo interv

# Simulando lançamentos do dado viciado utilizando a verificação dos intervalos
n_lancamentos = 10000
resultados = [gerar_amostra_por_intervalos(probabilidades, faces) for _ in range(n_lancamento

# Contando as frequências de cada face
frequencias = [np.sum(np.array(resultados) == face) / n_lancamentos for face in faces]

# Exibindo os resultados da simulação
print(f"Frequências de cada face após {n_lancamentos} lançamentos:")
```

```
Frequências de cada face após 10000 lançamentos:
```

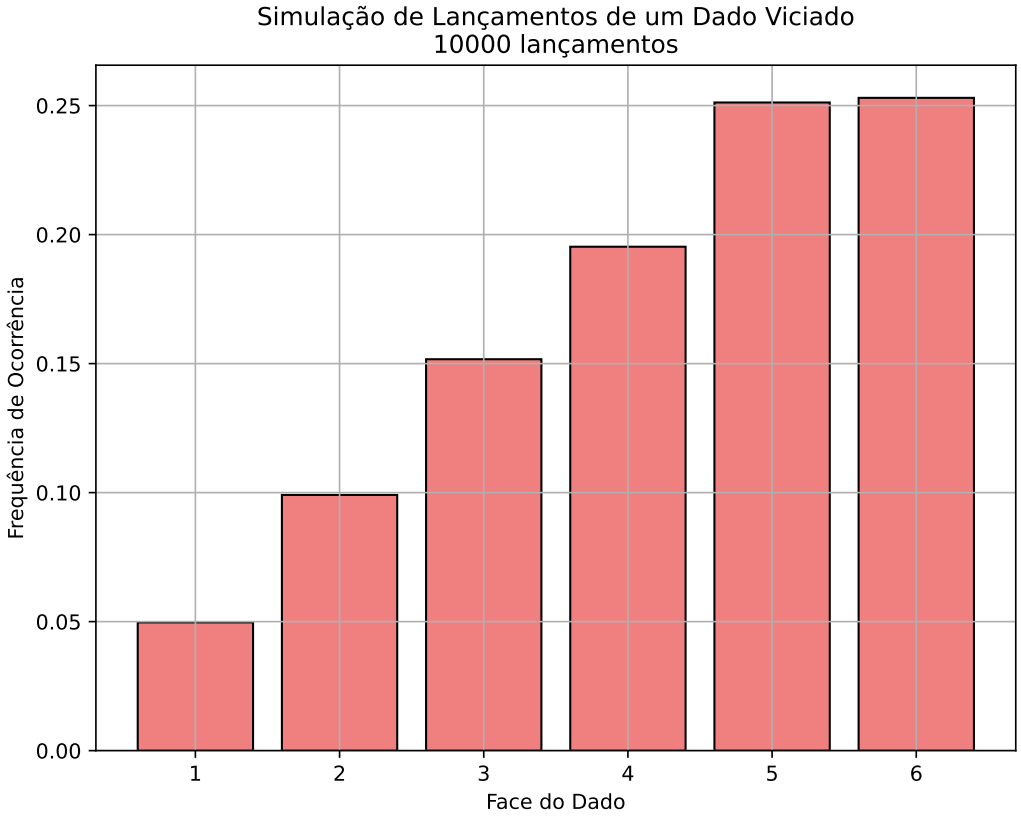
```
for face, freq in zip(faces, frequencias):
    print(f"Face {face}: {freq} vezes")
```

```
Face 1: 0.0497 vezes
Face 2: 0.0991 vezes
Face 3: 0.1517 vezes
Face 4: 0.1953 vezes
Face 5: 0.2512 vezes
Face 6: 0.253 vezes
```

```
# Gráfico das probabilidades ajustadas
plt.figure(figsize=(8,6))
plt.bar(faces, probabilidades, color='skyblue', edgecolor='black')
plt.title('Probabilidades Ajustadas para o Dado Viciado')
plt.xlabel('Face do Dado')
plt.ylabel('Probabilidade')
plt.grid(True)
plt.show()
```



```
# Gráfico das frequências obtidas
plt.figure(figsize=(8,6))
plt.bar(faces, frequencias, color='lightcoral', edgecolor='black')
plt.title(f'Simulação de Lançamentos de um Dado Viciado\n{n_lancamentos} lançamentos')
plt.xlabel('Face do Dado')
plt.ylabel('Frequência de Ocorrência')
plt.grid(True)
plt.show()
```



Ou seja, se conseguimos simular uma distribuição uniforme, conseguimos simular uma distribuição discreta. Isso vale de forma mais geral?

9.1 Importância da Geração de Números Aleatórios em Algoritmos de Machine Learning

A geração de números aleatórios também desempenha um papel crucial em vários algoritmos de Machine Learning. Muitos algoritmos utilizam aleatoriedade em diferentes etapas do processo de modelagem, como na inicialização de pesos, na amostragem de dados e na divisão de conjuntos de treino e teste. Esses elementos aleatórios influenciam diretamente o desempenho e os resultados dos modelos.

9.1.1 Exemplo: Algoritmo de Random Forest

O Random Forest é um algoritmo de aprendizado supervisionado que utiliza números aleatórios em várias etapas do processo. Ele consiste em construir múltiplas árvores de decisão de forma aleatória, e cada árvore é gerada a partir de um subconjunto aleatório de dados de treino e de variáveis (features). A aleatoriedade ajuda a reduzir o overfitting e a melhorar a robustez do modelo.

Abaixo está um exemplo de como o Random Forest utiliza aleatoriedade na escolha dos subconjuntos de dados:

10 R

```r
# Carregando o dataset Iris e definindo as variáveis preditoras e resposta
data(iris)
X <- iris[, 1:4]
y <- iris[, 5]

# Dividindo os dados de forma aleatória em treino e teste
set.seed(42)
index <- sample(1:nrow(iris), 0.7 * nrow(iris))
X_train <- X[index, ]
X_test <- X[-index, ]
y_train <- y[index]
y_test <- y[-index]

# Treinando o modelo Random Forest
library(randomForest)
modelo <- randomForest(X_train, as.factor(y_train), ntree=100, seed=42)

# Avaliando o modelo no conjunto de teste
predicoes <- predict(modelo, X_test)
accuracy <- sum(predicoes == y_test) / length(y_test)
cat("Acurácia do modelo:", accuracy, "\n")
```

```
Acurácia do modelo: 0.9555556
```

11 Python

```python
from sklearn.ensemble import RandomForestClassifier
from sklearn.datasets import load_iris
from sklearn.model_selection import train_test_split

# Carregando o dataset Iris
iris = load_iris()
X = iris.data
y = iris.target

# Dividindo os dados de forma aleatória em treino e teste
X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X, y, test_size=0.3, random_state=42)

# Treinando o modelo Random Forest
clf = RandomForestClassifier(n_estimators=100, random_state=42)
clf.fit(X_train, y_train)
```

```
RandomForestClassifier(random_state=42)
```

```python
# Avaliando o modelo no conjunto de teste
accuracy = clf.score(X_test, y_test)
print(f"Acurácia do modelo: {accuracy:.2f}")
```

```
Acurácia do modelo: 1.00
```

12 Números Pseudoaleatórios

Números aleatórios têm muitas aplicações na computação, como em simulações, amostragem estatística, criptografia e jogos de azar. No entanto, os computadores, por serem sistemas determinísticos, não podem gerar números realmente aleatórios de forma autônoma. Em vez disso, utilizam algoritmos determinísticos que geram números que parecem aleatórios, e esses números são chamados de pseudoaleatórios.

12.1 O que é um número pseudoaleatório?

Um número pseudoaleatório é gerado a partir de uma fórmula matemática que, a partir de uma semente (um valor inicial), gera uma sequência de números que tem as propriedades desejadas de uma sequência aleatória. Essa sequência parece aleatória, mas se a mesma semente for usada, a sequência será a mesma.

12.2 Geração de Números Pseudoaleatórios com o Gerador Linear Congruente (LCG)

Link para o wikipedia

O **Gerador Linear Congruente** (LCG) é um dos métodos mais antigos e simples para gerar números pseudoaleatórios. Ele segue a fórmula:

$$X_{n+1} = (a \cdot X_n + c) \mod m$$

Onde: - X_n é o número atual (ou a semente inicial), - a é o multiplicador, - c é o incremento, - m é o módulo, ou seja, o intervalo dos números gerados.

A sequência gerada pelo LCG depende diretamente dos parâmetros a, c, m e da semente inicial X_0. Um conjunto mal escolhido de parâmetros pode resultar em uma sequência com um período curto, o que compromete a aleatoriedade da sequência.

12.2.1 O que é a Função Módulo?

A **função módulo** (também conhecida como operação de resto) retorna o **resto da divisão** de um número por outro. Em termos matemáticos, para dois números inteiros a e b, a operação módulo é representada como:

$$r = a \mod b$$

Onde: - a é o dividendo, - b é o divisor, - r é o resto da divisão de a por b.

Por exemplo, se temos $a = 17$ e $b = 5$, a divisão de 17 por 5 dá 3 com um resto de 2, então:

$$17 \mod 5 = 2$$

No contexto do **Gerador Linear Congruente (LCG)**, a função módulo é usada para garantir que os números gerados fiquem dentro de um intervalo específico, geralmente entre 0 e $m - 1$, onde m é o módulo definido no algoritmo.

13 R

```r
# Exemplo de uso da função módulo em R

# Definindo os valores
a <- 17
b <- 3

# Calculando o módulo de a por b
resto <- a %% b

# Exibindo o resultado
cat("O resultado de", a, "%%", b, "é:", resto, "\n")
```

```
O resultado de 17 %% 3 é: 2
```

14 Python

```python
# Exemplo de uso da função módulo em Python

# Definindo os valores
a = 17
b = 3

# Calculando o módulo de a por b
resto = a % b

# Exibindo o resultado
print(f"O resultado de {a} % {b} é: {resto}")
```

```
O resultado de 17 % 3 é: 2
```

14.1 Por que o Gerador Linear Congruente Funciona?

O Gerador Linear Congruente (LCG) é um dos métodos mais simples e eficientes para gerar números pseudoaleatórios. Sua eficácia se baseia em um bom equilíbrio entre a escolha dos parâmetros (multiplicador a, incremento c, módulo m e semente inicial X_0) e as propriedades matemáticas que garantem uma sequência suficientemente "aleatória". Para que o LCG funcione bem, os parâmetros precisam ser cuidadosamente selecionados para garantir que a sequência gerada tenha um período longo, seja bem distribuída e evite padrões repetitivos.

14.1.1 A Fórmula do LCG

A fórmula básica do LCG é:

$$X_{n+1} = (a \cdot X_n + c) \mod m$$

Onde: - X_n é o número gerado na n-ésima iteração, - a é o multiplicador, - c é o incremento, - m é o módulo, - X_0 é a semente inicial.

O número gerado em cada iteração é o **resto da divisão** de $(a \cdot X_n + c)$ por m. Essa operação garante que os números fiquem dentro do intervalo $[0, m-1]$. A normalização posterior geralmente transforma esses números em valores no intervalo $[0, 1)$.

14.1.2 O Papel de m

O valor de m, conhecido como módulo, define o intervalo no qual os números gerados estarão contidos. Em muitos casos, m é escolhido como uma potência de 2 (por exemplo, $m = 2^{32}$ ou $m = 2^{64}$) porque cálculos modulares com potências de 2 são mais rápidos em hardware.

A escolha de m também influencia o **período máximo** da sequência. Se todos os parâmetros forem escolhidos corretamente, o LCG pode gerar uma sequência com o período máximo, que é m. Isso significa que a sequência não repetirá nenhum número até que m números tenham sido gerados.

14.1.3 O Papel de a, c e a Condição de Coprimos

Para garantir que o gerador tenha o período máximo (ou seja, m números diferentes antes de repetir a sequência), a escolha dos parâmetros a (multiplicador), c (incremento) e m (módulo) deve satisfazer as seguintes condições baseadas em **teorias de números**:

1. **O incremento c deve ser coprimo com m**:
    - Dois números são **coprimos** se o maior divisor comum deles for 1, ou seja, $\gcd(c, m) = 1$. Isso garante que, ao somar c, todos os possíveis valores de X_n possam ser atingidos antes de repetir a sequência.
    - Se c não for coprimo com m, a sequência gerada pode pular certos valores, resultando em um período mais curto do que o esperado.
2. **O valor de $a - 1$ deve ser divisível por todos os fatores primos de m**:
    - Se m é uma potência de 2 (por exemplo, $m = 2^k$), a escolha de a deve ser tal que $(a - 1)$ seja divisível por 2 para garantir que o período seja maximizado.
3. **Se m for divisível por 4, então $(a - 1)$ também deve ser divisível por 4**:
    - Isso é necessário para garantir que todos os resíduos modulares possíveis possam ser gerados, especialmente quando m é uma potência de 2.

14.1.4 Exemplo de uma Escolha Correta de Parâmetros

Um exemplo clássico de um bom conjunto de parâmetros é:

- $m = 2^{32}$ (módulo com 32 bits),
- $a = 1664525$ (multiplicador),
- $c = 1013904223$ (incremento),
- $X_0 = 42$ (semente inicial, que pode ser qualquer valor).

Esses parâmetros foram escolhidos para garantir que o LCG tenha um longo período e uma boa distribuição dos números gerados. O módulo $m = 2^{32}$ é uma potência de 2, o que torna as operações modulares mais rápidas, e os valores de a e c satisfazem as condições matemáticas para maximizar o período.

15 R

```r
# Importando o pacote necessário
library(gmp)

# Parâmetros do exemplo
m <- 2^32
a <- 1664525
c <- 1013904223

# Verificando as condições
# 1. O incremento c deve ser coprimo com m
coprimo_c_m <- gcd(c, m) == 1

# 2. a - 1 deve ser divisível por todos os fatores primos de m
a_menos_1 <- a - 1

print(a_menos_1)
```

```
[1] 1664524
```

```r
# Verificando se a - 1 é divisível por 2 (único fator primo de m = 2^32)
divisivel_por_2 <- (a_menos_1 %% 2 == 0)

# 3. Se m for divisível por 4, a - 1 também deve ser divisível por 4
divisivel_por_4 <- (a_menos_1 %% 4 == 0)

list(coprimo_c_m, divisivel_por_2, divisivel_por_4)
```

```
[[1]]
[1] TRUE

[[2]]
[1] TRUE
```

```
[[3]]
[1] TRUE
```

16 Python

```python
import math

# Parâmetros do exemplo
m = 2**32
a = 1664525
c = 1013904223

# Verificando as condições
# 1. O incremento c deve ser coprimo com m
coprimo_c_m = math.gcd(c, m) == 1

# 2. a - 1 deve ser divisível por todos os fatores primos de m
a_menos_1 = a - 1

print(a_menos_1)
```

```
1664524
```

```python
# Verificando se a - 1 é divisível por 2 (único fator primo de m = 2^32)
divisivel_por_2 = (a_menos_1 % 2 == 0)

# 3. Se m for divisível por 4, a - 1 também deve ser divisível por 4
divisivel_por_4 = (a_menos_1 % 4 == 0)

coprimo_c_m, divisivel_por_2, divisivel_por_4
```

```
(True, True, True)
```

16.0.1 Por que o LCG Funciona Bem?

O LCG funciona porque: - **As operações modulares** garantem que os números gerados estejam dentro de um intervalo fixo e possam cobrir todo o espaço de possíveis valores de maneira

ordenada. - **A escolha adequada dos parâmetros** garante que a sequência tenha um longo período (o maior possível dado m), evita padrões repetitivos e assegura que a sequência seja **pseudoaleatória** o suficiente para muitas aplicações, como simulações e métodos de Monte Carlo.

No entanto, o LCG pode não ser adequado para todas as aplicações, especialmente em criptografia, onde a previsibilidade é um problema. Para a maioria dos usos científicos e de simulação, ele ainda é uma escolha eficiente e simples.

16.0.2 Efeito dos Parâmetros no Gerador Linear Congruente (LCG)

Os parâmetros no Gerador Linear Congruente (LCG) têm um impacto significativo sobre a qualidade e as propriedades da sequência de números pseudoaleatórios gerados. Os parâmetros principais são:

1. **Multiplicador** a:
    - Esse parâmetro é essencial para garantir que a sequência de números gerados tenha um bom período (o número de valores distintos antes de a sequência começar a se repetir). Se o valor de a não for bem escolhido, o período da sequência pode ser curto e a qualidade dos números gerados diminui.
    - Bons valores de a são cruciais para evitar padrões repetitivos ou ciclos curtos.
2. **Incremento** c:
    - O incremento c adiciona um valor fixo à sequência e é um dos fatores que pode garantir que todos os valores no intervalo $[0, m)$ sejam atingidos em algum momento, desde que os outros parâmetros também sejam bem escolhidos.
    - Quando $c = 0$, o gerador é chamado de **multiplicativo**. Nessa forma, o LCG pode ter um comportamento menos uniforme.
3. **Módulo** m:
    - O módulo define o intervalo dos números gerados. Comumente, m é escolhido como uma potência de 2 (por exemplo, $m = 2^{32}$) para facilitar os cálculos modulares em hardware e software.
    - O valor de m também determina o período máximo da sequência de números. Com um módulo de m, o período máximo teórico que o LCG pode ter é m, mas isso depende da escolha correta dos parâmetros a e c.
4. **Semente** X_0:
    - A semente é o valor inicial de X_0 usado pelo LCG para iniciar a sequência. Mudar a semente resultará em uma sequência diferente, mas com o mesmo período e comportamento determinado pelos outros parâmetros.

- A semente garante que o algoritmo possa ser **reproduzido**. Se dois programas utilizarem a mesma semente com os mesmos parâmetros, ambos produzirão a mesma sequência de números.

16.0.3 Impacto dos Parâmetros:

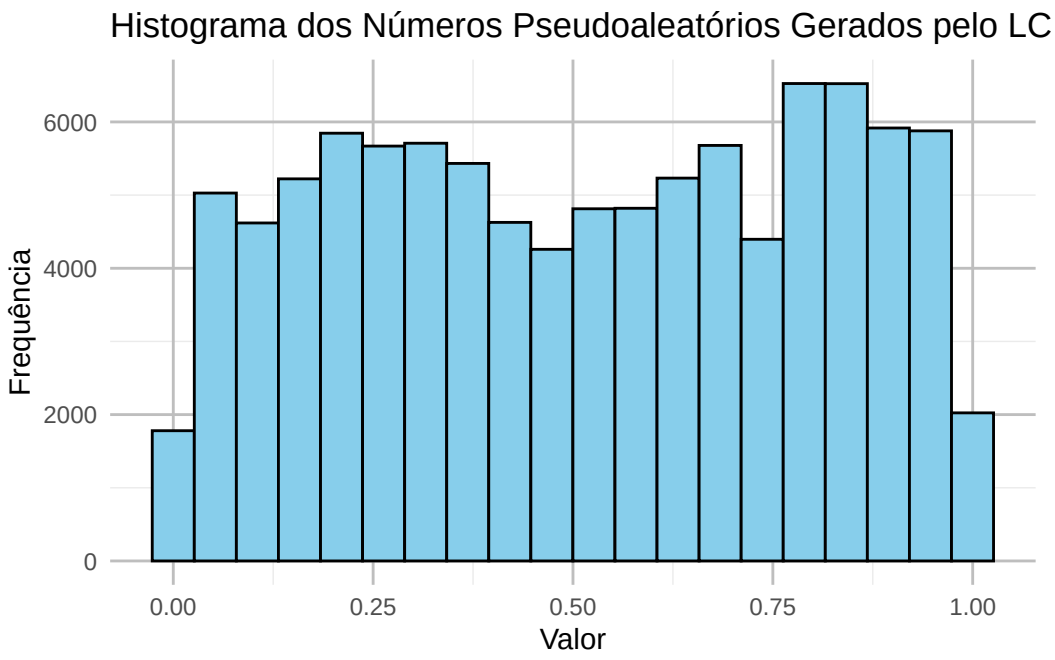
1. **Período da Sequência**:
   - O período é a quantidade de números gerados antes que a sequência comece a se repetir. Para obter o período máximo, os parâmetros a, c, m e a semente X_0 precisam ser cuidadosamente escolhidos.
   - Se os parâmetros não forem bons, o gerador pode produzir uma sequência com um ciclo muito curto ou, pior, um conjunto pequeno de valores.
2. **Distribuição dos Números**:
   - Embora o LCG gere números no intervalo $[0, 1)$, o quão bem distribuídos esses números estão nesse intervalo depende dos parâmetros.
   - Parâmetros mal escolhidos podem causar uma distribuição não uniforme, onde certos intervalos terão mais números gerados que outros, levando a um comportamento indesejável.
3. **Padrões Repetitivos**:
   - Se os parâmetros forem mal escolhidos, podem surgir padrões repetitivos que comprometem a aleatoriedade dos números. Esses padrões tornam o LCG inadequado para algumas aplicações, como criptografia ou simulações que exigem alta qualidade de aleatoriedade.

Por essas razões, a escolha dos parâmetros a, c, m e da semente X_0 é crítica para garantir que o LCG produza números pseudoaleatórios de alta qualidade e com um período longo.

17 R

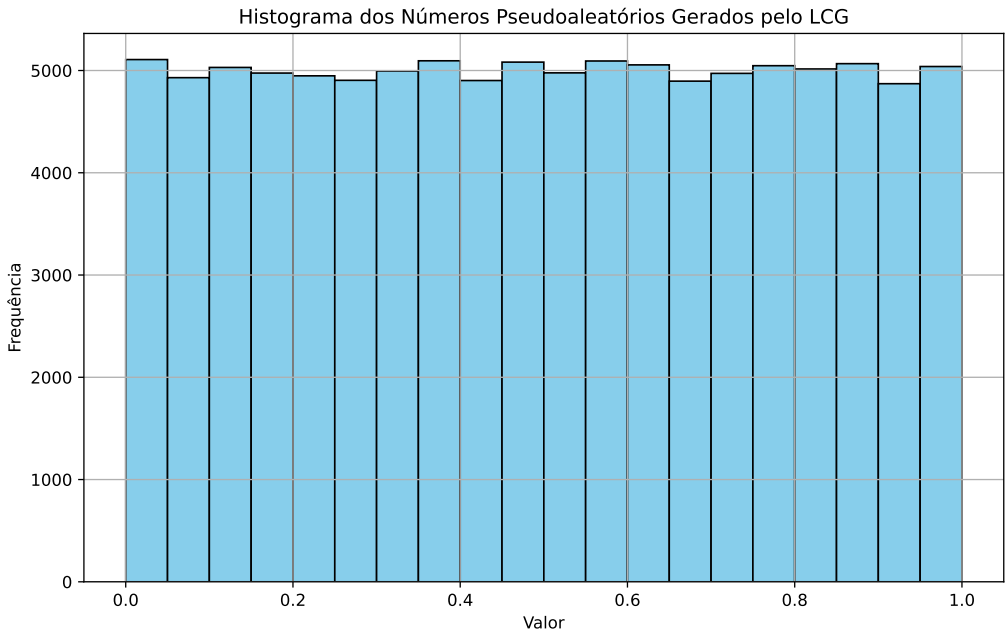
```r
# Carregando o pacote ggplot2
library(ggplot2)

# Classe para o Gerador Congruente Linear
LinearCongruentialGenerator <- setRefClass(
  "LinearCongruentialGenerator",
  fields = list(a = "numeric", c = "numeric", m = "numeric", semente = "numeric"),
  methods = list(
    initialize = function(semente, a = 1103515245, c = 12345, m = 2^32) {
      .self$a <- a
      .self$c <- c
      .self$m <- m
      .self$semente <- semente
    },
    gerar = function() {
      # Atualizando a semente
      .self$semente <- (.self$a * .self$semente + .self$c) %% .self$m
      return(.self$semente / .self$m)  # Normalizando para [0, 1)
    }
  )
)

# Inicializando o gerador com uma semente
lcg <- LinearCongruentialGenerator$new(semente = 5)

# Gerando 1000 números pseudoaleatórios
numeros_gerados <- sapply(1:100000, function(x) lcg$gerar())

# Convertendo para um data.frame
dados <- data.frame(numeros_gerados = numeros_gerados)

# Plotando o histograma dos números gerados
ggplot(dados, aes(x = numeros_gerados)) +
  geom_histogram(bins = 20, fill = 'skyblue', color = 'black') +
```

```
  ggtitle('Histograma dos Números Pseudoaleatórios Gerados pelo LCG') +
  xlab('Valor') +
  ylab('Frequência') +
  theme_minimal() +
  theme(panel.grid.major = element_line(color = "grey"))
```



18 Python

```python
import matplotlib.pyplot as plt

class LinearCongruentialGenerator:
    def __init__(self, semente, a=1103515245, c=12345, m=2**32):
        self.a = a
        self.c = c
        self.m = m
        self.semente = semente

    def gerar(self):
        # Atualizando a semente
        self.semente = (self.a * self.semente + self.c) % self.m
        return self.semente / self.m  # Normalizando para [0, 1)

# Inicializando o gerador com uma semente
lcg = LinearCongruentialGenerator(semente=5)

# Gerando 1000 números pseudoaleatórios
numeros_gerados = [lcg.gerar() for _ in range(100000)]

# Plotando o histograma dos números gerados
plt.figure(figsize=(10, 6))
plt.hist(numeros_gerados, bins=20, color='skyblue', edgecolor='black')
plt.title('Histograma dos Números Pseudoaleatórios Gerados pelo LCG')
plt.xlabel('Valor')
plt.ylabel('Frequência')
plt.grid(True)
plt.show()
```

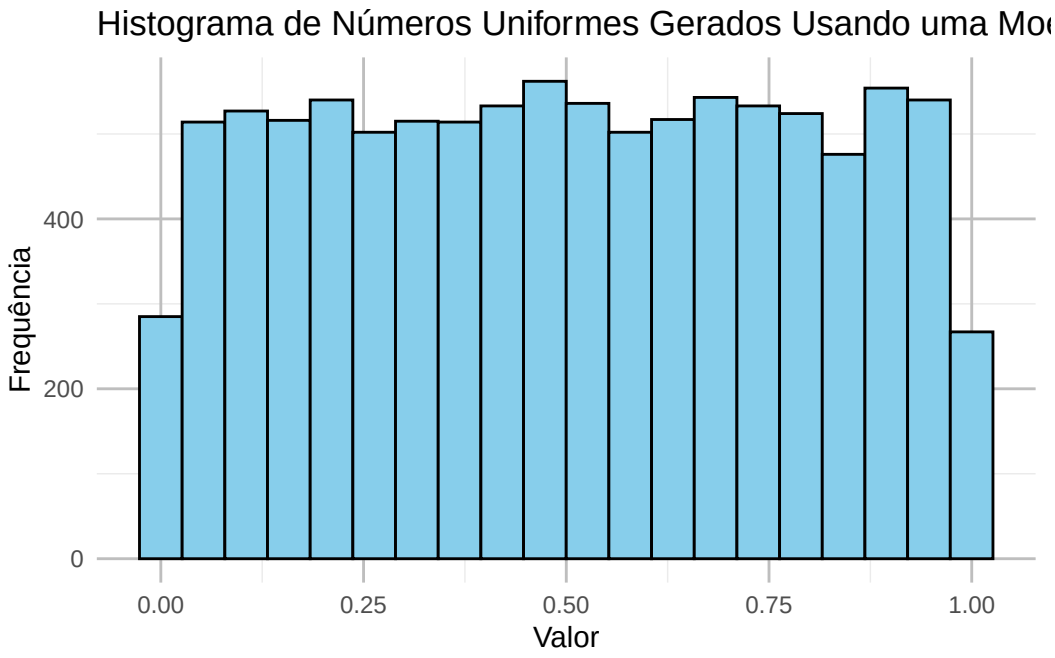


18.1 Gerando números uniformes com uma moeda

Este código mostra como é possível gerar números uniformemente distribuídos no intervalo [0, 1] utilizando o lançamento de uma moeda justa. A ideia central baseia-se na expansão binária, onde cada lançamento da moeda representa um bit da representação binária do número. Ao somar $2^{-(i+1)}$ para cada bit, construímos o número em base 2, garantindo uma distribuição uniforme. Isso ocorre porque cada bit tem uma probabilidade igual de ser 0 ou 1, criando uma sequência que cobre uniformemente o intervalo desejado.

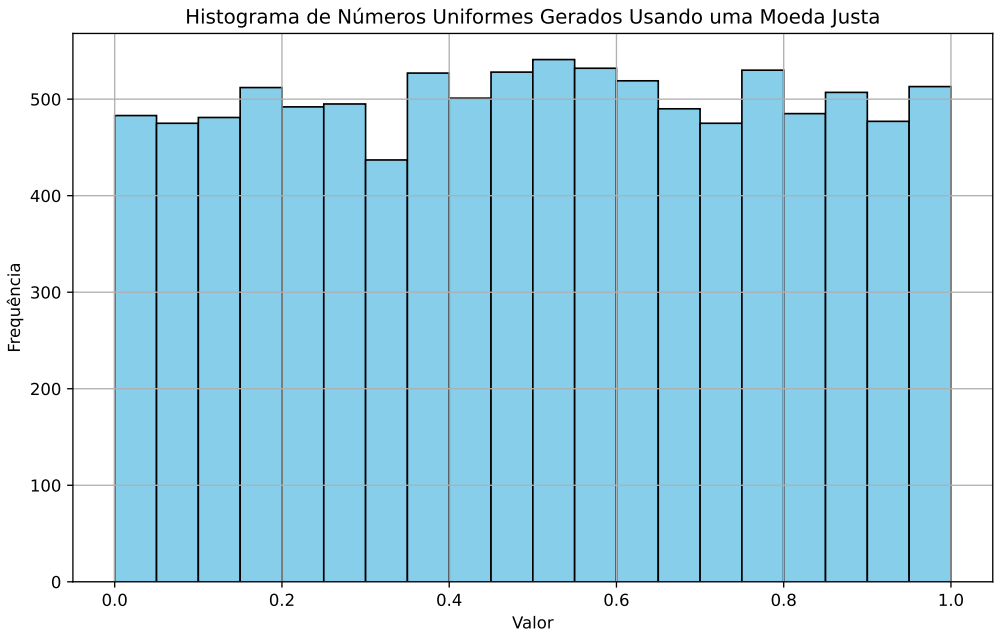
19 R

```r
# Carregando pacotes necessários
library(ggplot2)

# Função para simular o lançamento de uma moeda justa
lancar_moeda <- function() {
  # Lançar moeda justa: 0 para coroa (K) e 1 para cara (C)
  sample(c(0, 1), 1)
}

# Função para gerar um número uniformemente distribuído usando uma moeda
gerar_numero_uniforme <- function(n_bits = 32) {
  numero <- 0
  for (i in 1:n_bits) {
    bit <- lancar_moeda()
    # Atualizando o número, multiplicando pela base 2
    numero <- numero + bit * (2^-(i))
  }
  return(numero)
}

# Gerando 10000 números uniformemente distribuídos
numeros_uniformes <- sapply(1:10000, function(x) gerar_numero_uniforme())

# Convertendo para um data.frame
dados <- data.frame(numeros_uniformes = numeros_uniformes)

# Plotando o histograma dos números gerados
ggplot(dados, aes(x = numeros_uniformes)) +
  geom_histogram(bins = 20, fill = 'skyblue', color = 'black') +
  ggtitle('Histograma de Números Uniformes Gerados Usando uma Moeda Justa') +
  xlab('Valor') +
  ylab('Frequência') +
  theme_minimal() +
  theme(panel.grid.major = element_line(color = "grey"))
```


Histograma de Números Uniformes Gerados Usando uma Mo
Frequência
400
200
0
0.00
0.25
0.50
0.75
1.00
Valor

20 Python

```python
import random
import matplotlib.pyplot as plt

# Função para simular o lançamento de uma moeda justa
def lancar_moeda():
    # Lançar moeda justa: 0 para coroa (K) e 1 para cara (C)
    return random.choice([0, 1])

# Função para gerar um número uniformemente distribuído usando uma moeda
def gerar_numero_uniforme(n_bits=32):
    numero = 0
    for i in range(n_bits):
        bit = lancar_moeda()
        # Atualizando o número, multiplicando pela base 2
        numero += bit * (2 ** -(i + 1))  # Cada bit tem um peso de 2^-(posição)
    return numero

# Gerando 1000 números uniformemente distribuídos
numeros_uniformes = [gerar_numero_uniforme() for _ in range(10000)]

# Plotando o histograma dos números gerados
plt.figure(figsize=(10, 6))
plt.hist(numeros_uniformes, bins=20, color='skyblue', edgecolor='black')
plt.title('Histograma de Números Uniformes Gerados Usando uma Moeda Justa')
plt.xlabel('Valor')
plt.ylabel('Frequência')
plt.grid(True)
plt.show()
```


Histograma de Números Uniformes Gerados Usando uma Moeda Justa
Frequência
Valor
0
100
200
300
400
500
0.0
0.2
0.4
0.6
0.8
1.0

21 Técnica da Inversão para Variáveis Discretas

A **técnica da inversão** é uma maneira poderosa de gerar variáveis aleatórias (v.a.) a partir de uma distribuição arbitrária, usando números aleatórios uniformes no intervalo $[0, 1)$. A ideia básica é usar a **função de distribuição acumulada (CDF)** para mapear um número uniforme gerado entre 0 e 1 para o valor correspondente da v.a. discreta.

Passos Gerais para Gerar Variáveis Aleatórias Discretas com a Técnica da Inversão:

1. **Calcular a CDF** da variável aleatória que se deseja gerar.
2. **Gerar um número aleatório uniforme** $u \in [0, 1)$.
3. Encontrar o valor da variável aleatória cuja CDF seja maior ou igual a u.
4. Retornar esse valor como a variável aleatória gerada.

A seguir, veremos esse procedimento em detalhes.

21.1 Inversa da CDF

O método da inversão recebe esse nome pois seu algoritmo também pode ser caracterizado pela função inversa da CDF. A **inversa da CDF** (função de distribuição acumulada), também conhecida como a **função quantil** ou **função percentil**, é definida da seguinte forma:

Definição: Seja $F(x)$ a função de distribuição acumulada (CDF) de uma variável aleatória X. A inversa da CDF, denotada por $F^{-1}(p)$, é definida como:

$$F^{-1}(p) = \inf\{x \in \mathbb{R} : F(x) \geq p\}, \quad \text{para } p \in [0, 1]$$

Em palavras: - A inversa da CDF $F^{-1}(p)$ mapeia um número p, que representa uma probabilidade acumulada, de volta ao valor x correspondente da variável aleatória X, tal que a probabilidade acumulada até x é igual a p. - Isso significa que, se $p = F(x)$, então $F^{-1}(p) = x$.

Assim, o menor valor x_i tal que $F(x_i) \geq u$ é justamente $F^{-1}(u)$, de modo que o algoritmo pode ser escrito como

1. Gerar um número aleatório $u \in [0, 1)$.
2. Retornar $F^{-1}(u)$.

21.2 Geração de Variáveis Aleatórias Discretas Genéricas

Considere uma v.a. discreta X que assume valores em em $x_1, x_2, ...$ Dadas as probabilidades de cada um desses valores $p(x_i)$, a CDF $F(x)$ é definida como:

$$F(x_i) = \sum_{j=1}^{i} p(x_j)$$

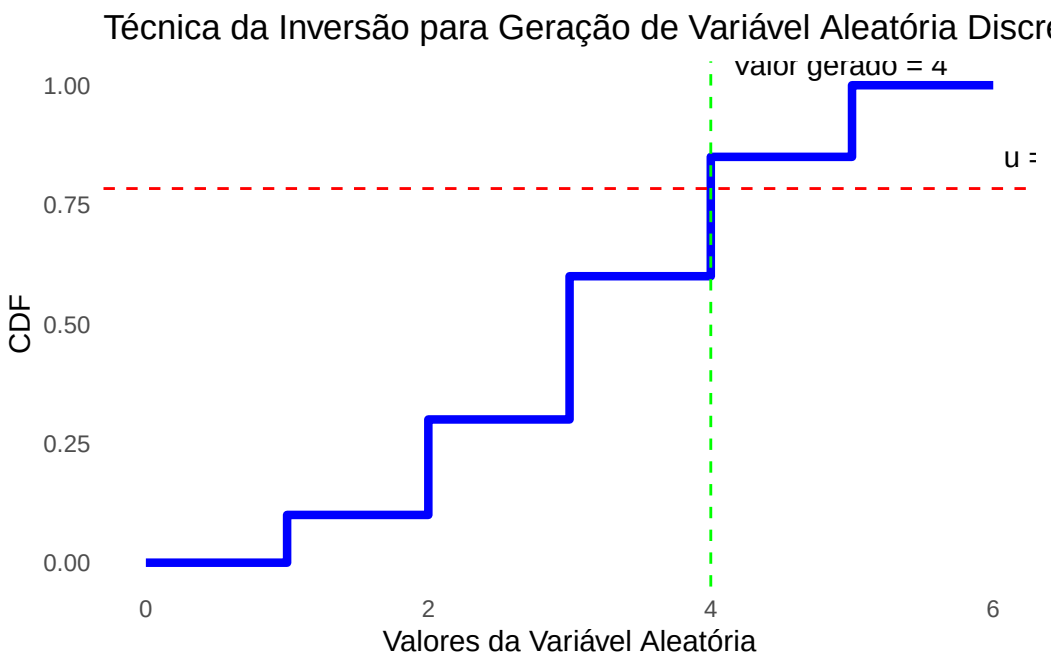
O algoritmo da inversão para gerar uma variável aleatória discreta genérica é:

1. Gerar um número aleatório $u \in [0, 1)$.
2. Encontrar o menor valor x_i tal que $F(x_i) \geq u$.
3. Retornar x_i.

22 R

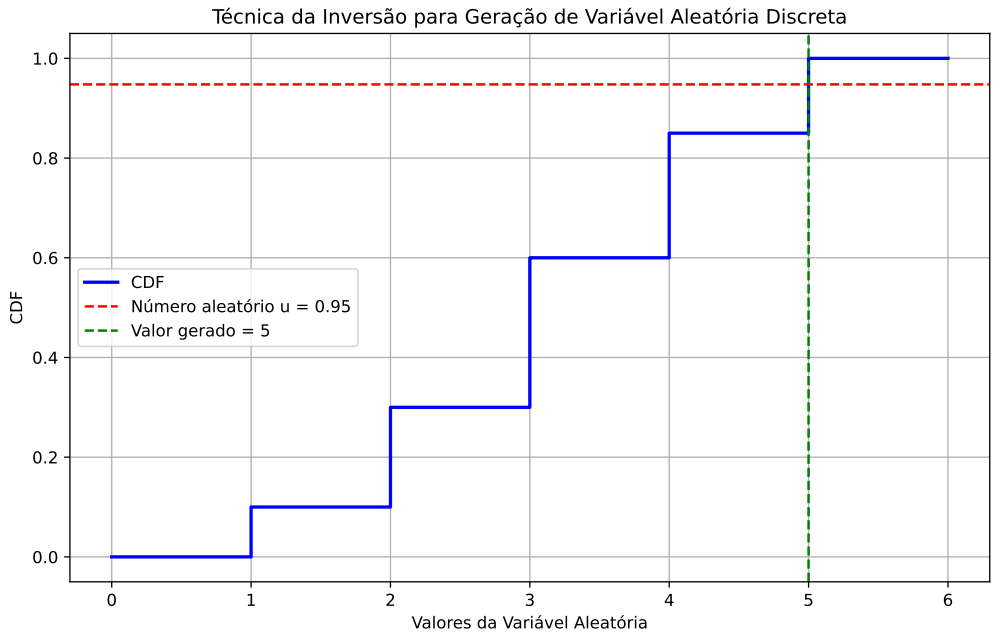
```r
# Exemplo de valores e probabilidades de uma variável aleatória discreta
valores <- c(0, 1, 2, 3, 4, 5, 6)
probabilidades <- c(0, 0.1, 0.2, 0.3, 0.25, 0.15, 0)

# Calculando a CDF
cdf <- cumsum(probabilidades)

# Gerando um número aleatório uniforme
u <- runif(1)

# Encontrando o valor correspondente na CDF
valor_gerado <- NA
for (i in seq_along(valores)) {
  if (u < cdf[i]) {
    valor_gerado <- valores[i]
    break
  }
}

# Ajustando o gráfico para corrigir a visualização da CDF e garantir que os valores estejam c
library(ggplot2)

# Criando um dataframe para os valores e CDF
df <- data.frame(valores = valores, cdf = cdf)

# Gráfico da CDF com número aleatório e valor gerado
ggplot(df, aes(x = valores, y = cdf)) +
  geom_step(direction = "hv", color = "blue", size = 1.5) +
  geom_hline(yintercept = u, color = "red", linetype = "dashed") +
  geom_vline(xintercept = valor_gerado, color = "green", linetype = "dashed") +
  labs(title = "Técnica da Inversão para Geração de Variável Aleatória Discreta",
       x = "Valores da Variável Aleatória",
       y = "CDF") +
  annotate("text", x = max(valores), y = u, label = sprintf("u = %.2f", u), hjust = -0.1, vju
```

```
  annotate("text", x = valor_gerado, y = max(cdf), label = paste("Valor gerado =", valor_gera
  theme_minimal() +
  theme(panel.grid = element_blank())
```



23 Python

```python
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

# Exemplo de valores e probabilidades de uma variável aleatória discreta
valores = [0, 1, 2, 3, 4, 5, 6]
probabilidades = [0, 0.1, 0.2, 0.3, 0.25, 0.15, 0]

# Calculando a CDF
cdf = np.cumsum(probabilidades)

# Gerando um número aleatório uniforme
u = np.random.uniform(0, 1)

# Encontre o valor correspondente na CDF
valor_gerado = None
for i, valor in enumerate(valores):
    if u < cdf[i]:
        valor_gerado = valor
        break
# Ajustando o gráfico para corrigir a visualização da CDF e garantir que os valores estejam c
plt.figure(figsize=(10, 6))

# Ajustando o eixo x para que a CDF comece e termine corretamente
plt.step(valores, cdf, label='CDF', color='blue', linewidth=2, where='post')
plt.axhline(y=u, color='red', linestyle='--', label=f'Número aleatório u = {u:.2f}')
plt.axvline(x=valor_gerado, color='green', linestyle='--', label=f'Valor gerado = {valor_gera
plt.title('Técnica da Inversão para Geração de Variável Aleatória Discreta')
plt.xlabel('Valores da Variável Aleatória')
plt.ylabel('CDF')
plt.legend()
plt.grid(True)
plt.show()
```



23.1 Exemplo 1: Geração de Variáveis Aleatórias com Distribuição Geométrica

A distribuição geométrica modela o número de tentativas até o primeiro sucesso em uma sequência de experimentos de Bernoulli. Se a probabilidade de sucesso em cada tentativa é p, a PMF é dada por:

$$P(X = k) = (1 - p)^{k-1}p \quad \text{para} \quad k = 1, 2, 3 \ldots$$

onde k representa o número de falhas antes do primeiro sucesso.

Vamos agora obter a fórmula da **inversa da CDF** para a distribuição geométrica foi obtida a partir da função de distribuição acumulada (CDF) da distribuição geométrica:

$$
\begin{aligned}
F(k) = \mathbb{P}(X \leq k) &= \sum_{x=1}^{k} (1-p)^{x-1} p \\
&= \frac{p}{1-p} \sum_{x=1}^{k} (1-p)^x \\
&= \frac{p}{1-p} \cdot \frac{(1-p)(1-(1-p)^k)}{p} \\
&= 1 - (1-p)^k.
\end{aligned}
$$

Queremos encontrar a **inversa da CDF**, ou seja, a fórmula que, dado um valor u entre 0 e 1, nos permita calcular o valor k tal que $F(k) = u$.

Sabemos que:

$$u = F(k) = 1 - (1-p)^k$$

Nosso objetivo é resolver essa equação para k. Vamos fazer isso passo a passo.

Começamos isolando o termo $(1-p)^k$:

$$u = 1 - (1-p)^k$$

Subtraindo 1 de ambos os lados:

$$u - 1 = -(1-p)^k$$

Multiplicando ambos os lados por -1:

$$1 - u = (1-p)^k$$

Agora aplicamos o logaritmo natural (log base e) em ambos os lados para resolver k:

$$\log(1-u) = \log((1-p)^k)$$

Usando a propriedade dos logaritmos que permite trazer o expoente k para frente:

$$\log(1-u) = k \cdot \log(1-p)$$

Agora, isolamos k:

$$k = \frac{\log(1-u)}{\log(1-p)}$$

Como k precisa ser um número inteiro (já que a distribuição geométrica conta o número de tentativas), usamos a função de arredondamento "para baixo" ($\lfloor \cdot \rfloor$), conhecida como a **função piso**:

$$k = \lfloor \frac{\log(1-u)}{\log(1-p)} \rfloor$$

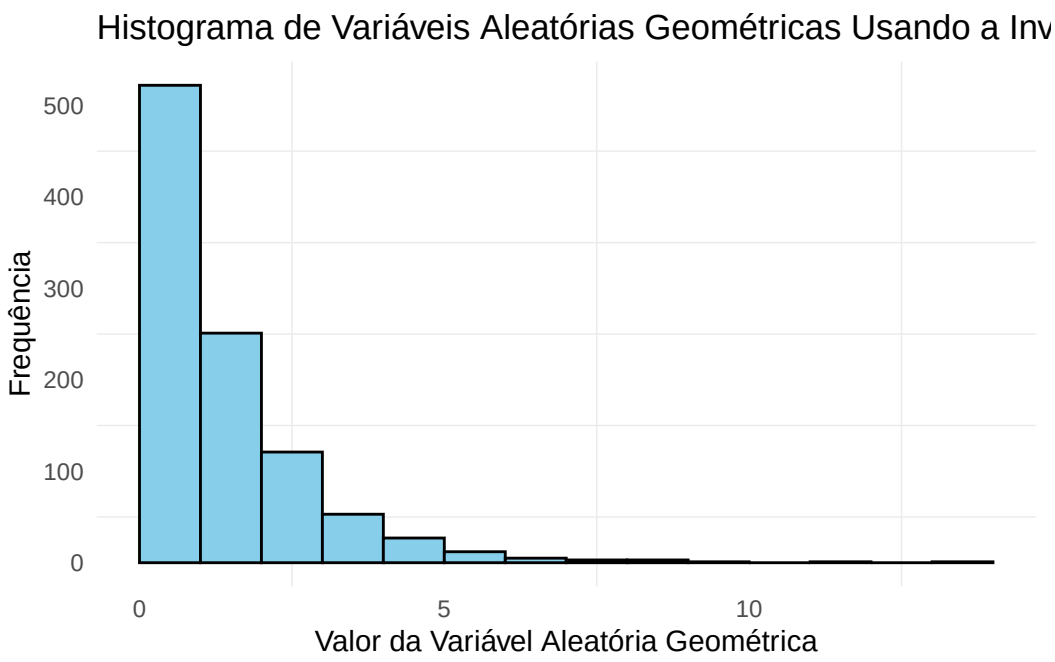
Portanto, a fórmula da inversa da CDF da distribuição geométrica é:

$$k = \lfloor \frac{\log(1-u)}{\log(1-p)} \rfloor$$

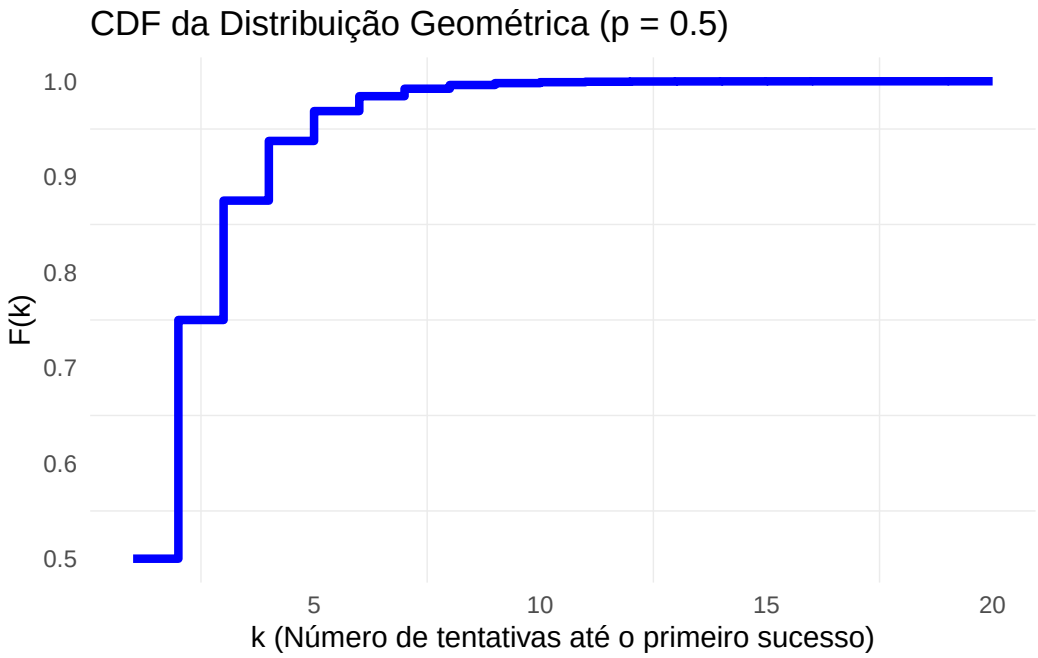
Podemos agora gerar variáveis aleatórias com distribuição geométrica a partir de um número aleatório uniforme $u \in [0, 1)$.

24 R

```r
# Função para gerar a inversa da CDF para a distribuição geométrica
inversa_cdf_geometrica <- function(p, u) {
  # Usando a fórmula inversa da CDF geométrica: F^-1(u) = floor(log(1 - u) / log(1 - p))
  k <- floor(log(1 - u) / log(1 - p))
  return(as.integer(k))
}

# Parâmetro p da distribuição geométrica
p <- 0.5

# Gerando 1000 números uniformemente distribuídos
uniformes <- runif(1000)

# Gerando a variável aleatória geométrica correspondente para cada número uniforme
geometricas <- sapply(uniformes, inversa_cdf_geometrica, p = p)

# Plotando um histograma das variáveis geométricas geradas
library(ggplot2)

df <- data.frame(geometricas = geometricas)
ggplot(df, aes(x = geometricas)) +
  geom_histogram(bins = max(geometricas) + 1, color = "black", fill = "skyblue", boundary = 0
  labs(title = "Histograma de Variáveis Aleatórias Geométricas Usando a Inversa da CDF",
       x = "Valor da Variável Aleatória Geométrica",
       y = "Frequência") +
  theme_minimal() +
  theme(panel.grid.major = element_blank())
```

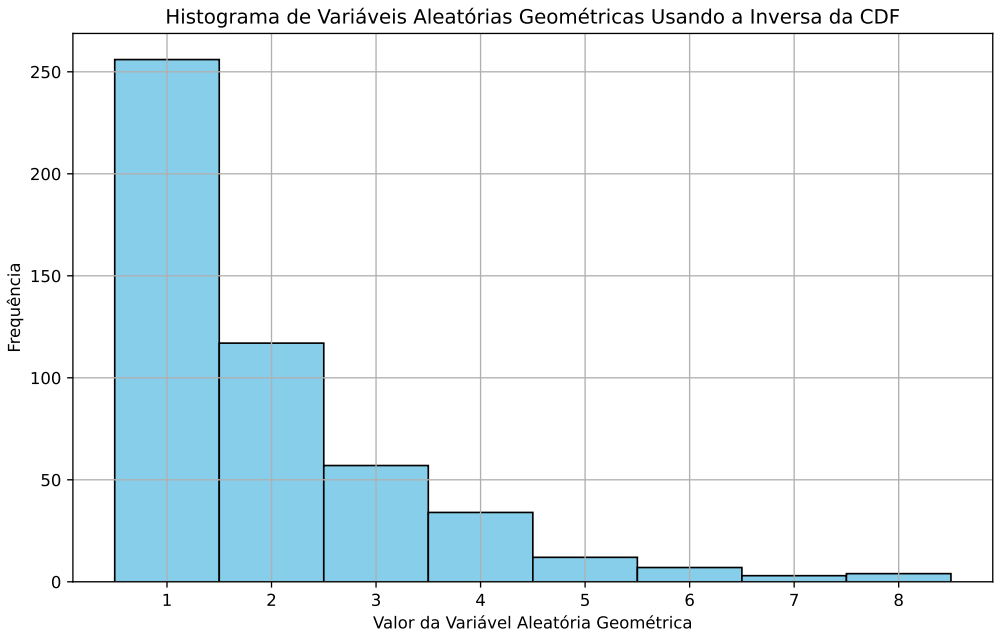



```r
# Função para calcular a CDF da distribuição geométrica
cdf_geometrica <- function(k, p) {
  return(1 - (1 - p)^k)
}

# Gerando valores de k para plotar a CDF
k_values <- 1:20
cdf_values <- sapply(k_values, cdf_geometrica, p = p)

# Plotando a CDF da distribuição geométrica
df_cdf <- data.frame(k_values = k_values, cdf_values = cdf_values)
ggplot(df_cdf, aes(x = k_values, y = cdf_values)) +
  geom_step(direction = "hv", color = "blue", size = 1.5) +
  labs(title = "CDF da Distribuição Geométrica (p = 0.5)",
       x = "k (Número de tentativas até o primeiro sucesso)",
       y = "F(k)") +
  theme_minimal() +
  theme(panel.grid.major = element_blank())
```

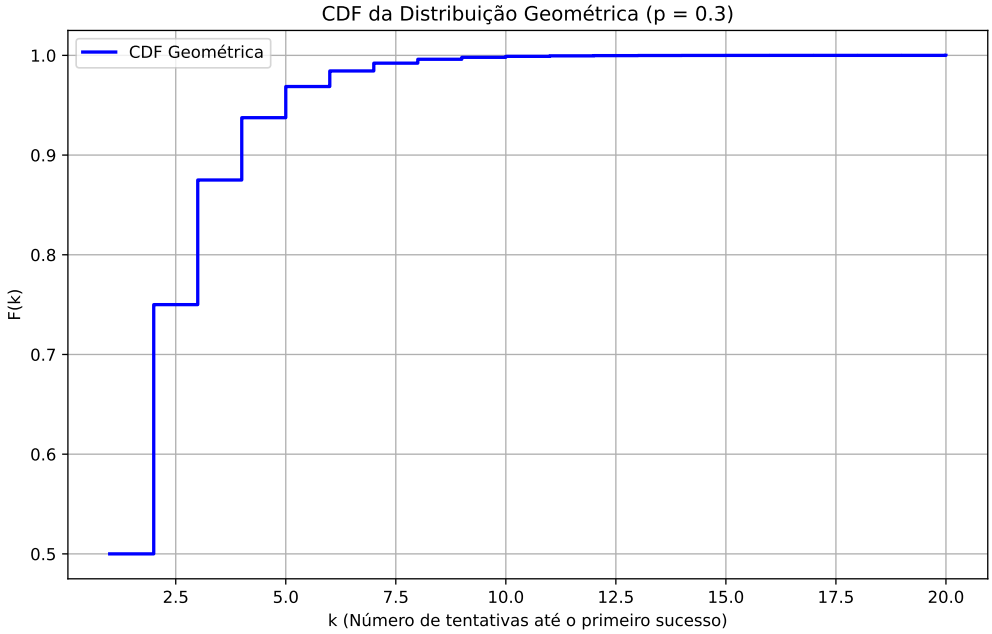

CDF da Distribuição Geométrica (p = 0.5)
1.0
0.9
0.8
0.7
0.6
0.5
F(k)
5
10
15
20
k (Número de tentativas até o primeiro sucesso)

25 Python

```python
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

# Função para gerar a inversa da CDF para a distribuição geométrica
def inversa_cdf_geometrica(p, u):
    # Usando a fórmula inversa da CDF geométrica: F^-1(u) = ceil(log(1 - u) / log(1 - p))
    k = np.floor(np.log(1 - u) / np.log(1 - p))
    return int(k)

# Parâmetro p da distribuição geométrica
p = 0.5

# Gerando 100 números uniformemente distribuídos
uniformes = np.random.uniform(0, 1, 1000)

# Gerando a variável aleatória geométrica correspondente para cada número uniforme
geometricas = [inversa_cdf_geometrica(p, u) for u in uniformes]

# Plotando um histograma das variáveis geométricas geradas
plt.figure(figsize=(10, 6))
plt.hist(geometricas, bins=range(1, max(geometricas) + 1), color='skyblue', edgecolor='black
plt.title('Histograma de Variáveis Aleatórias Geométricas Usando a Inversa da CDF')
plt.xlabel('Valor da Variável Aleatória Geométrica')
plt.ylabel('Frequência')
plt.grid(True)
plt.show()
```




```
# Calculando a CDF para a distribuição geométrica
def cdf_geometrica(k, p):
    return 1 - (1 - p)**k

# Gerando valores de k para plotar a CDF
k_values = np.arange(1, 21)
cdf_values = [cdf_geometrica(k, p) for k in k_values]

# Plotando a CDF da distribuição geométrica
plt.figure(figsize=(10, 6))
plt.step(k_values, cdf_values, where='post', color='blue', label='CDF Geométrica', linewidth=
plt.title('CDF da Distribuição Geométrica (p = 0.3)')
plt.xlabel('k (Número de tentativas até o primeiro sucesso)')
plt.ylabel('F(k)')
plt.grid(True)
plt.legend()
plt.show()
```



25.1 Exemplo 2: Geração de Variáveis Aleatórias com Distribuição Poisson

A distribuição de Poisson é usada para modelar o número de eventos que ocorrem em um intervalo de tempo ou espaço fixo, onde os eventos ocorrem com uma taxa constante λ e de forma independente.

A função de probabilidade de massa (PMF) da distribuição de Poisson é dada por:

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

A distribuição de Poisson tem uma fórmula recursiva que pode ser usada para calcular as probabilidades de forma mais eficiente. Em vez de recalcular a probabilidade $P(X = k)$ a cada vez, podemos usar a seguinte relação recursiva:

$$P(X = k + 1) = \frac{\lambda}{k + 1} \cdot P(X = k)$$

Onde $P(X = 0) = e^{-\lambda}$.

Essa relação recursiva permite gerar variáveis aleatórias de Poisson sem precisar calcular fatoriais repetidamente, o que é mais eficiente para grandes valores de λ ou grandes números de eventos k.

25.1.1 Técnica da Inversão Usando a Fórmula Recursiva

Para gerar uma variável aleatória de Poisson usando a técnica da inversão e a fórmula recursiva, o processo é o seguinte:

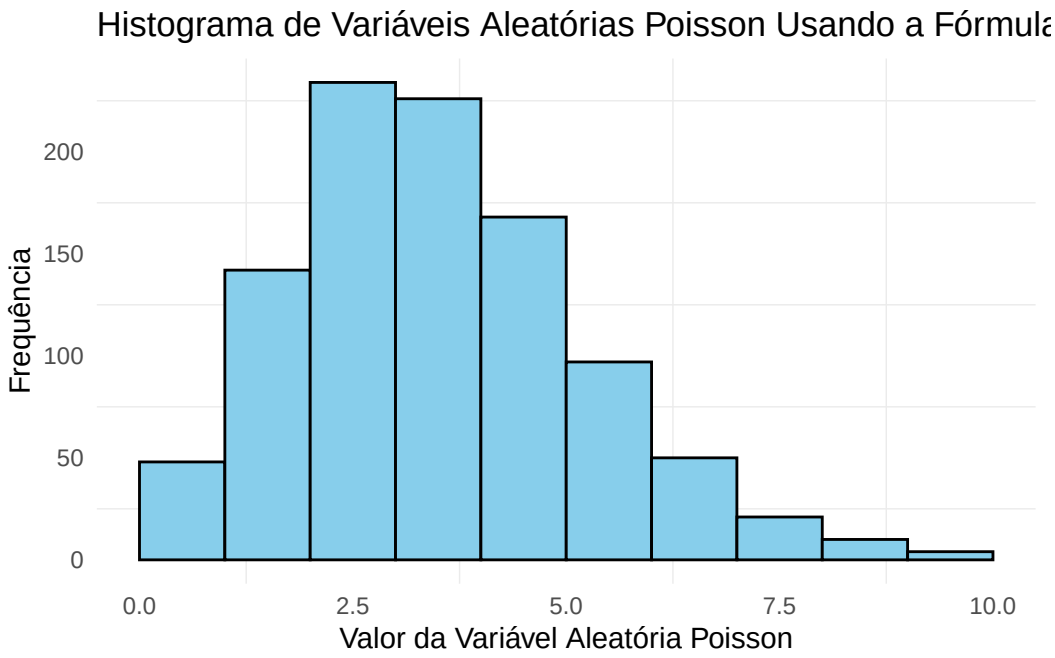
1. Seja $U \sim \text{Unif}(0, 1)$
2. Faça $i = 0$, $p = e^{-\lambda}$ e $F = p$
3. Se $U < F$, faça $X = i$ e pare.
4. Senão, atualize $p = \frac{\lambda p}{i+1}$, $F = F + p$ e $i = i + 1$
5. Volte para o passo (3)

A seguir implementamos esse método:

26 R

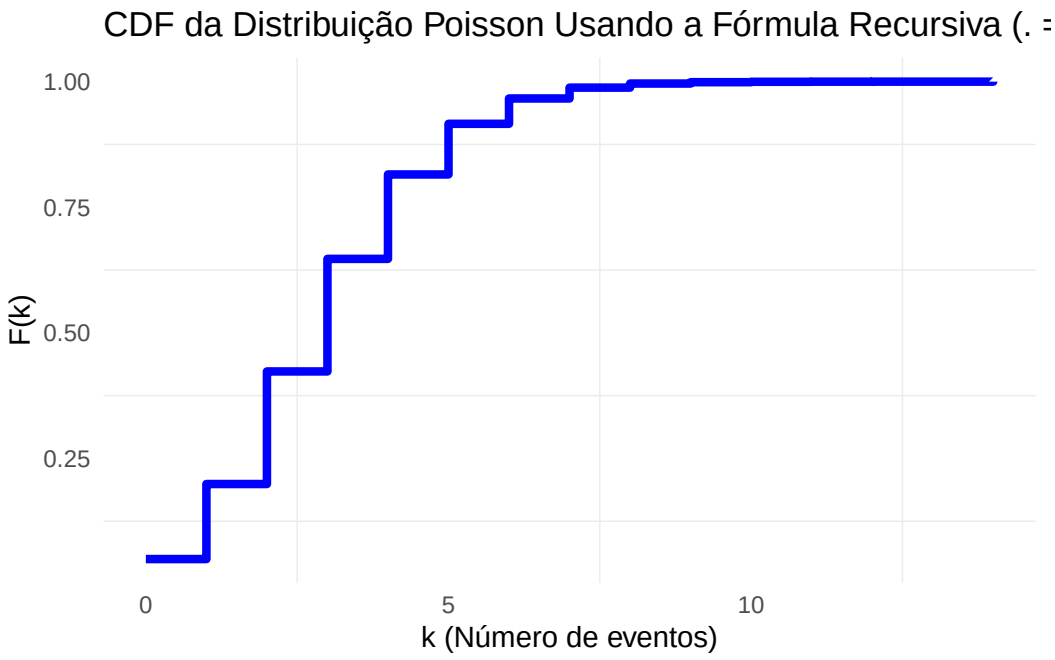
```r
# Função para gerar a inversa da CDF para a distribuição Poisson usando a técnica de inversão
inversa_cdf_poisson_recursiva <- function(lam, u) {
  k <- 0
  p <- exp(-lam)  # P(X=0)
  F_acm <- p  # Iniciamos com a probabilidade P(X=0)

  # Continuamos somando até que F >= u
  while (u > F_acm) {
    k <- k + 1
    p <- p * lam / k  # Atualiza a probabilidade recursivamente para o próximo valor
    F_acm <- F_acm + p
  }

  return(k)
}

# Parâmetro lambda da distribuição Poisson
lam <- 3

# Gerando 1000 números uniformemente distribuídos
uniformes <- runif(1000)

# Gerando a variável aleatória Poisson correspondente para cada número uniforme
poisson_vars <- sapply(uniformes, inversa_cdf_poisson_recursiva, lam = lam)

# Plotando o histograma das variáveis Poisson geradas
library(ggplot2)

df <- data.frame(poisson_vars = poisson_vars)
ggplot(df, aes(x = poisson_vars)) +
  geom_histogram(bins = max(poisson_vars) + 1, color = "black", fill = "skyblue", boundary =
  labs(title = "Histograma de Variáveis Aleatórias Poisson Usando a Fórmula Recursiva (  = 3)
       x = "Valor da Variável Aleatória Poisson",
       y = "Frequência") +
```

```
  theme_minimal() +
  theme(panel.grid.major = element_blank())
```




```
# Função para calcular a CDF da distribuição Poisson
cdf_poisson <- function(k, lam) {
  cdf <- 0
  p <- exp(-lam)  # P(X=0)
  for (i in 0:k) {
    cdf <- cdf + p  # Adiciona a probabilidade à CDF
    if (i < k) {
      p <- p * lam / (i + 1)  # Atualiza a probabilidade recursivamente
    }
  }
  return(cdf)
}

# Gerando valores de k para a CDF
k_values <- 0:14
cdf_values <- sapply(k_values, cdf_poisson, lam = lam)

# Plotando a CDF da distribuição Poisson
df_cdf <- data.frame(k_values = k_values, cdf_values = cdf_values)
ggplot(df_cdf, aes(x = k_values, y = cdf_values)) +
```

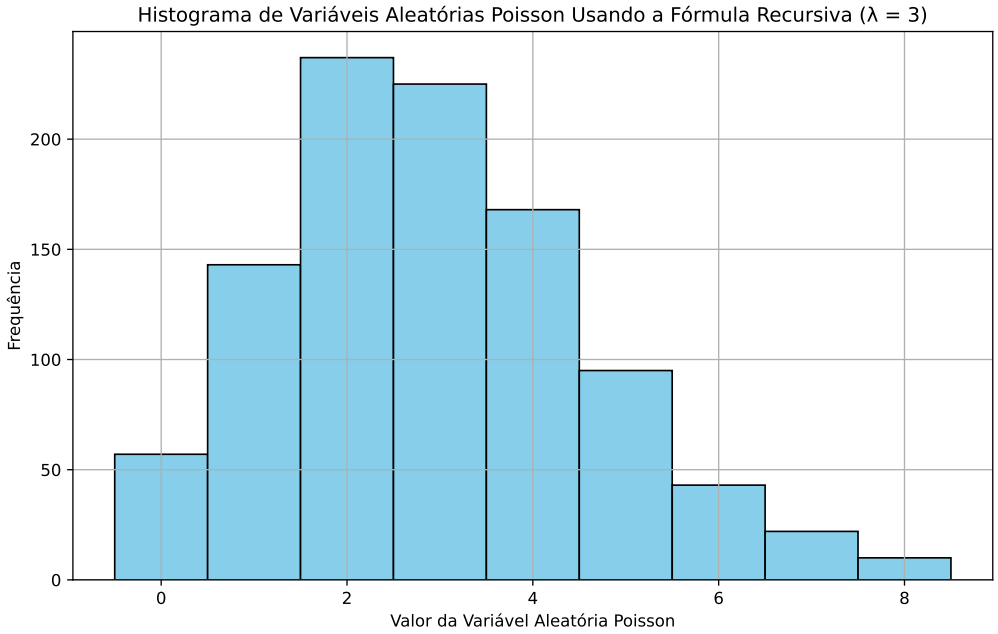
```
  geom_step(direction = "hv", color = "blue", size = 1.5) +
  labs(title = "CDF da Distribuição Poisson Usando a Fórmula Recursiva (  = 3)",
       x = "k (Número de eventos)",
       y = "F(k)") +
  theme_minimal() +
  theme(panel.grid.major = element_blank())
```



27 Python

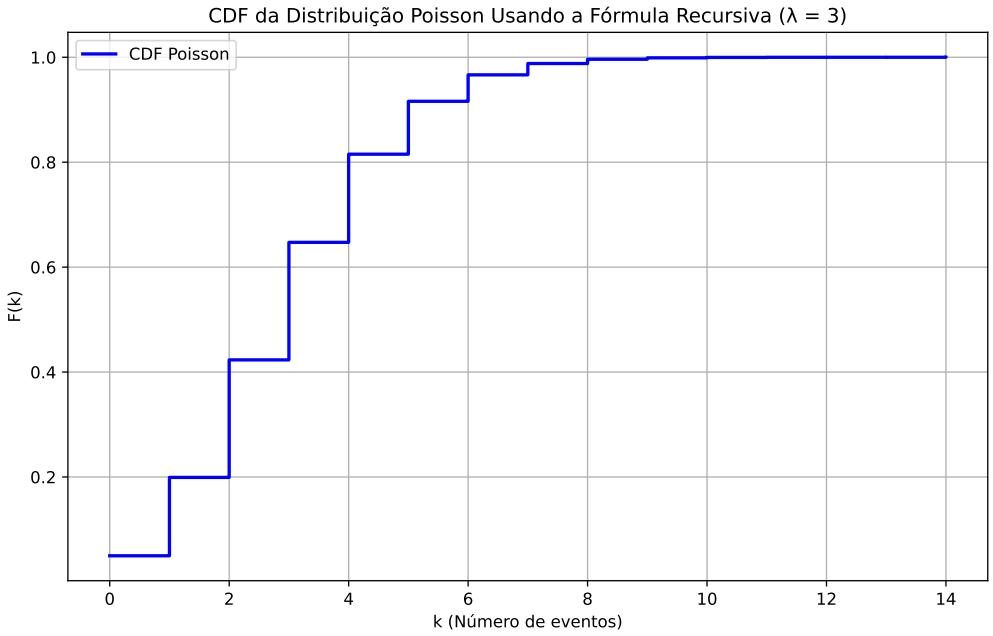
```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
import math

# Função para gerar a inversa da CDF para a distribuição Poisson usando a técnica de inversã
def inversa_cdf_poisson_recursiva(lam, u):
    k = 0
    p = math.exp(-lam)  # P(X=0)
    F = p  # Iniciamos com a probabilidade P(X=0)

    # Continuamos somando até que F >= u
    while u > F:
        k += 1
        p = p * lam / k  # Atualiza a probabilidade recursivamente para o próximo valor
        F += p

    return k

# Parâmetro lambda da distribuição Poisson
lam = 3

# Gerando 1000 números uniformemente distribuídos
uniformes = np.random.uniform(0, 1, 1000)

# Gerando a variável aleatória Poisson correspondente para cada número uniforme
poisson_vars = [inversa_cdf_poisson_recursiva(lam, u) for u in uniformes]

# Plotando o histograma das variáveis Poisson geradas
plt.figure(figsize=(10, 6))
plt.hist(poisson_vars, bins=range(0, max(poisson_vars) + 1), color='skyblue', edgecolor='bla
plt.title('Histograma de Variáveis Aleatórias Poisson Usando a Fórmula Recursiva (  = 3)')
plt.xlabel('Valor da Variável Aleatória Poisson')
plt.ylabel('Frequência')
plt.grid(True)
```

```
plt.show()
```




```
# Calculando a CDF da distribuição Poisson
def cdf_poisson(k, lam):
    cdf = 0
    p = math.exp(-lam)  # P(X=0)
    for i in range(k+1):
        cdf += p  # Adiciona a probabilidade à CDF
        if i < k:  # Atualiza a probabilidade recursivamente
            p = p * lam / (i + 1)
    return cdf

# Gerando valores de k para a CDF
k_values = np.arange(0, 15)
cdf_values = [cdf_poisson(k, lam) for k in k_values]

# Plotando a CDF da distribuição Poisson
plt.figure(figsize=(10, 6))
plt.step(k_values, cdf_values, where='post', color='blue', label='CDF Poisson', linewidth=2)
plt.title('CDF da Distribuição Poisson Usando a Fórmula Recursiva (  = 3)')
plt.xlabel('k (Número de eventos)')
```

```
plt.ylabel('F(k)')
plt.grid(True)
plt.legend()
plt.show()
```



27.1 Exercícios

Exercício 1. Seja X uma v.a. tal que $\mathbb{P}(X = 1) = 0.3, \mathbb{P}(X = 3) = 0.1$ e $\mathbb{P}(X = 4) = 0.6$.

(a) Escreva um pseudo-algoritmo para gerar um valor de X.

(b) Implemente uma função para gerar n valores de X.

(c) Compare a distribuição das frequências obtidas na amostra simulada com as probabilidades reais.

Exercício 2. Considere X uma v.a. tal que

$$\mathbb{P}(X = i) = \alpha\mathbb{P}(X_1 = i) + (1 - \alpha)\mathbb{P}(X_2 = i), \quad i = 0, 1, ...$$

onde $0 \leq \alpha \leq 1$ e X_1, X_2 são v.a. discretas.

A distribuição de X é chamada de distribuição de mistura. Podemos escrever

$$X = \begin{cases} X_1, & \text{com probabilidade } \alpha \\ X_2, & \text{com probabilidade } 1-\alpha \end{cases}$$

Implemente um algoritmo para gerar uma amostra de tamanho n da distribuição mistura de uma Poisson e de uma Geométrica com base nas funções implementadas nos exemplos (2) e (3).

28 Técnica da Inversão para Variáveis Contínuas

Os valores que uma variável aleatória X pode assumir são chamados de **suporte** da distribuição de X.

Variáveis Aleatórias Contínuas são variáveis aleatórias que têm suporte em um conjunto não enumerável de valores, como intervalos na reta real, $\mathbb{R}$, ou $(0, \infty)$, por exemplo.

Uma variável aleatória X contínua tem função de distribuição acumulada (f.d.a.) puder ser expressa como

$$P(X \leq a) = F(a) = \int_{-\infty}^{a} f(x)dx, \quad \forall a \in \mathbb{R},$$

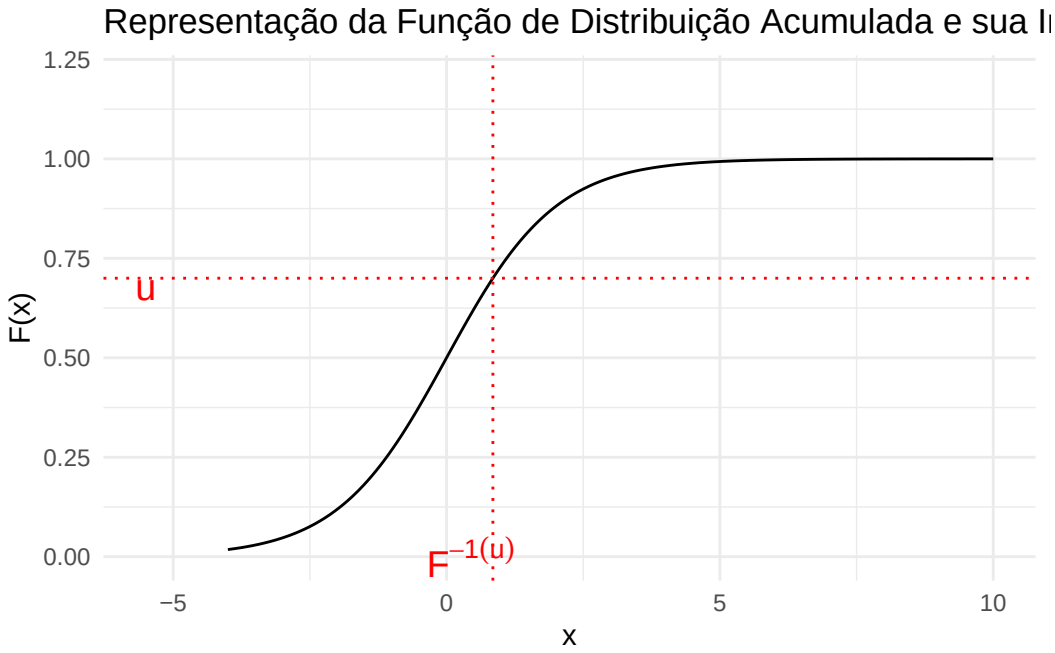
em que $f : \mathbb{R} \to [0, \infty)$ é uma função integrável, chamada de função densidade de probabilidade.

28.1 Função Inversa

Sabemos que $F : \mathbb{R} \to [0, 1]$ é estritamente crescente quando X é continua, e, portanto, podemos definir sua função inversa $F^{-1} : [0, 1] \to \mathbb{R}$. A seguinte figura ilustra F e sua inversa.

29 R

```r
# Carregando as bibliotecas necessárias
library(ggplot2)

# Definindo a função de distribuição acumulada F(x) - função logística
F_ac <- function(x) {
  return(1 / (1 + exp(-x)))
}

# Definindo a inversa da função de distribuição acumulada F_inv(u)
F_inv <- function(u) {
  return(-log((1 / u) - 1))
}

# Gerando valores de x e u
x <- seq(-4, 10, length.out = 400)
u <- seq(0.01, 0.99, length.out = 400)

# Definindo o valor de U para plotar as linhas
u_value <- 0.7
x_value <- F_inv(u_value)

# Criando o gráfico
ggplot(data = data.frame(x = x, F_x = F_ac(x))) +
  geom_line(aes(x = x, y = F_x), color = "black") +
  geom_hline(yintercept = u_value, linetype = "dotted", color = "red") +
  geom_vline(xintercept = x_value, linetype = "dotted", color = "red") +
  annotate("text", x = x_value - 0.4, y = -0, label = expression(F^{-1}(u)), color = "red", s
  annotate("text", x = -5.5, y = u_value - 0.02, label = "u", color = "red", size = 5) +
  labs(title = "Representação da Função de Distribuição Acumulada e sua Inversa",
       x = "x", y = "F(x)") +
  ylim(0, 1.2) +
  theme_minimal()
```


Representação da Função de Distribuição Acumulada e sua I
1.25
1.00
0.75
0.50
0.25
0.00
F(x)
u
F−1(u)
−5
0
5
10
x

30 Python

```python
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

# Definindo a função de distribuição acumulada F(x)
def F(x):
    return 1 / (1 + np.exp(-x))  # Função logística como exemplo de F(x)

# Definindo a inversa da função de distribuição acumulada F_inv(u)
def F_inv(u):
    return -np.log((1 / u) - 1)

# Gerando valores de x e u para plotar
x = np.linspace(-4, 10, 400)
u = np.linspace(0.01, 0.99, 400)  # U entre 0 e 1 (evitando extremos para evitar erros na inv

# Plotando a função de distribuição acumulada F(x) com truncamento do eixo y no zero
plt.figure(figsize=(8, 6))
plt.plot(x, F(x), color="black")

# Adicionando linhas pontilhadas para representar U e F_inv(U)
u_value = 0.7  # Exemplo de valor de U
x_value = F_inv(u_value)

plt.hlines(u_value, min(x), x_value, linestyles='dotted', colors='red')
plt.vlines(x_value, 0, u_value, linestyles='dotted', colors='red')

# Etiquetas
plt.text(x_value-0.4 , -0.05, r"$F^{-1}(u)$", fontsize=12, color='red')
plt.text(-5.5, u_value - 0.02, r"$u$", fontsize=14, color='red')

# Rótulos e estilo do gráfico
plt.title(r'Representação da Função de Distribuição Acumulada e sua Inversa', fontsize=14)
plt.xlabel(r'$x$', fontsize=12)
plt.ylabel(r'$F(x)$', fontsize=12)
```

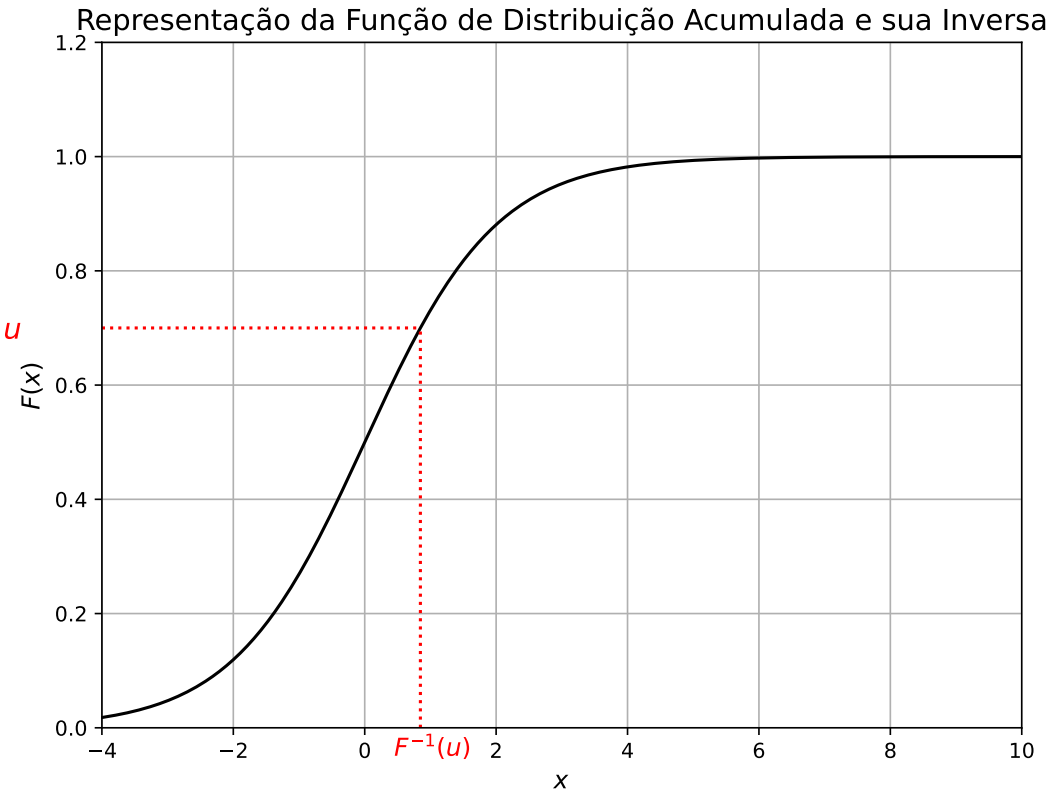
```
plt.ylim(0, 1.2)
```

```
(0.0, 1.2)
```

```
plt.xlim(-4, 10)
```

```
(-4.0, 10.0)
```

```
plt.grid(True)

# Exibir o gráfico
plt.show()
```



30.1 Método da Inversão

Uma maneira de gerar valores de uma variável aleatória contínua X, é o **método da inversão**, que é originado da seguinte proposição:

Proposição: Seja $U \sim \text{Unif}(0,1)$. Para qualquer variável aleatória contínua com função de distribuição acumulada F, a variável:

$$X = F^{-1}(U)$$

tem distribuição F.

Prova:

$$\mathbb{P}(X \leq x) = \mathbb{P}(F^{-1}(U) \leq x) = \mathbb{P}(F(F^{-1}(U)) \leq F(x)) = \mathbb{P}(U \leq F(x)) = F(x).$$

Assim, o método da inversão consiste em:

1. Gerar $U \sim \text{Unif}(0,1)$.
2. Calcular $X = F^{-1}(U)$.

30.2 Exemplo 1

Seja X uma v.a. com:

$$F(x) = x^n, \quad \text{para } 0 < x < 1.$$

A função inversa é:

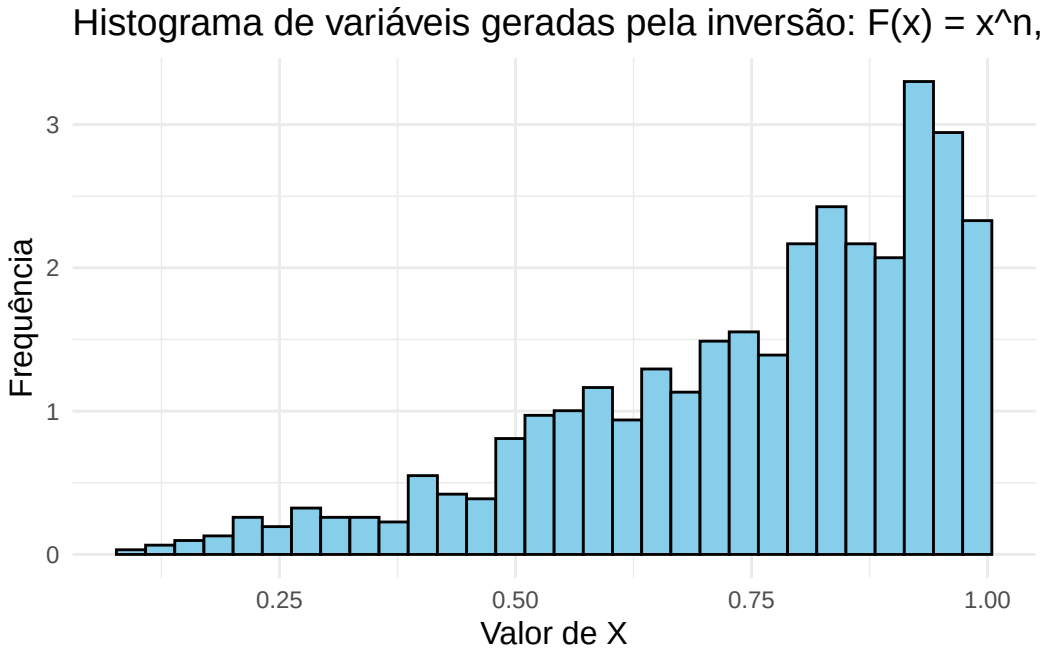
$$u = F(x) = x^n \implies x = u^{1/n}.$$

Portanto, o pseudo-algoritmo para gerar X a partir do método da inversão é:

1. Gere $U \sim \text{Unif}(0,1)$.
2. Calcule $X = U^{1/n}$.

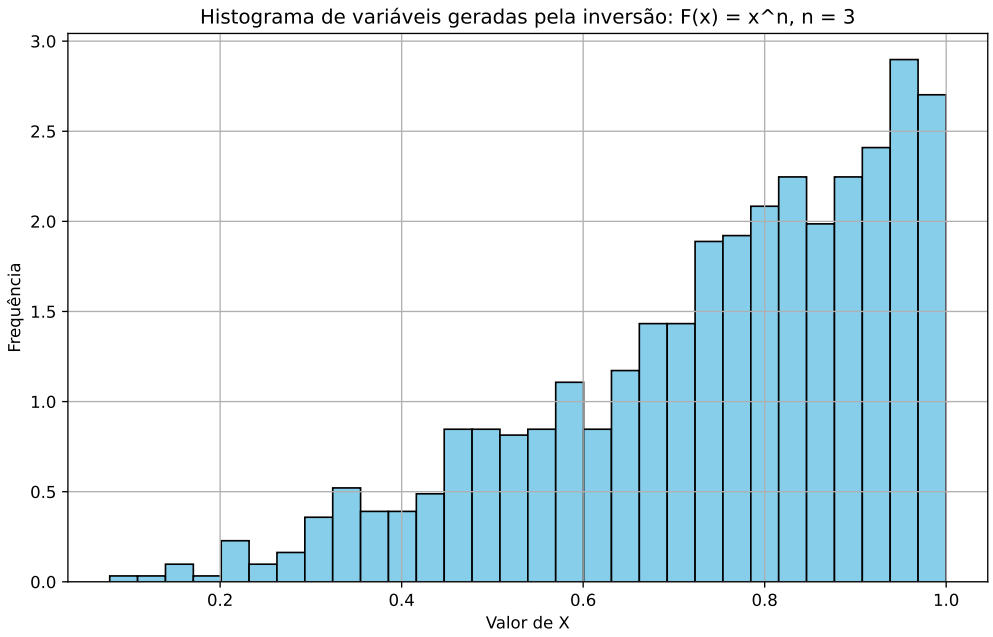
31 R

```r
# Carregar a biblioteca ggplot2
library(ggplot2)

# Definir o parâmetro n da distribuição F(x) = x^n
n <- 3

# Gerar 1000 valores U de uma distribuição uniforme (0,1)
U <- runif(1000, min = 0, max = 1)

# Calcular X = U^(1/n)
X <- U^(1/n)

# Criar um dataframe para o ggplot2
data <- data.frame(X = X)

# Plotar o histograma usando ggplot2
p <- ggplot(data, aes(x = X)) +
  geom_histogram(aes(y = ..density..), bins = 30, fill = 'skyblue', color = 'black') +
  labs(title = 'Histograma de variáveis geradas pela inversão: F(x) = x^n, n = 3',
       x = 'Valor de X', y = 'Frequência') +
  theme_minimal() +
  theme(plot.title = element_text(size = 14),
        axis.title.x = element_text(size = 12),
        axis.title.y = element_text(size = 12))

# Exibir o gráfico
print(p)
```


Histograma de variáveis geradas pela inversão: F(x) = x^n,
Frequência
0
1
2
3
0.25
0.50
0.75
1.00
Valor de X

32 Python

```python
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

# Parâmetro n da distribuição F(x) = x^n
n = 3

# Gerando 1000 valores U de uma distribuição uniforme (0,1)
U = np.random.uniform(0, 1, 1000)

# Calculando X = U^(1/n)
X = U**(1/n)

# Plotando um histograma dos valores gerados
plt.figure(figsize=(10, 6))
plt.hist(X, bins=30, color='skyblue', edgecolor='black', density=True)
plt.title('Histograma de variáveis geradas pela inversão: F(x) = x^n, n = 3')
plt.xlabel('Valor de X')
plt.ylabel('Frequência')
plt.grid(True)
plt.show()
```



32.0.1 Exemplo 2

Seja $X \sim \text{Exp}(\lambda)$, com:

$$F(x) = 1 - e^{-\lambda x}, \quad \text{para } x > 0.$$

A função inversa é:

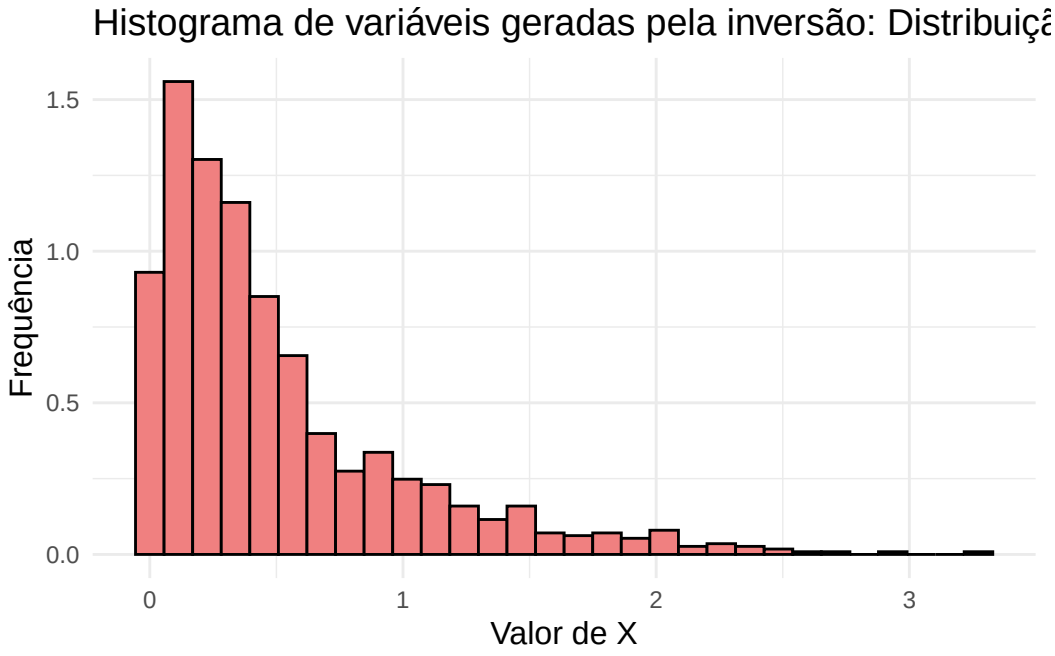
$$u = F(x) = 1 - e^{-\lambda x} \implies x = -\frac{\log(1-u)}{\lambda}.$$

Um pseudo-algoritmo para gerar X é, portanto,:

1. Gere $U \sim \text{Unif}(0, 1)$.
2. Calcule $X = -\frac{\log(1-U)}{\lambda}$.

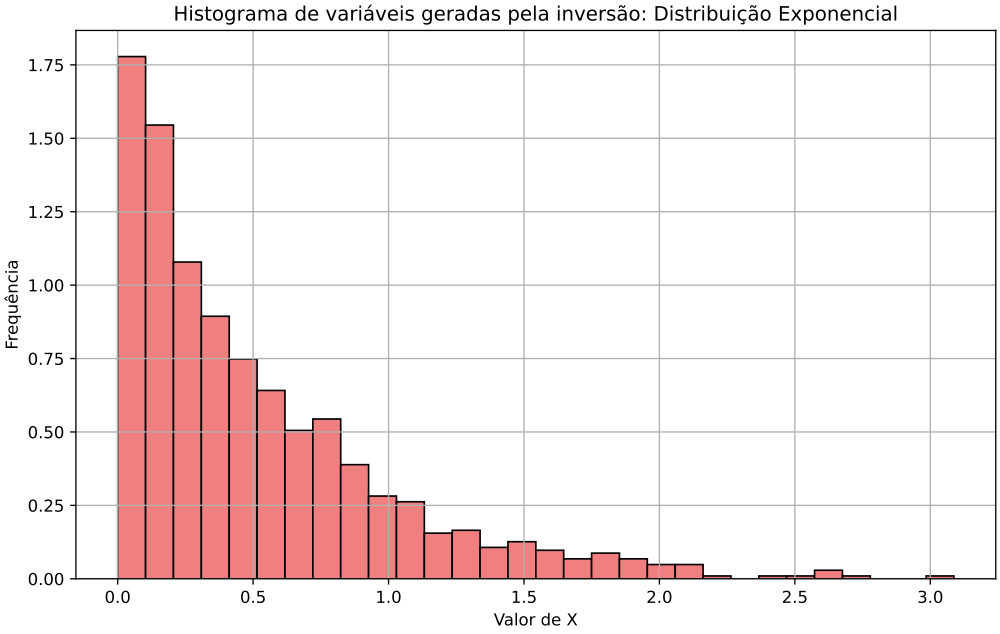
33 R

```r
# Carregar a biblioteca ggplot2
library(ggplot2)

# Definir o parâmetro lambda da distribuição exponencial
lambda <- 2

# Gerar 1000 valores U de uma distribuição uniforme (0,1)
U <- runif(1000, min = 0, max = 1)

# Calcular X usando a inversa da CDF da distribuição exponencial
X <- -log(1 - U) / lambda

# Criar um dataframe para o ggplot2
data <- data.frame(X = X)

# Plotar o histograma usando ggplot2
p <- ggplot(data, aes(x = X)) +
  geom_histogram(aes(y = ..density..), bins = 30, fill = 'lightcoral', color = 'black') +
  labs(title = 'Histograma de variáveis geradas pela inversão: Distribuição Exponencial',
       x = 'Valor de X', y = 'Frequência') +
  theme_minimal() +
  theme(plot.title = element_text(size = 14),
        axis.title.x = element_text(size = 12),
        axis.title.y = element_text(size = 12))

# Exibir o gráfico
print(p)
```


Histograma de variáveis geradas pela inversão: Distribuiçã
Frequência
1.5
1.0
0.5
0.0
0
1
2
3
Valor de X

34 Python

```python
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

# Parâmetro lambda da distribuição exponencial
lambd = 2

# Gerando 1000 valores U de uma distribuição uniforme (0,1)
U = np.random.uniform(0, 1, 1000)

# Calculando X usando a inversa da CDF da exponencial
X = -np.log(1 - U) / lambd

# Plotando um histograma dos valores gerados
plt.figure(figsize=(10, 6))
plt.hist(X, bins=30, color='lightcoral', edgecolor='black', density=True)
plt.title('Histograma de variáveis geradas pela inversão: Distribuição Exponencial')
plt.xlabel('Valor de X')
plt.ylabel('Frequência')
plt.grid(True)
plt.show()
```



34.1 Simulação de transformações de variáveis aleatórias

Agora que já sabemos uma maneira de simular uma variável aleatória X, descreveremos como gerar valores de uma transformação dessa variável, ou seja, $g(X)$. Para isso, basta aplicar a função de transformação g diretamente aos valores simulados de X. Veremos a seguinte alguns exemplos disso em funcionamento.

34.1.1 Exemplo 1: Simulando $Y \sim Unif(1, 2)$

Para gerar valores de $Y \sim Unif(1, 2)$, usamos o fato de que Y é uma simples transformação de $U \sim Unif(0, 1)$. A relação é:

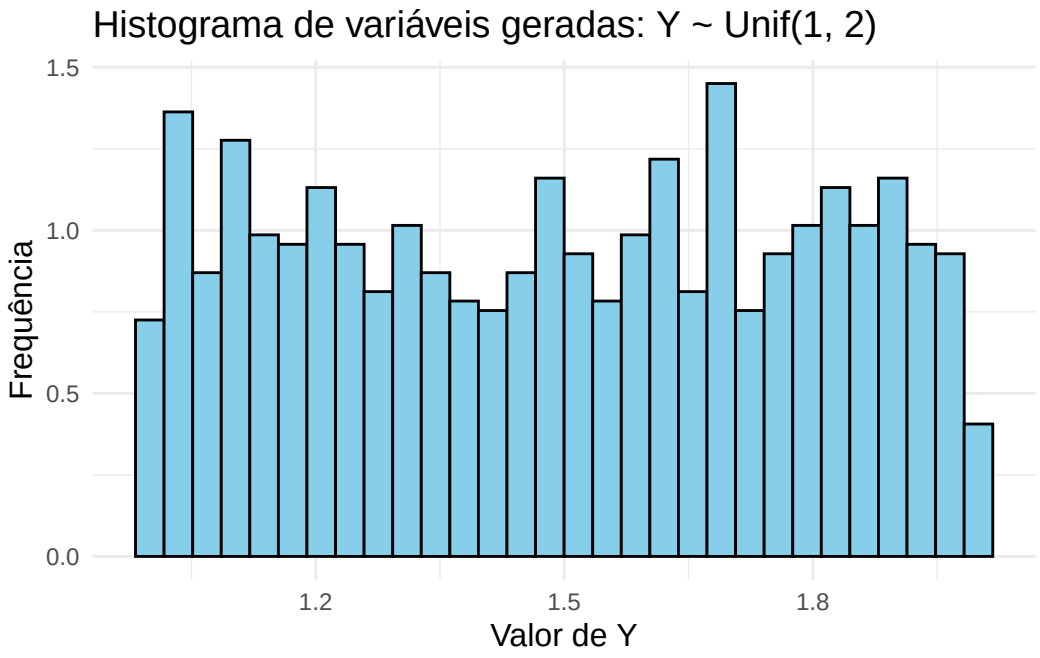
$$Y = U + 1.$$

Assim, podemos usar o seguinte pseudo-algoritmo para gerar Y a partir de U:

1. Gere $U \sim Unif(0, 1)$.
2. Calcule $Y = U + 1$.

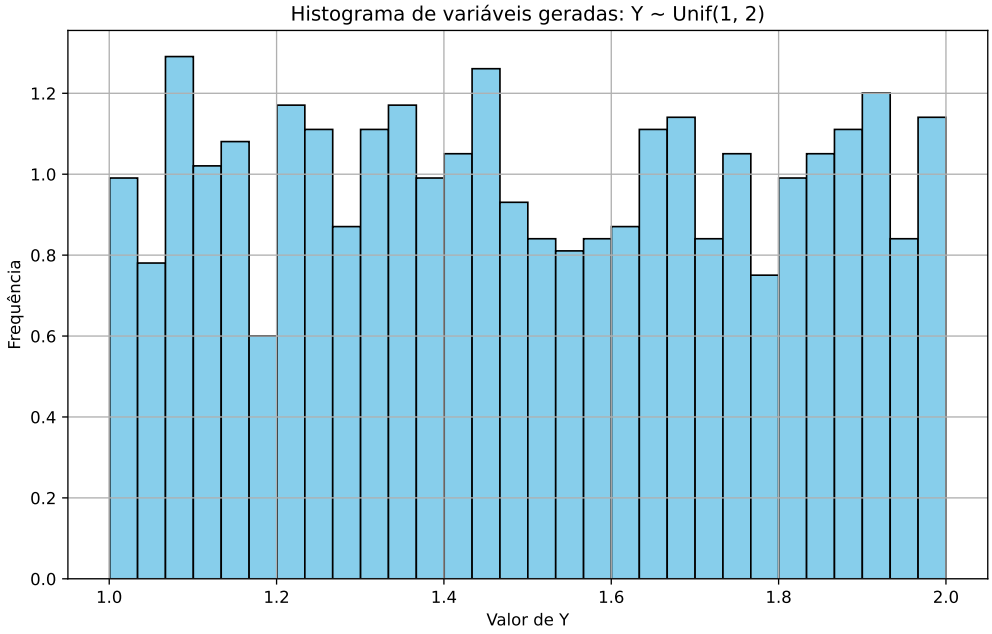
35 R

```r
# Carregar biblioteca ggplot2
library(ggplot2)

# Gerar 1000 valores U de uma distribuição uniforme (0,1)
U <- runif(1000, min = 0, max = 1)

# Calcular Y = U + 1 para ter Y ~ Unif(1, 2)
Y <- U + 1

# Criar um dataframe para o ggplot2
data <- data.frame(Y = Y)

# Plotar o histograma usando ggplot2
p <- ggplot(data, aes(x = Y)) +
  geom_histogram(aes(y = ..density..), bins = 30, fill = 'skyblue', color = 'black') +
  labs(title = 'Histograma de variáveis geradas: Y ~ Unif(1, 2)',
       x = 'Valor de Y', y = 'Frequência') +
  theme_minimal() +
  theme(plot.title = element_text(size = 14),
        axis.title.x = element_text(size = 12),
        axis.title.y = element_text(size = 12))

# Exibir o gráfico
print(p)
```


Histograma de variáveis geradas: Y ~ Unif(1, 2)
Frequência
1.5
1.0
0.5
0.0
1.2
1.5
1.8
Valor de Y

36 Python

```python
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

# Gerando 1000 valores U de uma distribuição uniforme (0,1)
U = np.random.uniform(0, 1, 1000)

# Calculando Y = U + 1 para ter Y ~ Unif(1, 2)
Y = U + 1

# Plotando um histograma dos valores gerados
plt.figure(figsize=(10, 6))
plt.hist(Y, bins=30, color='skyblue', edgecolor='black', density=True)
plt.title('Histograma de variáveis geradas: Y ~ Unif(1, 2)')
plt.xlabel('Valor de Y')
plt.ylabel('Frequência')
plt.grid(True)
plt.show()
```



36.0.1 Exemplo 2: Simulando $Y \sim Gamma(n, \lambda)$

Para gerar valores de $Y \sim \Gamma(n, \lambda)$, usamos o fato de que a soma de que Y pode ser representado como

$$Y = \sum_{i=1}^{n} X_i,$$

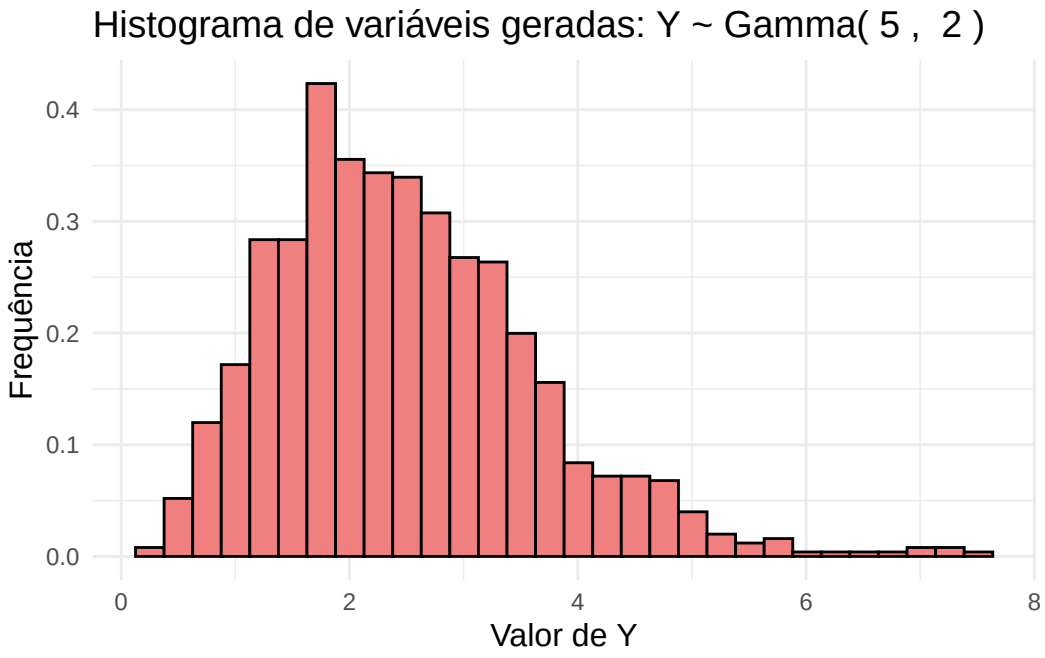
em que cada $X_i \sim Exp(\lambda)$, e X_i's são independentes.

Assim, podemos gerar Y da seguinte forma:

1. Gere $U_1, \dots, U_n \sim Unif(0, 1)$ independentemente.
2. Calcule $X_i = -\frac{\log(1-U_i)}{\lambda}$ para $i = 1, \dots, n$.
3. Calcule $Y = X_1 + X_2 + \cdots + X_n$.

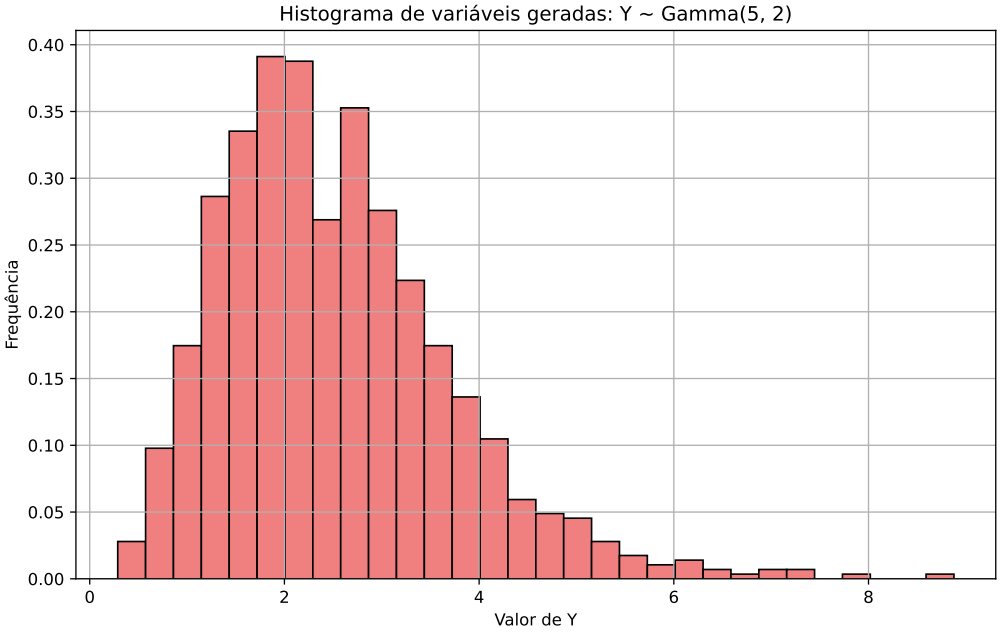
37 R

```r
# Carregar biblioteca ggplot2
library(ggplot2)

# Definir parâmetros
n <- 5  # número de somas
lambda <- 2  # parâmetro da distribuição exponencial

# Gerar 1000 valores U para cada uma das n somas
U <- matrix(runif(1000 * n, min = 0, max = 1), ncol = n)

# Calcular X_i = -log(1 - U_i) / lambda para cada U_i
X <- -log(1 - U) / lambda

# Somar os valores de X para obter Y ~ Gamma(n, lambda)
Y <- rowSums(X)

# Criar um dataframe para o ggplot2
data <- data.frame(Y = Y)

# Plotar o histograma usando ggplot2
p <- ggplot(data, aes(x = Y)) +
  geom_histogram(aes(y = ..density..), bins = 30, fill = 'lightcoral', color = 'black') +
  labs(title = paste('Histograma de variáveis geradas: Y ~ Gamma(', n, ', ', lambda, ')'),
       x = 'Valor de Y', y = 'Frequência') +
  theme_minimal() +
  theme(plot.title = element_text(size = 14),
        axis.title.x = element_text(size = 12),
        axis.title.y = element_text(size = 12))

# Exibir o gráfico
print(p)
```


Histograma de variáveis geradas: Y ~ Gamma(5 , 2)
Frequência
0.0
0.1
0.2
0.3
0.4
0
2
4
6
8
Valor de Y

38 Python

```python
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt



# Definindo parâmetros
n = 5  # número de somas
lambd = 2  # parâmetro da distribuição exponencial

# Gerando 1000 valores U para cada uma das n somas
U = np.random.uniform(0, 1, (1000, n))

# Calculando X_i = -log(1 - U_i) / lambda para cada U_i
X = -np.log(1 - U) / lambd

# Somando os valores de X para obter Y ~ Gamma(n, lambda)
Y = np.sum(X, axis=1)

# Plotando um histograma dos valores gerados
plt.figure(figsize=(10, 6))
plt.hist(Y, bins=30, color='lightcoral', edgecolor='black', density=True)
plt.title(f'Histograma de variáveis geradas: Y ~ Gamma({n}, {lambd})')
plt.xlabel('Valor de Y')
plt.ylabel('Frequência')
plt.grid(True)
plt.show()
```



38.1 Exercícios

Exercício 1.

Utilizando o método da inversão, simule $U \sim U(1, 3)$.

Exercício 2.

a) Implemente uma função para gerar uma amostra de tamanho n da distribuição Exponencial de parâmetro λ.

b) Compare a distribuição empírica dos valores simulados com a densidade da Exponencial $f(x) = \lambda e^{-\lambda x}, x > 0$.

Exercício 3.

a) Implemente uma função para gerar uma amostra de tamanho n da distribuição $Gama(a, b)$, para a sendo um valor inteiro.

b) Compare a distribuição empírica dos valores simulados com a densidade da Gama $f(x) = \frac{b^a}{\Gamma(a)} x^{a-1} e^{-bx}, x > 0$.

Exercício 4. Seja X uma v.a. com função densidade dada por:

$$f(x) = \frac{1}{8}x, \quad 0 < x < 4.$$

a) Escreva um pseudo-algoritmo para simular um único valor da variável X pelo método da inversão.

b) Compare a distribuição empírica dos valores simulados com a densidade de X.

39 Método da Rejeição para Variáveis Discretas

A amostragem por rejeição é uma técnica útil para gerar variáveis aleatórias a partir de uma distribuição de probabilidade complexa, utilizando uma distribuição proposta mais simples. A ideia básica é simular de uma distribuição discreta fácil de amostrar e, em seguida, rejeitar ou aceitar essas amostras com base na distribuição alvo.

39.1 Algoritmo

O método assume que conhecemos uma distribuição q_j, fácil de simular, que cubra o suporte da distribuição alvo p_j. Essa distribuição é chamada de **distribuição proposta**. Além disso, ele assume que existe uma constante c tal que $\frac{p_j}{q_j} \leq c$ para todo j tal que $p_j > 0$, e que conseguimos calcular c.

O método de aceitação e rejeição segue os seguintes passos:

1. Gere um valor Y da distribuição proposta q_j.
2. Gere um valor $U \sim \text{Uniform}(0, 1)$.
3. Aceite Y como uma amostra de p_j se $U \leq \frac{p(Y)}{c \cdot q(Y)}$, caso contrário, rejeite Y e repita o processo.

39.2 Exemplo

Vamos demonstrar a amostragem por rejeição gerando amostras de uma distribuição alvo discreta p_j, utilizando uma distribuição uniforme discreta como distribuição proposta.

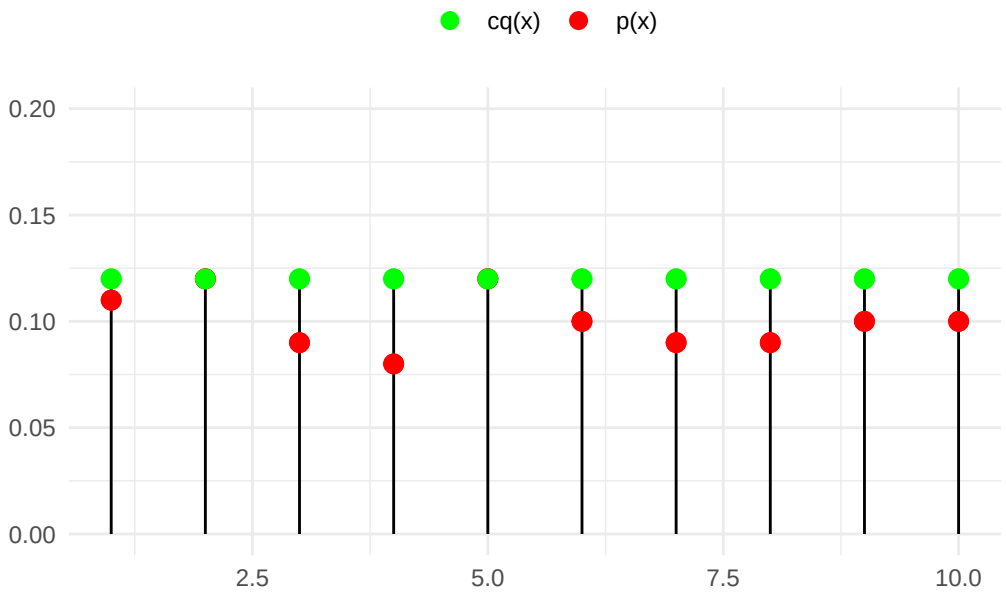
Suponha que Y siga uma distribuição uniforme discreta em $\{1, 2, \ldots, 10\}$, ou seja, $q_j = 1/10$ para todos os valores j. A distribuição alvo p_j tem os seguintes valores:

j	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
p_j	0.11	0.12	0.09	0.08	0.12	0.10	0.09	0.09	0.10	0.10

Para aplicar o método de aceitação e rejeição, precisamos de uma constante c tal que $\frac{p_j}{q_j} \leq c$ para todo j. Neste caso, temos $c = 1.2$.

40 R

```r
library(ggplot2)

# Valores de j e probabilidades p_j e q_j
j_values <- 1:10
p_j <- c(0.11, 0.12, 0.09, 0.08, 0.12, 0.10, 0.09, 0.09, 0.10, 0.10)
q_j <- rep(1 / 10, length(p_j))  # Distribuição uniforme

# Constante c para ajustar q_j
c <- max(p_j / q_j)
cq_j <- c * q_j  # Multiplica a distribuição proposta pela constante

# Criação do data frame para o ggplot2
df <- data.frame(j = j_values, p_j = p_j, cq_j = cq_j)

# Plot com ggplot2
ggplot(df, aes(x = j)) +
  geom_segment(aes(x = j, xend = j, y = 0, yend = cq_j), color = "black") +
  geom_point(aes(y = cq_j), color = "green", size = 3) +
  geom_point(aes(y = p_j), color = "red", size = 3) +
  labs(x = "", y = "") +
  ylim(0, 0.2) +
  theme_minimal() +
  theme(legend.position = "top") +
  scale_color_manual(values = c("p(x)" = "red", "cq(x)" = "green"), name = "") +
  guides(color = guide_legend(override.aes = list(shape = 16))) +
  geom_point(aes(y = p_j, color = "p(x)"), size = 3) +
  geom_point(aes(y = cq_j, color = "cq(x)"), size = 3)
```

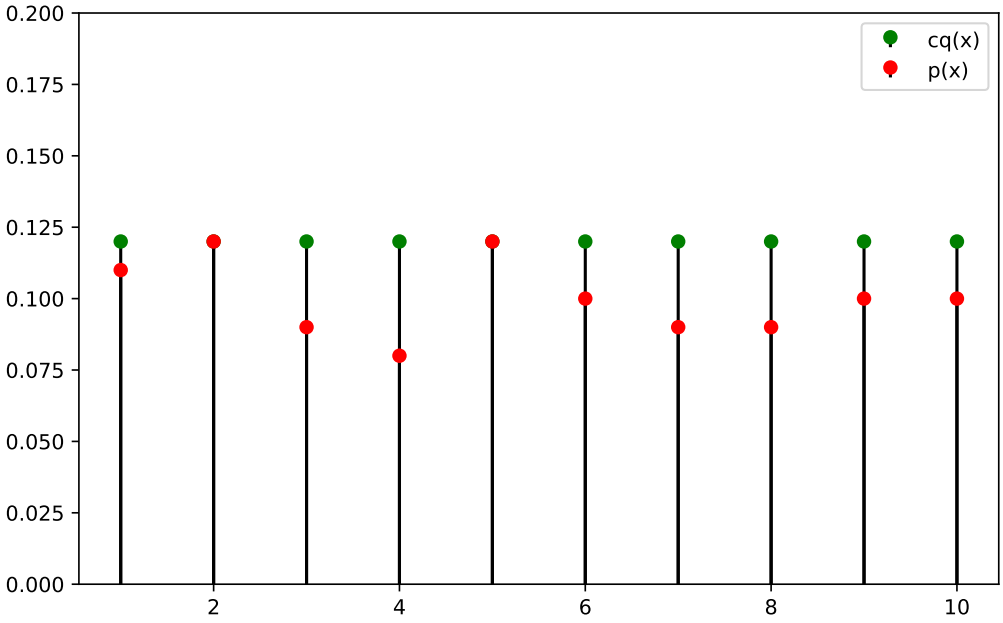

cq(x)
p(x)
0.20
0.15
0.10
0.05
0.00
2.5
5.0
7.5
10.0

41 Python

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

# Valores de j e probabilidades p_j e q_j
j_values = np.arange(1, 11)
p_j = np.array([0.11, 0.12, 0.09, 0.08, 0.12, 0.10, 0.09, 0.09, 0.10, 0.10])
q_j = np.full_like(p_j, 1 / 10)  # Distribuição uniforme

# Constante c para ajustar q_j
c = max(p_j / q_j)
cq_j = c * q_j  # Multiplica a distribuição proposta pela constante

# Plot
plt.figure(figsize=(8, 5))
plt.stem(j_values, cq_j, linefmt="black", markerfmt="go", basefmt=" ", label="cq(x)")
plt.stem(j_values, p_j, linefmt="black", markerfmt="ro", basefmt=" ", label="p(x)")

# Configurações do gráfico
plt.ylim(0, 0.2)
```

```
(0.0, 0.2)
```

```
plt.legend(loc="upper right")
plt.show()
```



41.0.1 Teoria do método de rejeição

Teorema: O método da aceitação e rejeição gera uma v.a. X tal que

$$P(X = j) = p_j, \ j = 0, 1, ...$$

O número de passos que o algoritmo necessita para gerar X tem distribuição geométrica com média c.

Prova:

$$P(Y = j \text{ e aceitar}) = P(Y = j)P(\text{aceitar } |Y = j) = q_j \frac{p_j}{cq_j} = \frac{p_j}{c}$$

Então,

$$P(\text{aceitar}) = \sum_{j=0}^{\infty} \frac{p_j}{c} = \frac{1}{c}$$

A cada passo a probabilidade de aceitar um valor é $\frac{1}{c}$, então o número de passos necessários para aceitar um valor tem dist. geométrica com média c.

Além disso, temos

$$P(X = j) = \sum_{n=1}^{\infty} P(Y = j \text{ e aceitar pela 1a vez no passo n}) = \sum_{n=1}^{\infty} \left(1 - \frac{1}{c}\right)^{n-1} \frac{p_j}{c} = p_j$$

41.1 Exercício

Implemente o método de aceitação e rejeição para gerar uma amostra da variável aleatória X com a distribuição de probabilidades alvo p_j dada anteriormente:

j	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
p_j	0.11	0.12	0.09	0.08	0.12	0.10	0.09	0.09	0.10	0.10

Use a distribuição uniforme discreta em $\{1, 2, ..., 10\}$ como a distribuição proposta q_j, em que $q_j = 1/10$ para todos os valores de j.

42 Método da Rejeição para Variáveis Contínuas

A amostragem por rejeição é uma técnica útil para gerar variáveis aleatórias a partir de uma distribuição complexa, utilizando uma distribuição proposta mais simples. A ideia básica é simular de uma distribuição fácil de amostrar e, em seguida, rejeitar ou aceitar essas amostras com base na distribuição alvo.

42.1 Algoritmo

O método assume que conhecemos uma distribuição $g(x)$, fácil de simular, que cubra o suporte da distribuição alvo $f(x)$. Essa distribuição é chamada de **distribuição proposta**. Além disso ele assume que existe c tal que $\frac{f(x)}{g(x)} \leq c$ para todo x, e que conseguimos calcular c. O método de aceitação e rejeição segue os seguintes passos:

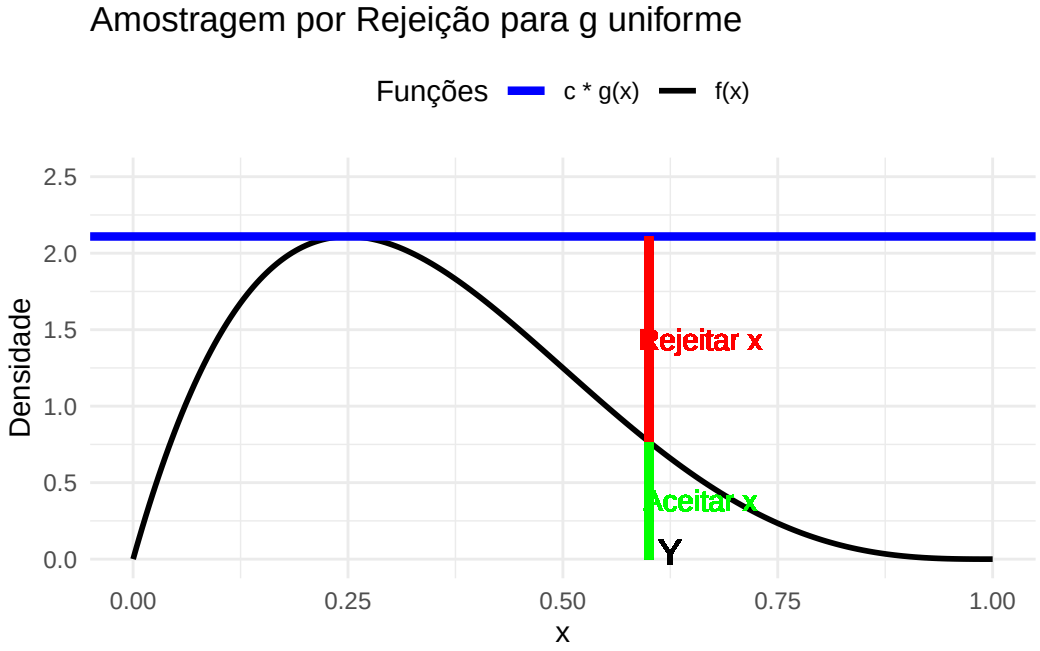
1. Gere um valor Y da distribuição proposta $g(x)$.
2. Gere um valor $U \sim \text{Uniform}(0, 1)$.
3. Aceite Y como uma amostra de $f(x)$ se $U \leq \frac{f(Y)}{c \cdot g(Y)}$, caso contrário, rejeite Y e repita o processo.

A figura a seguir ilustra esse processo quando g é uma distribuição uniforme entre 0 e 1.

43 R

```r
library(ggplot2)

# Função densidade alvo f(x)
f <- function(x) {
  20 * x * (1 - x)^3
}

# Função densidade proposta g(x) (distribuição uniforme)
g <- function(x) {
  rep(1, length(x))  # g(x) é uniforme no intervalo (0, 1)
}

# Constante c (máximo de f(x))
opt_result <- optimize(f = function(x) -f(x), interval = c(0, 1))
c <- f(opt_result$minimum)

# Gerar valores de x
x <- seq(0, 1, length.out = 1000)

# Valor de Y para aceitar/rejeitar (escolhido aleatoriamente)
Y <- 0.6

# DataFrame para o gráfico
df <- data.frame(x = x, fx = f(x), gx = c * g(x))

# Plotando as funções f(x) e a linha horizontal c*g(x)
ggplot(df, aes(x = x)) +
  geom_line(aes(y = fx, color = "f(x)"), size = 1) +
  geom_hline(aes(yintercept = c * g(x), color = "c * g(x)"), size = 1.5) +

  # Destacar a área de aceitação e rejeição
  geom_text(aes(x = Y + 0.025, y = 0.05, label = "Y"), color = "black", size = 5) +

  geom_segment(aes(x = Y, xend = Y, y = 0, yend = f(Y)), color = "green", size = 1.5) +
```

```r
  geom_segment(aes(x = Y, xend = Y, y = f(Y), yend = c * g(Y)), color = "red", size = 1.5) +

  # Mover rótulos de Aceitar/Rejeitar para a esquerda da linha Y
  geom_text(aes(x = Y + 0.06, y = f(Y) / 2, label = "Aceitar x"), color = "green", size = 4)
  geom_text(aes(x = Y + 0.06, y = f(Y) + (c * g(Y) - f(Y)) / 2, label = "Rejeitar x"), color

  # Limites e rótulos
  xlim(0, 1) +
  ylim(0, 2.5) +
  labs(x = "x", y = "Densidade", title = "Amostragem por Rejeição para g uniforme") +

  # Legenda
  scale_color_manual(values = c("f(x)" = "black", "c * g(x)" = "blue"), name = "Funções") +

  theme_minimal() +
  theme(legend.position = "top")
```



44 Python

```python
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
from scipy.optimize import minimize_scalar

# Função densidade alvo f(x)
def f(x):
    return 20 * x * (1 - x)**3

# Função densidade proposta g(x) (distribuição uniforme)
def g(x):
    return 1  # g(x) é uniforme no intervalo (0, 1)

# Constante c
result = minimize_scalar(lambda x: -f(x), bounds=(0, 1), method='bounded')
c = f(result.x)

# Gerar valores de x
x = np.linspace(0, 1, 1000)

# Valor de Y para aceitar/rejeitar (escolhido aleatoriamente)
Y = 0.6
U = 0.8
accept_threshold = f(Y) / (c * g(Y))

# Plotando as funções f(x) e a linha horizontal c*g(x)
# Ajustando o código para truncar o eixo y no zero
plt.plot(x, f(x), label='f(x)', color='black')
plt.hlines(c * g(x), 0, 1, color='blue', label='c*g(x)', linewidth=2)  # Linha horizontal c*g

# Destacar a área de aceitação e rejeição
plt.vlines(Y, 0, f(Y), colors='green', label='Aceitar $x$', linewidth=2)
plt.vlines(Y, f(Y), c * g(Y), colors='red', label='Rejeitar $x$', linewidth=2)

# Adicionar rótulo de Y na posição da linha vertical
```

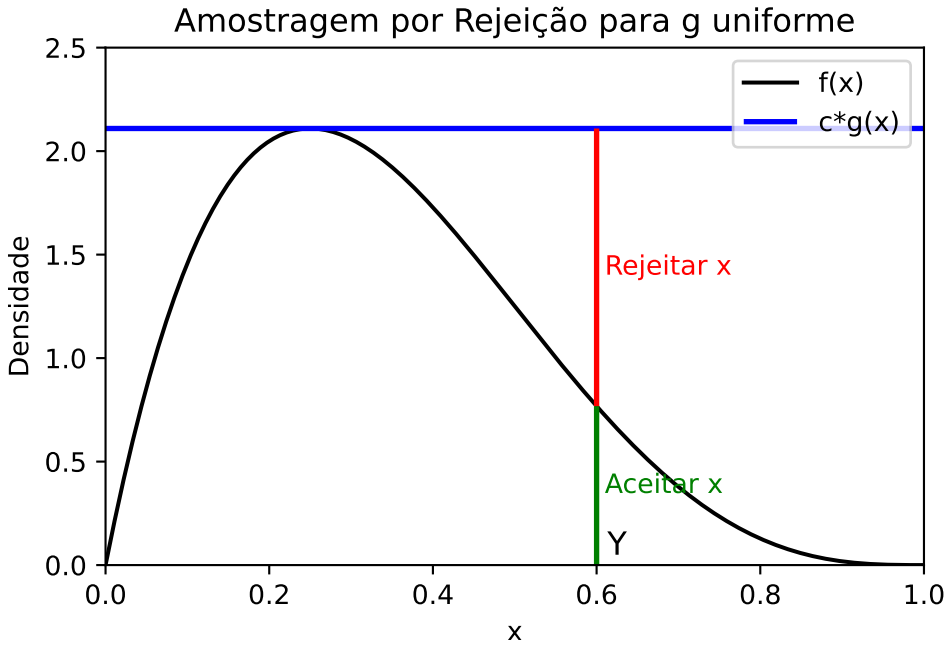
```
plt.text(Y+0.025, 0.05, 'Y', color='black', fontsize=12, horizontalalignment='center')

# Adicionar rótulos de Aceitar/Rejeitar
plt.text(Y + 0.01, f(Y) / 2, 'Aceitar x', color='green', fontsize=10, verticalalignment='cen
plt.text(Y + 0.01, f(Y) + (c * g(Y) - f(Y)) / 2, 'Rejeitar x', color='red', fontsize=10, ver

# Limites e rótulos
plt.xlim(0, 1)
```

```
(0.0, 1.0)
```

```
plt.ylim(0, 2.5)  # Truncando o eixo y no zero
```

```
(0.0, 2.5)
```

```
plt.xlabel('x')
plt.ylabel('Densidade')

# Adicionar a legenda para f(x) e c*g(x)
plt.legend(['f(x)', 'c*g(x)'])

# Mostrar gráfico
plt.title('Amostragem por Rejeição para g uniforme')
plt.show()
```



44.1 Exemplo

Vamos demonstrar a amostragem por rejeição gerando amostras de uma distribuição alvo $f(x)$, utilizando a distribuição uniforme como distribuição proposta.

A função densidade alvo que utilizaremos é:

$$f(x) = 20x(1-x)^3 \quad \text{para} \quad 0 < x < 1$$

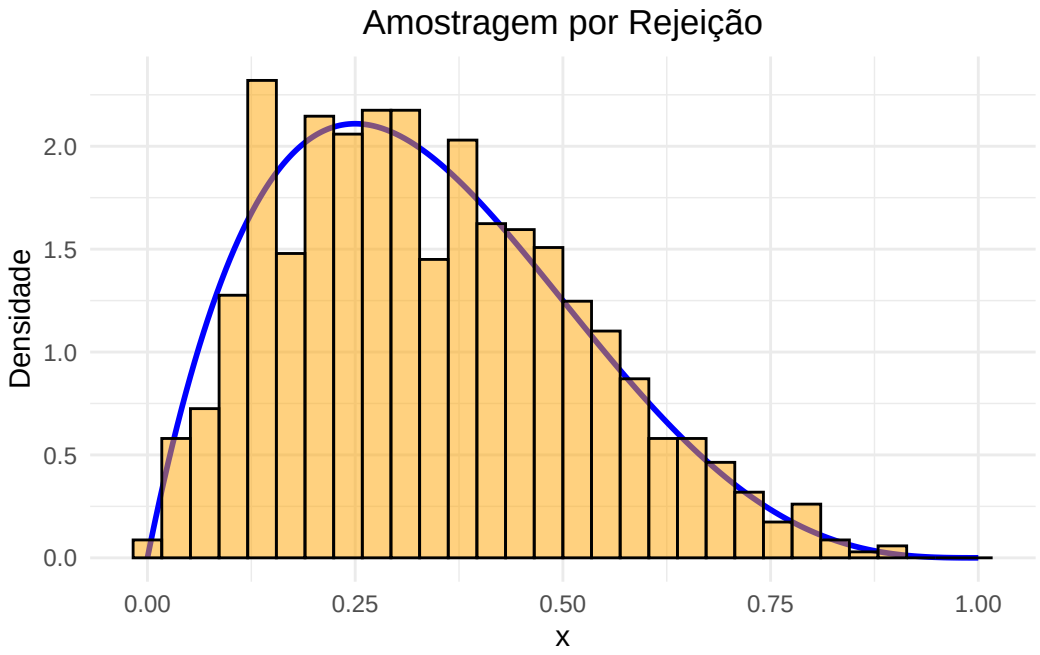
E a distribuição proposta será $g(x) = 1 \quad \text{para} \quad 0 < x < 1$, que é uma distribuição uniforme.

Implementamos o seguinte algoritmo:

45 R

```r
library(ggplot2)

# Função densidade alvo f(x)
f <- function(x) {
  20 * x * (1 - x)^3
}

# Amostragem por rejeição
amostragem_rejeicao <- function(f, c, n_amostras) {
  amostras <- numeric(0)
  while (length(amostras) < n_amostras) {
    # Gere Y ~ g(x) (uniforme entre 0 e 1)
    Y <- runif(1, 0, 1)

    # Gere U ~ Uniforme(0, 1)
    U <- runif(1, 0, 1)

    # Verifica se aceitamos Y
    if (U <= f(Y) / (c)) {
      amostras <- c(amostras, Y)
    }
  }
  return(amostras)
}

# A constante c é o limite superior de f(x)
c <- 135 / 64

# Gere 1000 amostras usando o método de aceitação e rejeição
set.seed(123)
amostras <- amostragem_rejeicao(f, c, 1000)

# Criação do data frame para o ggplot2
x_vals <- seq(0, 1, length.out = 1000)
```

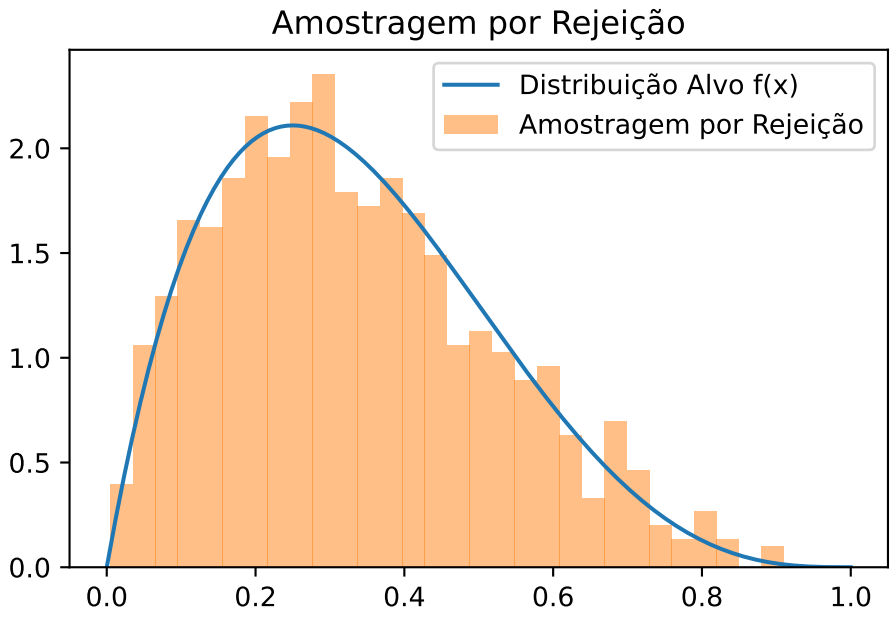
```r
f_vals <- f(x_vals)
df <- data.frame(x = x_vals, y = f_vals)

# Gráfico com ggplot2
ggplot() +
  geom_line(data = df, aes(x = x, y = y), color = 'blue', size = 1, linetype = 'solid') +
  geom_histogram(aes(x = amostras, y = ..density..), bins = 30, fill = 'orange', alpha = 0.5
  ggtitle("Amostragem por Rejeição") +
  xlab("x") +
  ylab("Densidade") +
  theme_minimal() +
  theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5))
```



46 Python

```python
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

# Função densidade alvo f(x)
def f(x):
    return 20 * x * (1 - x)**3

# Função densidade proposta g(x) (distribuição uniforme)
def g(x):
    return 1  # g(x) é uniforme no intervalo (0, 1)

# Amostragem por rejeição
def amostragem_rejeicao(f, g, c, n_amostras):
    amostras = []
    while len(amostras) < n_amostras:
        # Gere Y ~ g(x)
        Y = np.random.uniform(0, 1)

        # Gere U ~ Uniforme(0, 1)
        U = np.random.uniform(0, 1)

        # Verifica se aceitamos Y
        if U <= f(Y) / (c * g(Y)):
            amostras.append(Y)

    return np.array(amostras)

# A constante c é o limite superior de f(x)/g(x)
c = 135 / 64  # Pré-calculado

# Gere 1000 amostras usando o método de aceitação e rejeição
amostras = amostragem_rejeicao(f, g, c, 1000)

# Plotando os resultados
```

```
x = np.linspace(0, 1, 1000)
plt.plot(x, f(x), label='Distribuição Alvo f(x)')
plt.hist(amostras, bins=30, density=True, alpha=0.5, label='Amostragem por Rejeição')
plt.legend()
plt.title("Amostragem por Rejeição")
plt.show()
```



46.1 Resultados Teóricos

46.1.1 Correção do Método de Aceitação e Rejeição

Teorema:
A variável aleatória Y gerada pelo método da rejeição tem densidade $f(x)$.

Prova:

Considere a função de distribuição acumulada (CDF) de X, a variável gerada pelo método:

$$P(X \leq x) = P(Y \leq x \mid \text{aceitar } Y)$$

Podemos escrever essa probabilidade como:

$$P(X \leq x) = \frac{P(Y \leq x, U \leq \frac{f(Y)}{c \cdot g(Y)})}{P(U \leq \frac{f(Y)}{c \cdot g(Y)})}$$

Usando a probabilidade condicional, o numerador pode ser expresso como:

$$P(Y \leq x, U \leq \frac{f(Y)}{c \cdot g(Y)}) = \int_{-\infty}^{x} \int_{0}^{\frac{f(y)}{c \cdot g(y)}} g(y)\, du\, dy$$

Resolvendo a integral em u:

$$P(Y \leq x, U \leq \frac{f(Y)}{c \cdot g(Y)}) = \int_{-\infty}^{x} \frac{f(y)}{c \cdot g(y)} g(y)\, dy = \frac{1}{c} \int_{-\infty}^{x} f(y)\, dy$$

De maneira semelhante, o denominador é dado por:

$$P\left(U \leq \frac{f(Y)}{c \cdot g(Y)}\right) = \int_{-\infty}^{\infty} \frac{f(y)}{c \cdot g(y)} g(y)\, dy = \frac{1}{c} \int_{-\infty}^{\infty} f(y)\, dy$$

Como $\int_{-\infty}^{\infty} f(y)\, dy = 1$ (pois $f(x)$ é uma função densidade), o denominador resulta em $\frac{1}{c}$. Substituindo essas expressões na equação original, obtemos:

$$P(X \leq x) = \frac{\frac{1}{c} \int_{-\infty}^{x} f(y)\, dy}{\frac{1}{c}} = \int_{-\infty}^{x} f(y)\, dy$$

Portanto, a variável X gerada pelo método de aceitação e rejeição tem função de distribuição acumulada $\int_{-\infty}^{x} f(y)\, dy$, o que implica que X tem densidade $f(x)$. Assim, o método gera amostras corretamente distribuídas de acordo com $f(x)$, como desejado.

46.1.2 Eficiência computacional

Teorema:

A variável aleatória gerada pelo método de aceitação e rejeição tem função de densidade $f(x)$. O número de passos que o algoritmo necessita para gerar X tem distribuição geométrica com média c, onde c é a constante de normalização que define o limite superior da razão $\frac{f(x)}{g(x)}$.

Prova:

Seja Y a variável aleatória gerada pela distribuição proposta $g(x)$, e $U \sim \text{Unif}(0, 1)$ uma variável aleatória uniforme. O método de aceitação e rejeição aceita Y como amostra de $f(x)$ se $U \leq \frac{f(Y)}{cg(Y)}$, caso contrário, o valor é rejeitado e o processo é repetido.

A probabilidade de aceitar uma amostra Y, dado que $Y \leq x$, é dada por:

$$P(Y \leq x \text{ e aceitar}) = P\left(Y \leq x, U \leq \frac{f(Y)}{cg(Y)}\right)$$

Podemos reescrever essa probabilidade como uma integral:

$$P(Y \leq x \text{ e aceitar}) = \int_{-\infty}^{x} \int_{0}^{\frac{f(y)}{cg(y)}} g(y)\, du\, dy$$

Resolvendo a integral em u, temos:

$$P(Y \leq x \text{ e aceitar}) = \int_{-\infty}^{x} \frac{f(y)}{cg(y)} g(y)\, dy = \frac{1}{c} \int_{-\infty}^{x} f(y)\, dy$$

A probabilidade de aceitar qualquer valor Y é dada por:

$$P(\text{aceitar}) = P\left(U \leq \frac{f(Y)}{cg(Y)}\right) = \int_{-\infty}^{\infty} \int_{0}^{\frac{f(y)}{cg(y)}} g(y)\, du\, dy$$

Simplificando:

$$P(\text{aceitar}) = \int_{-\infty}^{\infty} \frac{f(y)}{cg(y)} g(y)\, dy = \frac{1}{c} \int_{-\infty}^{\infty} f(y)\, dy = \frac{1}{c}$$

Assim, a cada passo, a probabilidade de aceitar um valor é $\frac{1}{c}$, o que implica que o número de passos necessários para aceitar uma amostra tem distribuição geométrica com média c.

Por fim, sabemos que a função de distribuição acumulada da variável X, dado que ela foi aceita, é:

$$P(X \leq x) = P(Y \leq x \mid \text{aceitou}) = \frac{P(Y \leq x, \text{aceitou})}{P(\text{aceitar})}$$

Substituindo as expressões:

$$P(X \leq x) = \frac{\frac{1}{c} \int_{-\infty}^{x} f(y)\, dy}{\frac{1}{c}} = \int_{-\infty}^{x} f(y)\, dy$$

Portanto, a variável X gerada pelo método de aceitação e rejeição tem função de densidade $f(x)$, como desejado.

46.2 Exercícios

Exercício 1. Seja $X \sim Gama(3/2, 1)$ com função densidade dada por

$$f(x) = \frac{1}{\Gamma(3/2)} x^{1/2} e^{-x}, \text{ para } x > 0.$$

a) Escreva um pseudo-algoritmo para simular um valor da distribuição de X usando o método da aceitação e rejeição usando como distribuição proposta a distribuição exponencial de parâmetro 2/3.

Observação: Note que $\mathbb{E}[X] = 3/2$ e $\mathbb{E}[Y] = 3/2$, por isso o parâmetro da distribuição exponencial proposta foi tomado como 2/3.

b) Crie uma função para gerar um valor de X.

c) Qual foi o número de passos necessários para gerar um valor de X? Compare com o valor real.

d) Crie uma função para gerar uma amostra de tamanho n de X.

e) Qual foi o número médio de passos necessários para gerar a amostra de tamanho n?

f) Compare a distribuição empírica dos valores simulados com a distribuição real de X.

47 Transformação e Misturas

Utilizar variáveis aleatórias que já sabemos simular para gerar valores de outra variável aleatória com uma distribuição de probabilidade específica.

47.1 Transformação de V.A.

- Queremos simular valores da variável aleatória X
- Sabemos simular valores da variável aleatória Y
- **Ideia**: Se existe uma função $g : \mathbb{R} \to \mathbb{R}$ tal que $X = g(Y)$, então para simular um valor de X basta fazer:

  1. Simular Y
  2. Fazer $X = g(Y)$

47.1.1 Exemplo 1: Transformação para Distribuição de Weibull

Seja X uma variável aleatória com distribuição de Weibull com parâmetro de forma $k > 0$ e parâmetro de escala $\lambda > 0$ dada por

$$f_X(x) = \frac{k}{\lambda^k} x^{k-1} e^{-(x/\lambda)^k}, \quad x > 0.$$

Queremos simular valores dessa distribuição. Para isso, utilizaremos o seguinte resultado: se $Y \sim \text{Exp}(1/\lambda^k)$, então $X = Y^{1/k} \sim \text{Weibull}(\lambda, k)$.

De fato, temos que

$$f_Y(y) = \frac{1}{\lambda^k} e^{-y/\lambda^k}, \quad y > 0.$$

Para $x > 0$,

$$P(X \leq x) = P(Y^{1/k} \leq x) = P(Y \leq x^k) = F_Y(x^k)$$

e

$$f_X(x) = \frac{dF_Y(x^k)}{dx} = kx^{k-1} f_Y(x^k)$$

$$= kx^{k-1} \frac{1}{\lambda^k} e^{-x^k/\lambda^k}$$

$$= \frac{k}{\lambda^k} x^{k-1} e^{-(x/\lambda)^k}.$$

Pseudo-Algoritmo para Transformação de Weibull

1. Gere $U_1 \sim \text{Unif}(0, 1)$
2. Faça $Y = -\lambda^k \log U_1$
3. Faça $X = Y^{1/k}$

47.2 Misturas

- Queremos simular valores da variável aleatória X
- Suponha que sabemos simular valores da variável aleatória Y e de $X|Y$ e suponha que:

$$f_X(x) = \int_{-\infty}^{\infty} f_{X|Y}(x|y) f_Y(y) dy \quad \text{(caso contínuo)}$$
$$f_X(x) = \sum_y p_{X|Y}(x|y) p_Y(y) \quad \text{(caso discreto)}$$

- Dizemos que f_X é uma **distribuição de mistura**

Ideia: Para simular um valor de X, fazemos: 1. Simular y de f_Y 2. Simular X de $f_{X|Y=y}$

47.2.1 Exemplo 2: de Misturas para t-student

Seja $X \sim t_k$. Queremos simular um valor de X.

Podemos escrever a densidade de X fazendo $X|Y = y \sim N(0, k/y)$ e $Y \sim \chi^2_k$. Vamos verificar essa afirmação. Temos que

$$f_{X|Y=y}(x|y) = \frac{1}{\sqrt{k/y}\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{y}{2k}x^2}$$

e

$$f_Y(y) = \frac{1}{2^{k/2}\Gamma(k/2)} y^{k/2-1} e^{-y/2}.$$

Logo,

$$f_X(x) = \int_{-\infty}^{\infty} f_{X|Y}(x|y) f_Y(y) dy$$

$$= \int_{-\infty}^{\infty} \frac{1}{\sqrt{k/y}\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{y}{2k}x^2} \frac{1}{2^{k/2}\Gamma(k/2)} y^{k/2-1} e^{-y/2} dy$$

$$= \frac{1}{\sqrt{k}\sqrt{2\pi}} \frac{1}{2^{k/2}\Gamma(k/2)} \int_{-\infty}^{\infty} y^{k/2+1/2-1} e^{-y(x^2/2k+1/2)} dy$$

$$= \frac{1}{\sqrt{k}\sqrt{2\pi}} \frac{1}{2^{k/2}\Gamma(k/2)} \frac{\Gamma(k/2+1/2)}{(x^2/2k+1/2)^{(k+1)/2}}$$

$$= \frac{\Gamma(k/2+1/2)}{\Gamma(k/2)} \frac{1}{\sqrt{k\pi}} \frac{1}{(x^2/k+1)^{(k+1)/2}}.$$

Então, $X \sim t_k$.

Pseudo-Algoritmo para Misturas:

1. Gere y de χ^2_k
2. Gere X da $N(0, k/y)$

47.3 Exercícios

1. Simular uma amostra de tamanho 1000 de Weibull usando o pseudo-algoritmo do Exemplo 1.

    - Compare os valores simulados com a densidade da Weibull usando uma amostra gerada pelo Python ou R.

2. Simular uma amostra de tamanho 1000 de um t-student usando o pseudo-algoritmo do Exemplo 2.

    - Compare os valores simulados com a densidade da t-Student usando uma amostra gerada pelo Python ou R.

48 Método de Box-Muller

49 R

50 Python

50.1 Exercícios

Exercício 1.

51 Método de Monte Carlo

Os **Métodos de Monte Carlo** (MMC) são uma técnica poderosa que utiliza a simulação de valores aleatórios para calcular aproximações de valores esperados e integrais que não podem ser resolvidos analiticamente. Neste contexto, aprendemos a utilizar variáveis aleatórias simuladas para realizar o cálculo aproximado de integrais.

Seja X uma v.a. discreta com função de probabilidade $p(x)$ ou uma v.a. contínua com função densidade $f(x)$. O Método de Monte Carlo propõe um estimador para

$$\theta = \mathbb{E}[g(X)] = \begin{cases} \int_{-\infty}^{\infty} g(x)f(x)\,dx & \text{se } X \text{ é contínua} \\ \sum_x g(x)p(x) & \text{se } X \text{ é discreta} \end{cases}$$

Especificamente, ele funciona da seguinte forma. Seja $X_1, \ldots, X_n$ uma sequência de variáveis aleatórias i.i.d. com a mesma distribuição que X. Então:

$$\hat{\theta}_n = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} g(X_i)$$

é o estimador de Monte Carlo para θ.

Pseudo-Algoritmo para aproximar θ:

1. Gere $X_1, \ldots, X_n$ valores independentes da v.a. X.
2. Calcule:
$$\hat{\theta}_n = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} g(X_i)$$

Porque Funciona?

O método de Monte Carlo funciona devido à Lei Forte dos Grandes Números, que garante que a média amostral convergirá quase certamente para a esperança verdadeira conforme o número de amostras tende ao infinito:

$$\hat{\theta}_n = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} g(X_i) \longrightarrow \theta \text{ (quase certamente)}$$

Assim, quando n cresce, a estimativa de Monte Carlo converge para o verdadeiro valor de θ.

Importante: Frenquentemente n é denotado por B na literatura de Monte Carlo, de forma a não haver confusão com o tamanho de amostras não geradas no computador.

51.1 Exemplo 1: Estimativa de uma Integral

Queremos obter uma estimativa para

$$\theta = \int_0^1 e^{-x} dx$$

Para isso, basta observar que se $U \sim Unif(0,1)$, então $\theta = \mathbb{E}[e^{-U}]$. De fato, se $U \in Unif(0,1)$,

$$\theta = \int_0^1 e^{-x} dx = \int_0^1 e^{-u} f(u) du.$$

Assim, o estimador desta integral via MMC pode ser obtido da seguinte forma:

52 R

```r
n <- 100
u <- runif(n, min = 0, max = 1)

# Estimativa de theta usando Monte Carlo
theta_hat <- mean(exp(-u))
cat("Estimativa de theta_hat:", theta_hat, "\n")
```

```
Estimativa de theta_hat: 0.6546683
```

```r
# Valor real da integral
valor_real <- 1 - exp(-1)
cat("Valor real:", valor_real, "\n")
```

```
Valor real: 0.6321206
```

53 Python

```python
import numpy as np

# Número de amostras
n = 100

# Geração de amostras uniformes
u = np.random.uniform(0, 1, n)

# Estimativa de theta usando Monte Carlo
theta_hat = np.mean(np.exp(-u))
print("Estimativa de theta_hat:", theta_hat)
```

```
Estimativa de theta_hat: 0.6381734838511222
```

```python
# Valor real da integral
valor_real = 1 - np.exp(-1)
print("Valor real:", valor_real)
```

```
Valor real: 0.6321205588285577
```

Vamos verificar como o valor de n influencia na aproximação:

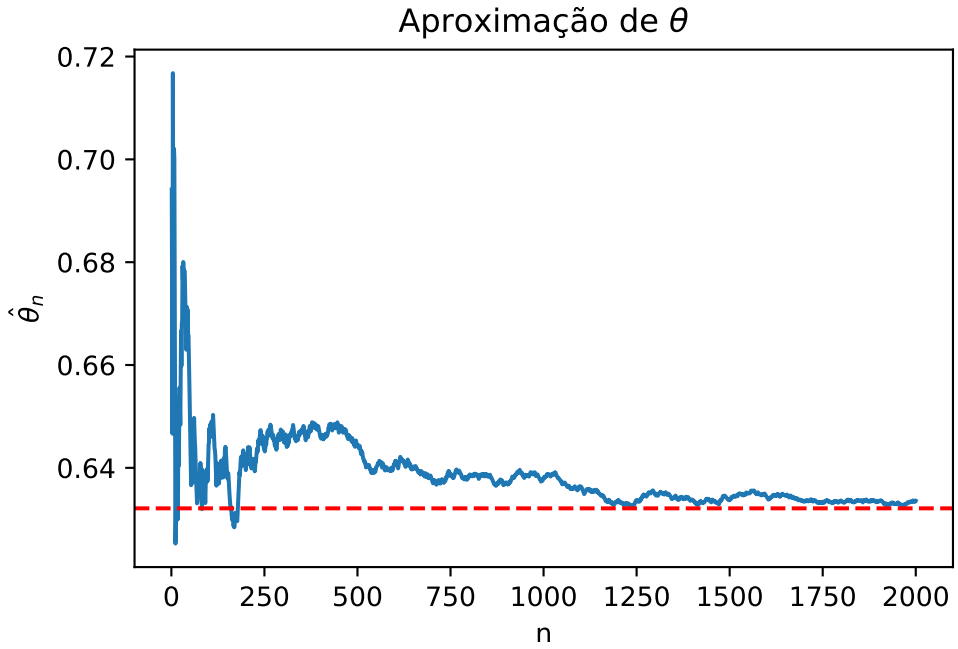
54 R

```r
library(ggplot2)

set.seed(58)
N <- 1:2000
theta_hat <- numeric(length(N))
u <- numeric(length(N))  # Pré-alocação do vetor

# Preenchendo o vetor u e calculando theta_hat
for (i in seq_along(N)) {
  u[i] <- runif(1)
  theta_hat[i] <- mean(exp(-u[1:i]))
}

# Criando o dataframe para o ggplot
df <- data.frame(N = N, theta_hat = theta_hat)

# Plotar o gráfico usando ggplot2
ggplot(df, aes(x = N, y = theta_hat)) +
  geom_line(color = "blue") +
  geom_hline(yintercept = 1 - exp(-1), color = "red", linetype = "dashed") +
  labs(x = "n", y = expression(hat(theta)[n]), title = expression(Aproximação~de~theta)) +
  theme_minimal()
```


Aproximação de θ
0.80
0.75
0.70
0.65
0.60
$\hat{\theta}_n$
0
500
1000
1500
2000
n

55 Python

```python
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

np.random.seed(58)
N = np.arange(1, 2001, 1)
theta_hat = np.zeros(len(N))
u = np.array([])

for i in range(len(N)):
    u = np.append(u, np.random.uniform(0, 1))
    theta_hat[i] = np.mean(np.exp(-u))

plt.plot(N, theta_hat)
plt.axhline(y=1 - np.exp(-1), color='red', linestyle='--')
plt.xlabel('n')
plt.ylabel(r'$\hat{\theta}_n$')
plt.title(r'Aproximação de $\theta$')
plt.show()
```



Esse gráfico mostra a evolução da estimativa à medida que o número de variáveis aleatórias n aumenta, comparando com o valor real da integral.

55.1 Exemplo 2: Aproximando uma Probabilidade

Seja $X \sim Gama(2, 3)$. Queremos aproximar o valor de $\mathbb{P}(X \geq 0.4)$ usando o método de Monte Carlo. Note que

$$\theta := \mathbb{P}(X \geq 0.4) = \int g(x)f(x)dx,$$

em que $g(x) = I(x \geq 0.4)$ e $f(x)$ é a densidade da Gama(2,3). Assim, podemos aproximar a probabilidade gerada via MC.

Neste caso, o algoritmo corresponde a gerar $X_i \sim Gama(2, 3)$, defir e definir uma variável indicadora Y_i que vale 1 quando $X_i \geq 0.4$ e 0 caso contrário. A estimativa de Monte Carlo é dada pela média dos Y_i's:

56 R

```r
set.seed(58)
library(ggplot2)

# Número de amostras
N <- 50000

# Geração de amostras da distribuição Gamma
x <- rgamma(N, shape = 2, rate = 3)  # Usando rate = 1/scale

# Cálculo de P(X >= 0.4)
y <- as.integer(x >= 0.4)

# Estimativa via Monte Carlo
valor_aproximado <- mean(y)
cat("Valor aproximado via Monte Carlo:", valor_aproximado, "\n")
```

```
Valor aproximado via Monte Carlo: 0.66282
```

```r
# Valor real usando a função de distribuição acumulada (CDF)
valor_real <- 1 - pgamma(0.4, shape = 2, rate = 3)
cat("Valor real (CDF):", valor_real, "\n")
```

```
Valor real (CDF): 0.6626273
```

57 Python

```python
import numpy as np
from scipy.stats import gamma

# Número de amostras
N = 50000

# Geração de amostras da distribuição Gamma
x = gamma.rvs(2, scale=1/3, size=N)

# Cálculo de P(X >= 0.4)
y = (x >= 0.4).astype(int)

# Estimativa via Monte Carlo
valor_aproximado = np.mean(y)
print("Valor aproximado via Monte Carlo:", valor_aproximado)
```

```
Valor aproximado via Monte Carlo: 0.66098
```

```python
# Valor real usando a função de distribuição acumulada (CDF)
valor_real = 1 - gamma.cdf(0.4, 2, scale=1/3)
print("Valor real (CDF):", valor_real)
```

```
Valor real (CDF): 0.6626272662068446
```

57.1 Exemplo 3: Aproximando o valor de π

Neste exemplo, queremos aproximar o valor de π utilizando o método de Monte Carlo. A ideia é gerar pontos aleatórios em um quadrado e contar quantos caem dentro de um círculo inscrito no quadrado. Vamos seguir o raciocínio a partir da geometria básica.

57.1.0.1 Geometria

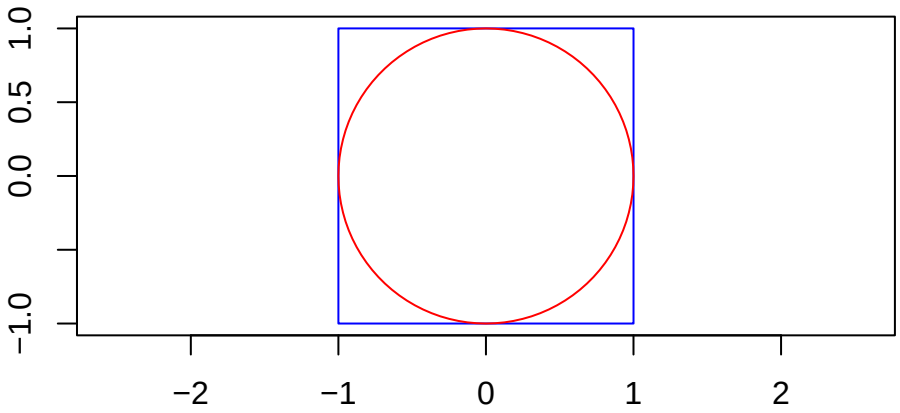
- Considere um quadrado com lado 2 centrado na origem, ou seja, o quadrado vai de $(-1, -1)$ até $(1, 1)$.
- Dentro deste quadrado, inscreva um círculo de raio 1, também centrado na origem.
- A área do quadrado é 4 (já que $2 \times 2 = 4$) e a área do círculo é $\pi \cdot r^2 = \pi \cdot 1^2 = \pi$.

A razão entre a área do círculo e a área do quadrado é dada por:

$$\frac{\text{Área do círculo}}{\text{Área do quadrado}} = \frac{\pi}{4}$$

58 R

```
require(plotrix)
require(grid)

plot(c(-1, 1), c(-1,1), type = "n", asp=1,xlab="",yla="")
rect( -1, -1, 1, 1,border="blue")
draw.circle( 0, 0, 1 ,border="red")
```



59 Python

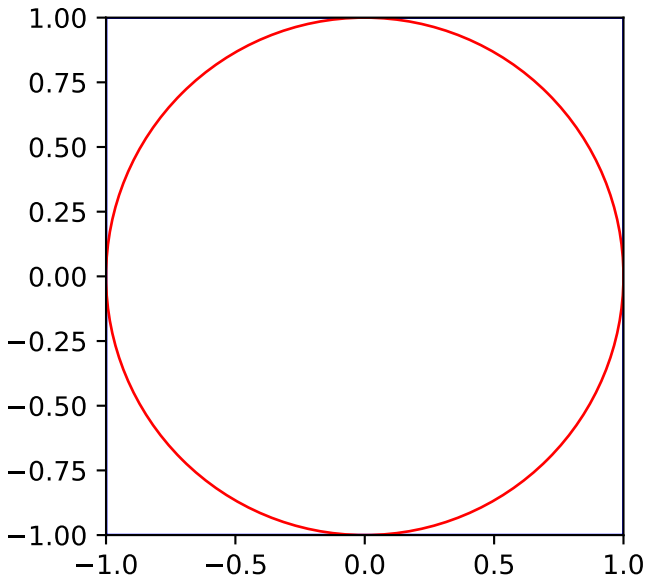
```
import matplotlib.pyplot as plt
from matplotlib.patches import Rectangle, Circle

# Configura o gráfico
fig, ax = plt.subplots()
ax.set_aspect('equal')  # Define o aspecto como 1:1 (quadrado)
ax.set_xlim(-1, 1)
```

```
(-1.0, 1.0)
```

```
ax.set_ylim(-1, 1)
```

```
(-1.0, 1.0)
```

```
ax.set_xlabel('')
ax.set_ylabel('')

# Desenha o retângulo
rect = Rectangle((-1, -1), 2, 2, edgecolor='blue', facecolor='none')
ax.add_patch(rect)

# Desenha o círculo
circle = Circle((0, 0), 1, edgecolor='red', facecolor='none')
ax.add_patch(circle)

# Mostra o gráfico
plt.show()
```



Para estimar π usando Monte Carlo, procedemos da seguinte forma:

1. Geramos pontos aleatórios (x, y) no quadrado $[-1, 1] \times [-1, 1]$.
2. Verificamos se cada ponto está dentro do círculo, o que ocorre se $x^2 + y^2 \leq 1$.
3. A fração de pontos que caem dentro do círculo aproxima a razão $\frac{\pi}{4}$.
4. Multiplicamos essa fração por 4 para obter uma estimativa de π.

59.0.0.1 Matemática do Estimador

Formalmente, se $(X, Y) \sim Unif(-1, 1) \times Unif(-1, 1)$ e $g(x, y) = I((\text{x,y}) \text{ está no círculo})$, temos que

$$\theta := \int g(x, y) f(x, y) dxy = \frac{\text{Área do círculo}}{\text{Área do quadrado}} = \frac{\pi}{4}$$

Assim, se (X_i, Y_i) é um ponto gerado uniformemente dentro do quadrado, o estimador de Monte Carlo para $\frac{\pi}{4}$ é dado por:

$$\hat{\theta}_n = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} g(x_i, y_i) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} z_i,$$

em que $z_i = 1$ se o ponto i está dentro do círculo (i.e., se $x_i^2 + y_i^2 \leq 1$) e $z_i = 0$ caso contrário.

Multiplicando por 4, obtemos a estimativa de π:

$$\hat{\pi}_n = 4 \cdot \hat{\theta}_n = 4 \cdot \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} z_i$$

De acordo com a **Lei Forte dos Grandes Números**, sabemos que:

$$\hat{\pi}_n \longrightarrow \pi \quad \text{(quase certamente, quando } n \to \infty\text{)}.$$

Ou seja, à medida que o número de pontos simulados n aumenta, a estimativa $\hat{\pi}_n$ convergirá para o valor verdadeiro de π.

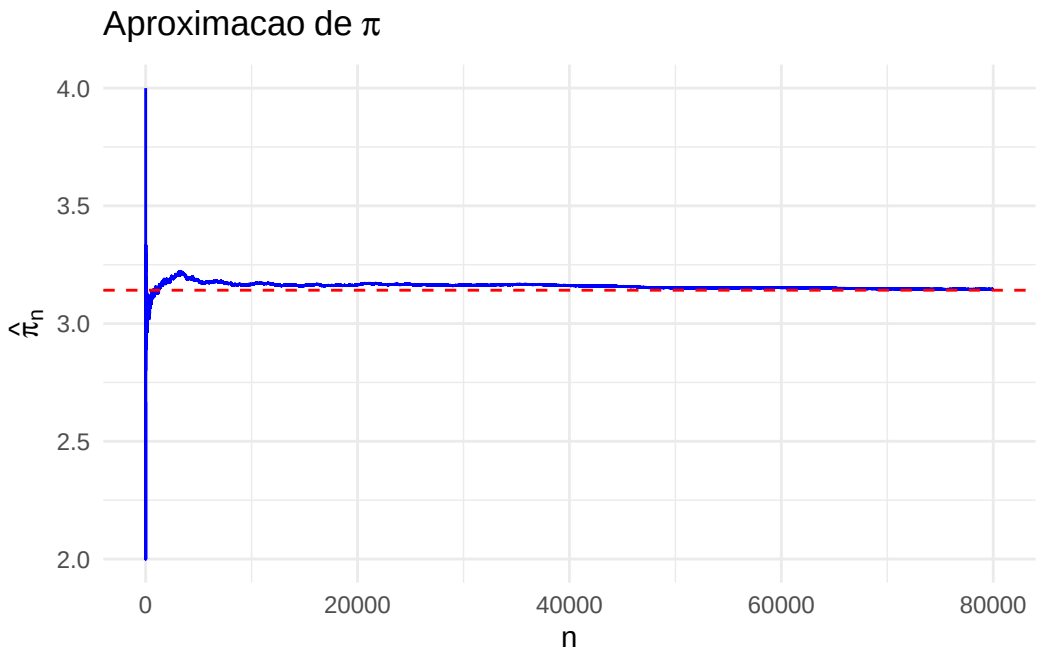
Implementação

Os trechos de código fornecidos em R e Python simulam esse processo, gerando n pontos e calculando a aproximação de π com base nos pontos que caem dentro do círculo. Além disso, são gerados gráficos que mostram como a estimativa de π melhora conforme o número de simulações aumenta, evidenciando a convergência mencionada.

Agora que todos os detalhes matemáticos do exemplo estão claros, o código para simulação pode ser executado para observar a aproximação prática de π.

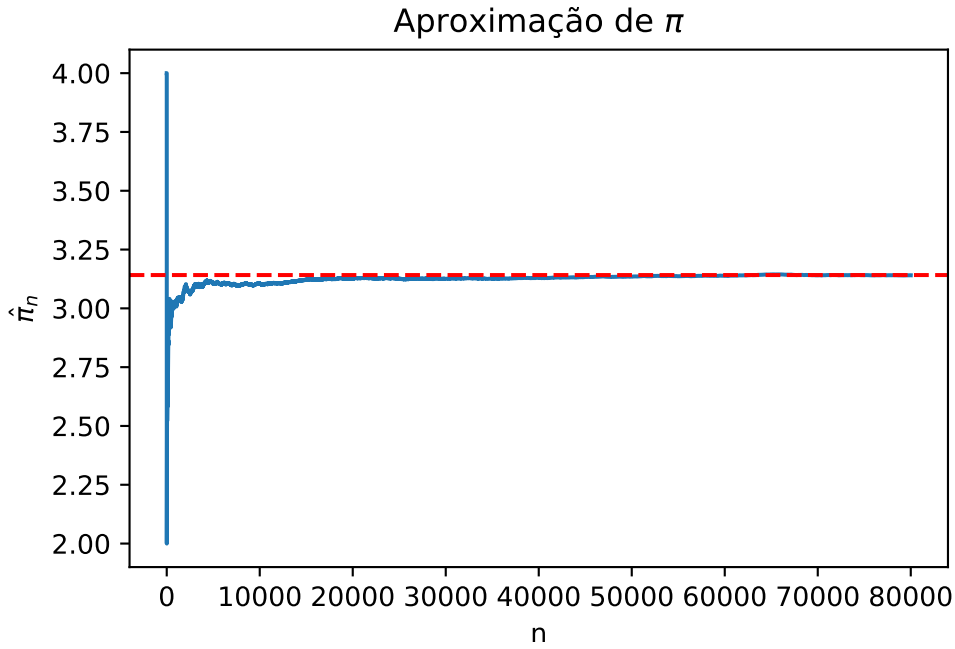
60 R

```r
set.seed(459)
library(ggplot2)

N <- 1:80000
z <- numeric(length(N))

# Loop para gerar os pontos e verificar se estão dentro do círculo
for (i in seq_along(N)) {
  x <- 2 * runif(1) - 1
  y <- 2 * runif(1) - 1
  z[i] <- (x^2 + y^2 <= 1)
}

# Cálculo da estimativa de pi
theta_hat <- cumsum(z) / N
pi_hat <- theta_hat * 4

# Criando o dataframe para o ggplot
df <- data.frame(N = N, pi_hat = pi_hat)

# Plotar o gráfico usando ggplot2
ggplot(df, aes(x = N, y = pi_hat)) +
  geom_line(color = "blue") +
  geom_hline(yintercept = pi, color = "red", linetype = "dashed") +
  labs(x = "n", y = expression(hat(pi)[n]), title = expression(Aproximacao~de~pi)) +
  theme_minimal()
```


Aproximacao de π
4.0
3.5
3.0
2.5
2.0
$\hat{\pi}_n$
0
20000
40000
60000
80000
n

61 Python

```python
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

np.random.seed(459)
N = np.arange(1, 80001, 1)
z = np.zeros(len(N))

for i in range(len(N)):
    x = 2 * np.random.uniform(0, 1) - 1
    y = 2 * np.random.uniform(0, 1) - 1
    z[i] = (x**2 + y**2 <= 1)

theta_hat = np.cumsum(z) / N
pi_hat = theta_hat * 4

plt.plot(N, pi_hat)
plt.axhline(y=np.pi, color='red', linestyle='--')
plt.xlabel('n')
plt.ylabel(r'$\hat{\pi}_n$')
plt.title(r'Aproximação de $\pi$')
plt.show()
```



Esse gráfico mostra como a estimativa de π melhora conforme o número de pontos simulados n aumenta.

61.1 Intervalos de Confiança para Estimativas de Monte Carlo

O Método de Monte Carlo possibilita quantificar a incerteza em nossas estimativas. Para isso, podemos utilizar **intervalos de confiança**.

Suponha que temos uma sequência de amostras $X_1, X_2, \ldots, X_n$ de uma variável aleatória X, e calculamos a média amostral $\hat{\theta}_n = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} g(X_i)$. Pelo **Teorema Central do Limite**, sabemos que, para n suficientemente grande, a média amostral $\hat{\theta}_n$ é aproximadamente normalmente distribuída:

$$\hat{\theta}_n \sim N\left(\theta, \frac{\sigma^2}{n}\right)$$

onde $\sigma^2 = \text{Var}[g(X)]$ é a variância de $g(X)$. Essa aproximação permite a construção de um intervalo de confiança para θ.

O intervalo de confiança aproximado para θ com nível de confiança $(1-\alpha)\times 100\%$ é dado por:

$$\hat{\theta}_n \pm z_{\alpha/2} \frac{\hat{\sigma}}{\sqrt{n}}$$

onde $z_{\alpha/2}$ é o quantil da distribuição normal padrão associado à probabilidade $\alpha/2$ e $\hat{\sigma}$ é a estimativa da variância de $g(X)$, obtida a partir das amostras.

Pseudo-Algoritmo para construir um intervalo de confiança:

1. Gere $X_1, \ldots, X_n$ amostras i.i.d. da v.a. X.
2. Calcule $\hat{\theta}_n = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} g(X_i)$.
3. Estime a variância de $g(X)$ como:

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} (g(X_i) - \hat{\theta}_n)^2$$

4. Calcule o intervalo de confiança:

$$\hat{\theta}_n \pm z_{\alpha/2} \frac{\hat{\sigma}}{\sqrt{n}}$$

61.1.1 Exemplo: Intervalo de Confiança para a Estimativa de π

Neste exemplo, construímos um intervalo de confiança para a estimativa de π usando o método de Monte Carlo, seguindo os passos acima.

62 R

```r
set.seed(0)
N <- 10000  # número de amostras
z <- numeric(N)

# Loop para gerar os pontos e verificar se estão dentro do círculo
for (i in 1:N) {
  x <- 2 * runif(1) - 1
  y <- 2 * runif(1) - 1
  z[i] <- (x^2 + y^2 <= 1)
}

# Estimativa de pi
theta_hat <- mean(z)
pi_hat <- theta_hat * 4
cat("Estimativa de pi:", pi_hat, "\n")
```

```
Estimativa de pi: 3.1308
```

```r
# Cálculo da variância e intervalo de confiança
sigma_hat <- sqrt(var(z) / N)
alpha <- 0.05  # Nível de significância
z_alpha2 <- qnorm(1 - alpha / 2)

# Intervalo de confiança
IC <- c(theta_hat - z_alpha2 * sigma_hat, theta_hat + z_alpha2 * sigma_hat) * 4
cat("Intervalo de confiança para pi:", IC, "\n")
```

```
Intervalo de confiança para pi: 3.098466 3.163134
```

63 Python

```python
import numpy as np
from scipy.stats import norm

# Semente para reprodução
np.random.seed(0)
N = 10000  # número de amostras
z = np.zeros(N)

# Loop para gerar os pontos e verificar se estão dentro do círculo
for i in range(N):
    x = 2 * np.random.uniform(0, 1) - 1
    y = 2 * np.random.uniform(0, 1) - 1
    z[i] = (x**2 + y**2 <= 1)

# Estimativa de pi
theta_hat = np.mean(z)
pi_hat = theta_hat * 4
print("Estimativa de pi:", pi_hat)
```

```
Estimativa de pi: 3.1228
```

```python
# Cálculo da variância e intervalo de confiança
sigma_hat = np.sqrt(np.var(z) / N)
alpha = 0.05  # Nível de significância
z_alpha2 = norm.ppf(1 - alpha / 2)

# Intervalo de confiança
IC = (theta_hat - z_alpha2 * sigma_hat, theta_hat + z_alpha2 * sigma_hat)
IC = [i * 4 for i in IC]

print("Intervalo de confiança para pi:", IC)
```

```
Intervalo de confiança para pi: [np.float64(3.090360848359833), np.float64(3.155239151640166
```

Neste caso, o intervalo de confiança construído em torno da estimativa $\hat{\pi}_n$ oferece uma ideia de quão próxima nossa estimativa está do valor verdadeiro de π, com uma certa confiança.

63.1 Exemplo 4: Problema das Figurinhas

Um colecionador está juntando figurinhas para completar um álbum da Copa. Qual é a probabilidade de que, ao comprar n pacotes, pelo menos um deles contenha duas ou mais figurinhas iguais? Durante o curso de probabilidade, você aprenderá como calcular essa probabilidade. Outra abordagem possível é o uso do método de Monte Carlo. Nesse caso, simulamos a compra de n pacotes, cada um com 5 figurinhas, de um total de 640 figurinhas disponíveis no álbum. Repetimos essa simulação $B = 1000$ vezes e contamos quantas vezes ocorreu pelo menos uma repetição de figurinhas em algum dos pacotes. A proporção de simulações com repetições é a estimativa de Monte Carlo da probabilidade que estamos interessados em calcular.

64 R

```
nFigurinhas <- 640
B <- 1000
nPacotes <- 1:50
aoMenosUmaRepetidaNoMesmoPacote <- matrix(NA, length(nPacotes), B)
for(ii in 1:length(nPacotes)) {
  for(jj in 1:B) {
    figurinhas <- sample(1:nFigurinhas, nPacotes[ii] * 5, replace = TRUE)
    figurinhas <- matrix(figurinhas, nPacotes[ii], 5)
    aoMenosUmaRepetidaNoMesmoPacote[ii,jj] <- sum(apply(figurinhas, 1, function(xx) length(u
  }
}

probCoincidencia <- apply(aoMenosUmaRepetidaNoMesmoPacote, 1, mean)
```

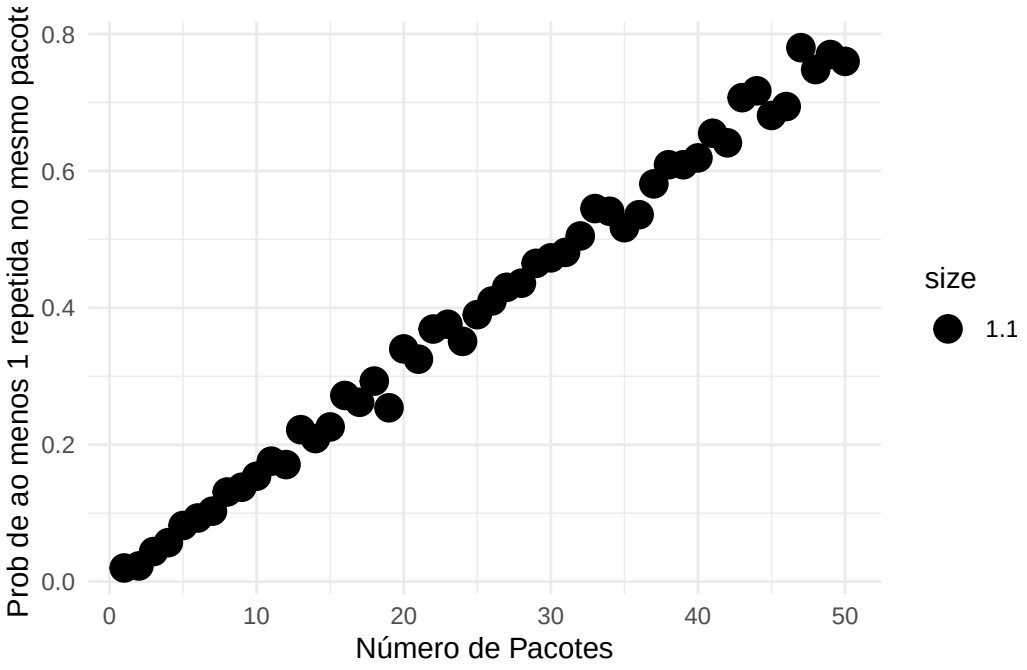
65 Python

```
import numpy as np
import random

nFigurinhas = 640
B = 1000
nPacotes = np.arange(1, 51)  # Intervalo de 1 a 50 (Python é exclusivo no final)
aoMenosUmaRepetidaNoMesmoPacote = np.empty((len(nPacotes), B))

for ii in range(len(nPacotes)):
    for jj in range(B):
        figurinhas = [random.choices(range(1, nFigurinhas + 1), k=5) for _ in range(nPacotes
        figurinhas = np.array(figurinhas)
        aoMenosUmaRepetidaNoMesmoPacote[ii, jj] = np.sum([len(set(pacote)) != len(pacote) fo

probCoincidencia = np.mean(aoMenosUmaRepetidaNoMesmoPacote, axis=1)
```

Agora podemos visualizar os resultados obtidos por meio do gráfico a seguir:

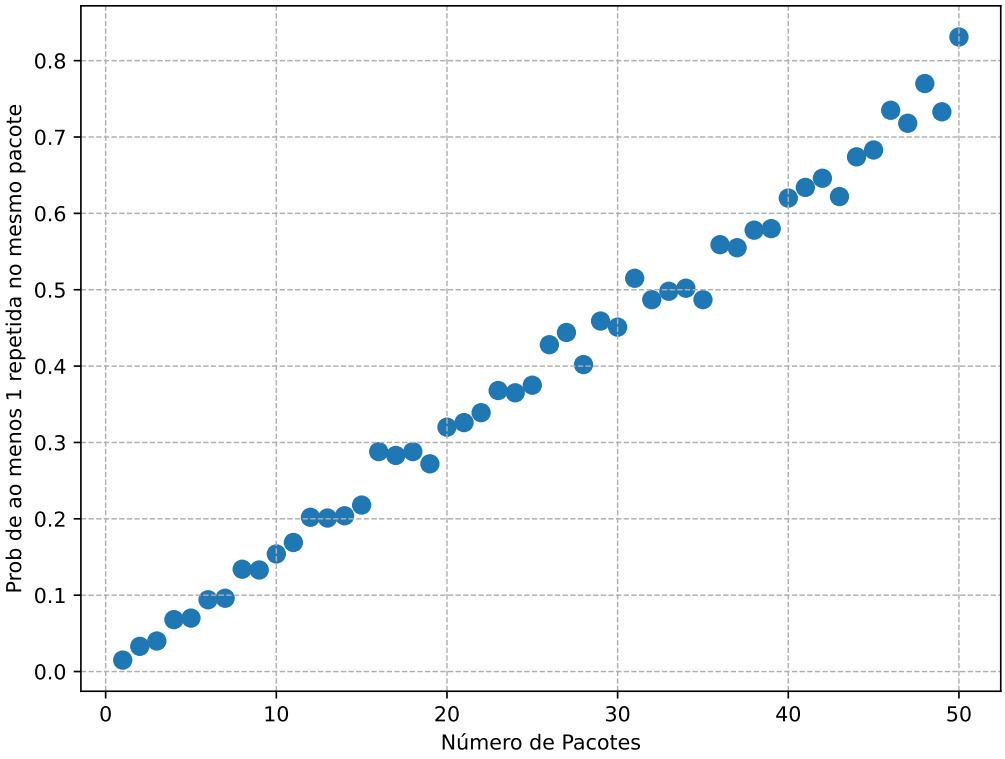
66 R

```
dados <- data.frame(probCoincidencia = probCoincidencia, nPacotes = nPacotes)

library(ggplot2)
ggplot(dados, aes(x = nPacotes, y = probCoincidencia)) +
  geom_point(aes(size = 1.1)) +
  xlab("Número de Pacotes") +
  ylab("Prob de ao menos 1 repetida no mesmo pacote") +
  theme(legend.position = "none")+
  theme_minimal()
```



67 Python

```python
import pandas as pd
import matplotlib.pyplot as plt

# Criação do DataFrame
dados = pd.DataFrame({'nPacotes': nPacotes, 'probCoincidencia': probCoincidencia})

# Criação do gráfico
plt.figure(figsize=(8, 6))
plt.scatter(dados['nPacotes'], dados['probCoincidencia'], s=70)  # 's' ajusta o tamanho dos p
plt.xlabel('Número de Pacotes')
plt.ylabel('Prob de ao menos 1 repetida no mesmo pacote')
plt.grid(True, which='both', linestyle='--', linewidth=0.7)
plt.gca().set_facecolor('white')  # Para seguir o tema minimalista
plt.show()
```



Simulação para completar o álbum

Uma segunda pergunta que também podemos responder via simulação é: quantos pacotes necessitamos em média para completar o álbum? A solução estimada pode ser obtida com o código abaixo:

68 R

```r
numeroPacotes <- rep(NA, B)
for(jj in 1:B) {
  albumCompleto <- FALSE
  nPacotes <- 0
  figurinhas <- NULL
  while(!albumCompleto) {
    figurinhas <- c(figurinhas, sample(1:nFigurinhas, 5, replace = TRUE))
    if(length(unique(figurinhas)) == nFigurinhas) {
      albumCompleto <- TRUE
    }
    nPacotes <- nPacotes + 1
  }
  numeroPacotes[jj] <- nPacotes
}
```

69 Python

```python
import numpy as np
import random

nFigurinhas = 640
B = 1000
numeroPacotes = np.empty(B)

for jj in range(B):
    albumCompleto = False
    nPacotes = 0
    figurinhas = []

    while not albumCompleto:
        figurinhas.extend(random.choices(range(1, nFigurinhas + 1), k=5))
        if len(set(figurinhas)) == nFigurinhas:
            albumCompleto = True
        nPacotes += 1

    numeroPacotes[jj] = nPacotes
```

O número médio de pacotes necessários para completar o álbum é:

70 R

```
mean(numeroPacotes)
```

```
[1] 901.629
```

71 Python

```
mean_numeroPacotes = np.mean(numeroPacotes)
mean_numeroPacotes
```

```
np.float64(896.894)
```

Com essa simulação, também podemos estimar as seguintes probabilidades:

72 R

```r
cat("Probabilidade de precisar de mais de 800 pacotes: ", mean(numeroPacotes > 800) * 100, "%
```

```
Probabilidade de precisar de mais de 800 pacotes: 69.3%
```

```r
cat("Probabilidade de precisar de mais de 1000 pacotes: ", mean(numeroPacotes > 1000) * 100,
```

```
Probabilidade de precisar de mais de 1000 pacotes: 23.2%
```

73 Python

```
prob_mais_800 = np.mean(numeroPacotes > 800) * 100
prob_mais_1000 = np.mean(numeroPacotes > 1000) * 100

print(f"Probabilidade de precisar de mais de 800 pacotes: {prob_mais_800}%")
```

```
Probabilidade de precisar de mais de 800 pacotes: 69.1%
```

```
print(f"Probabilidade de precisar de mais de 1000 pacotes: {prob_mais_1000}%")
```

```
Probabilidade de precisar de mais de 1000 pacotes: 22.6%
```

73.1 Exercícios

Exercício 1.

Utilize o método de Monte Carlo para aproximar a integral

$$I = \int_0^{10} \sin(x^2)\, dx$$

Forneça um intervalo de confiança para avaliar a precisão da estimativa.

Exercício 1.

Utilize o método de Monte Carlo para aproximar a integral

$$I = \int_1^{\infty} \frac{1}{x^3}\, dx$$

Forneça um intervalo de confiança para avaliar a precisão da estimativa.

Exercício 2.

Seja $X \sim \text{Exp}(\lambda)$ com $\lambda = 2$. Estime a esperança $\mathbb{E}[X^2]$ utilizando o método de Monte Carlo. Forneça um intervalo de confiança para avaliar a precisão da estimativa. Compare com o valor real dessa quantidade.

Exercício 3.

Considere que X tem distribuição Normal(0,1) e Y tem distribuição Gamma(1,1). Estime $P(X \times Y > 3)$. Forneça um intervalo de confiança para avaliar a precisão da estimativa.

74 Técnicas de Redução de Variância

75 R

76 Python

76.1 Exercícios

Exercício 1.

77 Amostragem por Importância

O Método de Monte Carlo, embora funcione, nem sempre é eficiente. Veremos a seguir um exemplo disso.

77.1 Exemplo 1: Estimativa de $\mathbb{P}(Z > 4.5)$

Neste exemplo, vamos estimar a probabilidade $\mathbb{P}(Z > 4.5)$ onde $Z \sim N(0, 1)$. Este é um evento raro, com probabilidade pequena. O valor exato dessa probabilidade é:

$$\log(\mathbb{P}(Z > 4.5)) = -12.59242$$

Aplicaremos o método de Monte Carlo simulando $n = 100.000$ valores de $Z \sim N(0, 1)$ e calculando a proporção dos valores que são maiores que 4.5.

78 R

```r
set.seed(0)
# Valor exato de P(Z > 4.5)
valor_exato <- log(pnorm(4.5, 0, 1, lower.tail = FALSE))
cat("Valor exato (log(P(Z > 4.5))):", valor_exato, "\n")
```

```
Valor exato (log(P(Z > 4.5))): -12.59242
```

```r
# Simulação Monte Carlo
n <- 100000
z <- rnorm(n, 0, 1)

# Estimativa Monte Carlo de P(Z > 4.5)
p_estimada <- mean(1 * (z > 4.5))
cat("Estimativa Monte Carlo de P(Z > 4.5):", p_estimada, "\n")
```

```
Estimativa Monte Carlo de P(Z > 4.5): 0
```

```r
# Logaritmo da estimativa Monte Carlo
log_p_estimada <- log(p_estimada)
cat("Logaritmo da estimativa Monte Carlo:", log_p_estimada, "\n")
```

```
Logaritmo da estimativa Monte Carlo: -Inf
```

79 Python

```python
import numpy as np
from scipy.stats import norm

# Valor exato de P(Z > 4.5)
valor_exato = np.log(norm.sf(4.5))  # sf is the survival function, equivalent to (1 - cdf)
print(f"Valor exato (log(P(Z > 4.5))): {valor_exato}")
```

```
Valor exato (log(P(Z > 4.5))): -12.592419735713081
```

```python
# Simulação Monte Carlo
n = 100000
z = np.random.normal(0, 1, n)

# Estimativa Monte Carlo de P(Z > 4.5)
p_estimada = np.mean(z > 4.5)
print(f"Estimativa Monte Carlo de P(Z > 4.5): {p_estimada}")
```

```
Estimativa Monte Carlo de P(Z > 4.5): 0.0
```

```python
# Logaritmo da estimativa Monte Carlo
log_p_estimada = np.log(p_estimada)
print(f"Logaritmo da estimativa Monte Carlo: {log_p_estimada}")
```

```
Logaritmo da estimativa Monte Carlo: -inf
```

O método de Monte Carlo exige uma grande quantidade de amostras para fornecer uma estimativa precisa devido à raridade do evento $Z > 4.5$. A abordagem pode se tornar ineficiente para eventos raros.

79.1 Amostragem por Importância

A Amostragem por Importância é uma técnica que nos permite simular valores $Y_1, \ldots, Y_n$ a partir de uma densidade auxiliar $g(y)$.

A ideia chave é que, se X tem densidade $f(x)$, a esperança $\mathbb{E}[h(X)]$ pode ser reescrita como:

$$\mathbb{E}[h(X)] = \int h(x)f(x)dx = \int h(x)\frac{f(x)}{g(x)}g(x)dx = \mathbb{E}\left[h(Y)\frac{f(Y)}{g(Y)}\right],$$

em que Y tem densidade g. Isso vale desde que g possua suporte tão ou mais amplo que $f(x)$. Assim, podemos estimar $\mathbb{E}[h(X)]$ usando n valores simulados de Y independentemente pela fórmula:

$$\hat{\theta}_n = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\frac{f(y_i)}{g(y_i)}h(y_i)$$

Note que os pesos $w_i = \frac{f(y_i)}{g(y_i)}$ ajustam a importância de cada amostra, tornando a simulação mais eficiente.

79.1.1 Revistando o Exemplo 1 via Amostragem por Importância

Para melhorar a eficiência no Exemplo 1, vamos agora usar **Amostragem por Importância**. Em vez de simular diretamente de $Z \sim N(0,1)$, simulamos de uma distribuição exponencial truncada $Exp(1)$ a partir de 4.5. A densidade de importância é:

$$g(y) = e^{-(y-4.5)}, \quad y > 4.5$$

O estimador de Monte Carlo ponderado é, portanto,

$$\hat{\theta}_n = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\frac{f(y_i)}{g(y_i)}I(y_i > 4.5) = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\frac{f(y_i)}{g(y_i)},$$

onde $f(y_i)$ é a densidade da normal $N(0,1)$. Aqui está o código equivalente em Python no formato solicitado:

80 R

```
n <- 100
# Gerar n valores da distribuição exponencial truncada
y <- rexp(n) + 4.5

# Estimativa por importância
estimativa_importancia <- mean(dnorm(y) / exp(-(y - 4.5)))
cat("Estimativa por amostragem por importância:", estimativa_importancia, "\n")
```

```
Estimativa por amostragem por importância: 3.723979e-06
```

```
# Logaritmo da estimativa por importância
log_estimativa_importancia <- log(estimativa_importancia)
cat("Logaritmo da estimativa por amostragem por importância:", log_estimativa_importancia, "
```

```
Logaritmo da estimativa por amostragem por importância: -12.50072
```

81 Python

```
import numpy as np
from scipy.stats import expon, norm

n = 100
# Gerar n valores da distribuição exponencial truncada
y = expon.rvs(scale=1, size=n) + 4.5

# Estimativa por importância
estimativa_importancia = np.mean(norm.pdf(y) / np.exp(-(y - 4.5)))
print(f"Estimativa por amostragem por importância: {estimativa_importancia}")
```

```
Estimativa por amostragem por importância: 4.2940202654340875e-06
```

```
# Logaritmo da estimativa por importância
log_estimativa_importancia = np.log(estimativa_importancia)
print(f"Logaritmo da estimativa por amostragem por importância: {log_estimativa_importancia}"
```

```
Logaritmo da estimativa por amostragem por importância: -12.358287139041856
```

Com essa técnica, concentramos as simulações na região relevante, melhorando a eficiência da estimativa para eventos raros.

81.1 Exemplo 2: Estimativa de $\mathbb{E}[\sqrt{X}]$ com Amostragem por Importância

Agora, vamos estimar $\theta = \mathbb{E}[\sqrt{X}]$ onde $X \sim Exp(1)$. Sabemos que o valor exato desta integral é $\sqrt{\pi}/2$.

81.1.1 Aproximação via Monte Carlo

Vamos simular $X \sim Exp(1)$ e calcular a média de $\sqrt{X}$ diretamente: Aqui está o código equivalente em Python no formato solicitado:

82 R

```r
# Valor exato da integral
real <- sqrt(pi) / 2
cat("Valor exato:", real, "\n")
```

```
Valor exato: 0.8862269
```

```r
# Número de amostras
n <- 10000

# Geração de amostras da distribuição exponencial
x <- rexp(n, 1)

# Estimativa Monte Carlo para E[sqrt(X)]
estimativa_mc <- mean(sqrt(x))
cat("Estimativa Monte Carlo de E[sqrt(X)]:", estimativa_mc, "\n")
```

```
Estimativa Monte Carlo de E[sqrt(X)]: 0.8842487
```

```r
# Variância da estimativa
variancia_mc <- var(sqrt(x))
cat("Variância da estimativa:", variancia_mc, "\n")
```

```
Variância da estimativa: 0.2075346
```

83 Python

```python
import numpy as np
from scipy.stats import expon

# Valor exato da integral
real = np.sqrt(np.pi) / 2
print(f"Valor exato: {real}")
```

```
Valor exato: 0.8862269254527579
```

```python
# Número de amostras
n = 10000

# Geração de amostras da distribuição exponencial
x = expon.rvs(scale=1, size=n)

# Estimativa Monte Carlo para E[sqrt(X)]
estimativa_mc = np.mean(np.sqrt(x))
print(f"Estimativa Monte Carlo de E[sqrt(X)]: {estimativa_mc}")
```

```
Estimativa Monte Carlo de E[sqrt(X)]: 0.8875461385028007
```

```python
# Variância da estimativa
variancia_mc = np.var(np.sqrt(x), ddof=1)
print(f"Variância da estimativa: {variancia_mc}")
```

```
Variância da estimativa: 0.2162292214271586
```

83.0.1 Aproximação via Amostragem por Importância

Agora, vamos usar a **Amostragem por Importância** com duas distribuições diferentes para melhorar a eficiência.

1. **Usando $Y = |Z|$, onde $Z \sim N(0,1)$:**

A densidade de importância combinada é:

$$g(y) = dnorm(y) + dnorm(-y)$$

```
# Gerando amostras de uma distribuição normal absoluta
z <- abs(rnorm(n))

# Função de densidade combinada g(x)
g <- function(x) {
  return(dnorm(x) + dnorm(-x))
}

# Estimativa por amostragem por importância
estimativa_importancia <- mean((sqrt(z)) * dexp(z, 1) / g(z))
cat("Estimativa por amostragem por importância:", estimativa_importancia, "\n")
```

```
Estimativa por amostragem por importância: 1.038467
```

```
# Variância da estimativa por amostragem por importância
variancia_importancia <- var((sqrt(z)) * dexp(z, 1) / g(z))
cat("Variância da estimativa por amostragem por importância:", variancia_importancia, "\n")
```

```
Variância da estimativa por amostragem por importância: 367.4869
```

2. **Usando $Y = |Z|$, onde $Z \sim Cauchy(0,1)$:**

A densidade de importância combinada agora é:

$$g2(y) = dcauchy(y) + dcauchy(-y)$$

84 R

```r
# Gerando amostras de uma distribuição Cauchy absoluta
z <- abs(rcauchy(n))

# Função de densidade combinada g2(x) para a Cauchy
g2 <- function(x) {
  return(dcauchy(x) + dcauchy(-x))
}

# Estimativa por amostragem por importância usando Cauchy
estimativa_importancia_cauchy <- mean((sqrt(z)) * dexp(z, 1) / g2(z))
cat("Estimativa por amostragem por importância (Cauchy):", estimativa_importancia_cauchy, "\n
```

```
Estimativa por amostragem por importância (Cauchy): 0.885894
```

```r
# Variância da estimativa por amostragem por importância usando Cauchy
variancia_importancia_cauchy <- var((sqrt(z)) * dexp(z, 1) / g2(z))
cat("Variância da estimativa por amostragem por importância (Cauchy):", variancia_importancia
```

```
Variância da estimativa por amostragem por importância (Cauchy): 0.1985572
```

85 Python

```
import numpy as np
from scipy.stats import cauchy, expon

# Gerando amostras de uma distribuição Cauchy absoluta
z = np.abs(cauchy.rvs(size=n))

# Função de densidade combinada g2(x) para a Cauchy
def g2(x):
    return cauchy.pdf(x) + cauchy.pdf(-x)

# Estimativa por amostragem por importância usando Cauchy
estimativa_importancia_cauchy = np.mean(np.sqrt(z) * expon.pdf(z, scale=1) / g2(z))
print(f"Estimativa por amostragem por importância (Cauchy): {estimativa_importancia_cauchy}")
```

```
Estimativa por amostragem por importância (Cauchy): 0.8786502889646497
```

```
# Variância da estimativa por amostragem por importância usando Cauchy
variancia_importancia_cauchy = np.var(np.sqrt(z) * expon.pdf(z, scale=1) / g2(z), ddof=1)
print(f"Variância da estimativa por amostragem por importância (Cauchy): {variancia_importanc
```

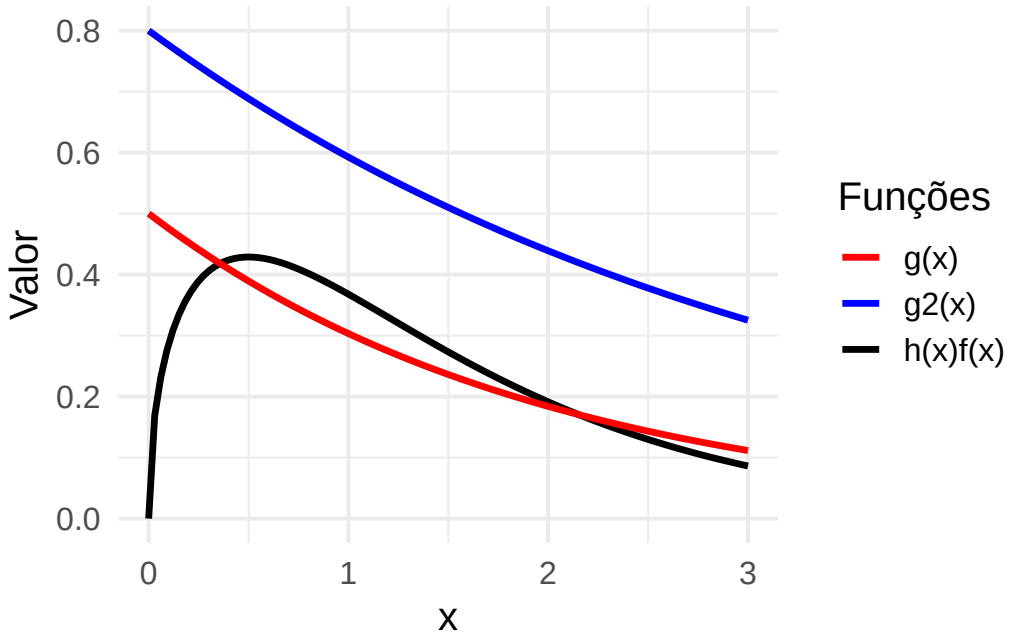
```
Variância da estimativa por amostragem por importância (Cauchy): 0.19733468760845188
```

Podemos visualizar as funções de densidade $h(x)f(x)$ e as funções de importância $g(x)$ e $g2(x)$ para entender melhor a escolha das distribuições de importância .

Gráfico de $h(x)f(x)$ e as funções de importância $g(x)$ e $g2(x)$: Aqui está o código convertido para Python usando a biblioteca `matplotlib` e `seaborn` no formato solicitado:

86 R

```r
library(ggplot2)

# Funções
h_f <- function(x) sqrt(x) * dexp(x, 1)
g <- function(x) 0.5 * exp(-0.5 * x)  # Exemplo para g(x)
g2 <- function(x) 0.8 * exp(-0.3 * x) # Exemplo para g2(x)

# Dados
x_vals <- seq(0, 3, length.out = 100)
data <- data.frame(
  x = x_vals,
  h_f = h_f(x_vals),
  g = g(x_vals),
  g2 = g2(x_vals)
)

# Gráfico
ggplot(data, aes(x)) +
  geom_line(aes(y = h_f, color = "h(x)f(x)"), size = 1.2) +
  geom_line(aes(y = g, color = "g(x)"), size = 1.2) +
  geom_line(aes(y = g2, color = "g2(x)"), size = 1.2) +
  scale_color_manual(values = c("h(x)f(x)" = "black", "g(x)" = "red", "g2(x)" = "blue")) +
  labs(y = "Valor", color = "Funções") +
  theme_minimal(base_size = 15)
```


0.8
0.6
0.4
0.2
0.0
Valor
0
1
2
3
x
Funções
g(x)
g2(x)
h(x)f(x)

87 Python

```python
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

# Funções
def h_f(x):
    return np.sqrt(x) * np.exp(-x)

def g(x):
    return 0.5 * np.exp(-0.5 * x)

def g2(x):
    return 0.8 * np.exp(-0.3 * x)

# Dados
x_vals = np.linspace(0, 3, 100)
h_f_vals = h_f(x_vals)
g_vals = g(x_vals)
g2_vals = g2(x_vals)

# Gráfico
plt.plot(x_vals, h_f_vals, label="h(x)f(x)", color="black", linewidth=1.2)
plt.plot(x_vals, g_vals, label="g(x)", color="red", linewidth=1.2)
plt.plot(x_vals, g2_vals, label="g2(x)", color="blue", linewidth=1.2)

plt.xlabel("x")
plt.ylabel("Valor")
plt.legend(title="Funções")
plt.grid(True)
plt.tight_layout()
plt.show()
```

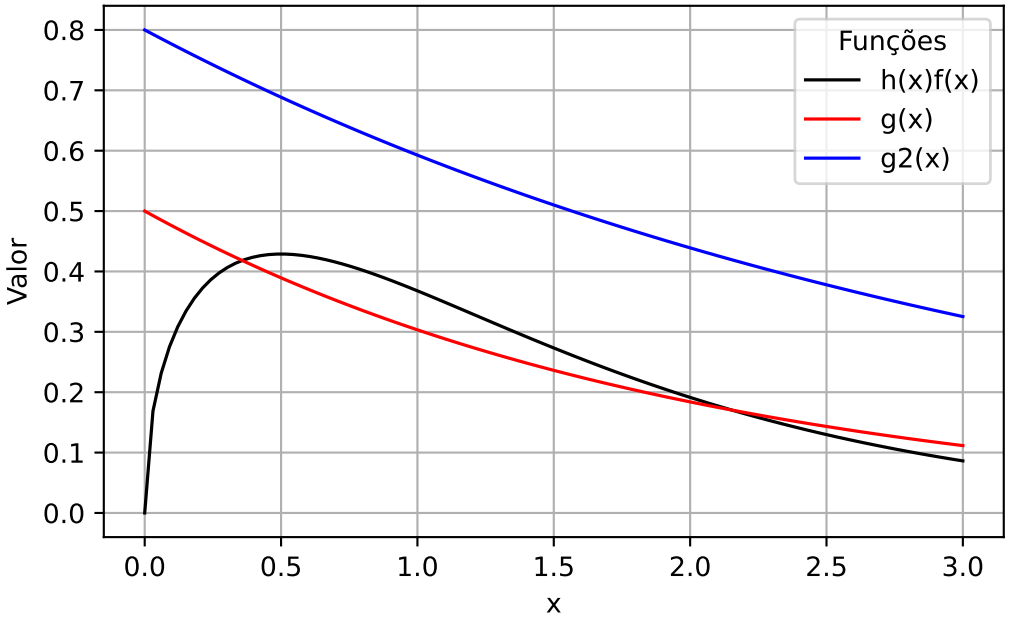
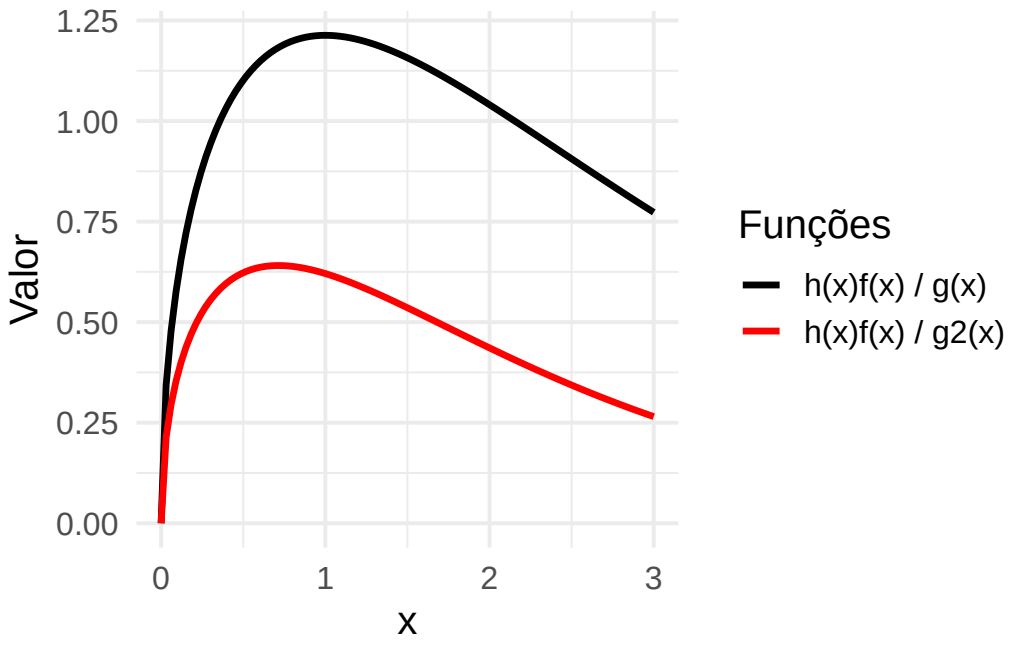


Gráfico de $h(x)f(x)/g(x)$ e $h(x)f(x)/g2(x)$: Aqui está o código equivalente em Python usando `matplotlib` no formato solicitado:

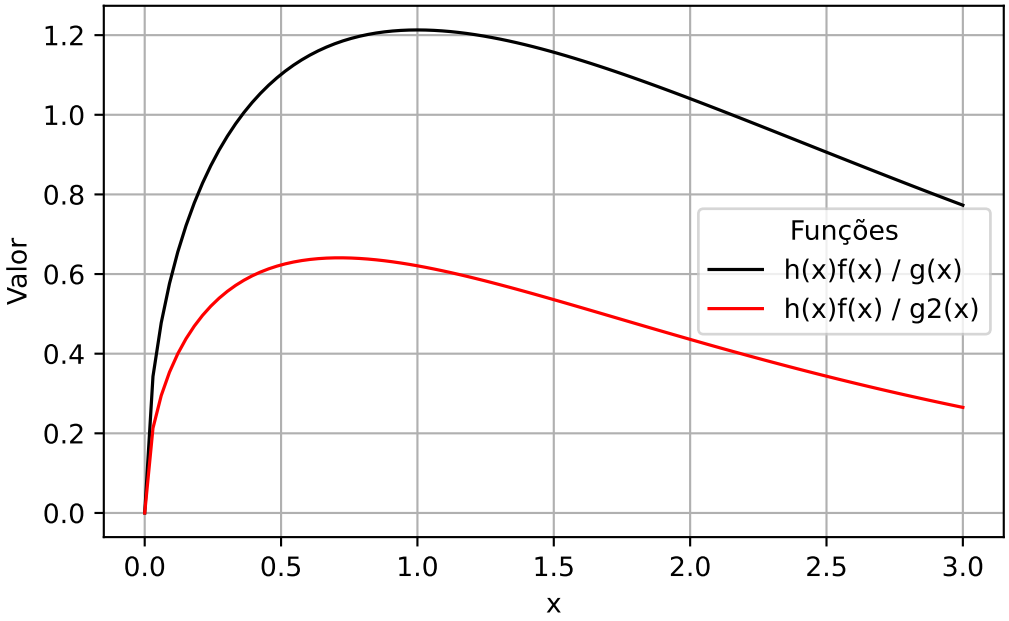
88 R

```r
library(ggplot2)

# Funções
h_f <- function(x) sqrt(x) * dexp(x, 1)
g <- function(x) 0.5 * exp(-0.5 * x)  # Exemplo para g(x)
g2 <- function(x) 0.8 * exp(-0.3 * x) # Exemplo para g2(x)

# Dados
x_vals <- seq(0, 3, length.out = 100)
data <- data.frame(
  x = x_vals,
  h_f_over_g = h_f(x_vals) / g(x_vals),
  h_f_over_g2 = h_f(x_vals) / g2(x_vals)
)

# Gráfico
ggplot(data, aes(x)) +
  geom_line(aes(y = h_f_over_g, color = "h(x)f(x) / g(x)"), size = 1.2) +
  geom_line(aes(y = h_f_over_g2, color = "h(x)f(x) / g2(x)"), size = 1.2) +
  scale_color_manual(values = c("h(x)f(x) / g(x)" = "black", "h(x)f(x) / g2(x)" = "red")) +
  labs(y = "Valor", color = "Funções") +
  theme_minimal(base_size = 15)
```


1.25
1.00
0.75
0.50
0.25
0.00
Valor
0
1
2
3
x
Funções
h(x)f(x) / g(x)
h(x)f(x) / g2(x)

89 Python

```python
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

# Funções
def h_f(x):
    return np.sqrt(x) * np.exp(-x)

def g(x):
    return 0.5 * np.exp(-0.5 * x)

def g2(x):
    return 0.8 * np.exp(-0.3 * x)

# Dados
x_vals = np.linspace(0, 3, 100)
h_f_over_g = h_f(x_vals) / g(x_vals)
h_f_over_g2 = h_f(x_vals) / g2(x_vals)

# Gráfico
plt.plot(x_vals, h_f_over_g, label="h(x)f(x) / g(x)", color="black", linewidth=1.2)
plt.plot(x_vals, h_f_over_g2, label="h(x)f(x) / g2(x)", color="red", linewidth=1.2)

plt.xlabel("x")
plt.ylabel("Valor")
plt.legend(title="Funções")
plt.grid(True)
plt.tight_layout()
plt.show()
```



Esses gráficos mostram como as diferentes escolhas de distribuições de importância afetam a função ponderada, ajudando a reduzir a variância do estimador.

89.1 Exercícios

Exercício 1. Usando a **Amostragem por Importância**, estime a probabilidade de que uma variável aleatória $Z \sim N(0,1)$ seja maior que 5.0. Compare os resultados obtidos com a amostragem direta usando Monte Carlo simples e discuta a eficiência da Amostragem por Importância em relação ao método direto.

Exercício 2. Estime o valor da integral $\int_0^2 \sqrt{x}e^{-x}dx$ utilizando a **Amostragem por Importância** com duas distribuições de importância diferentes. Justifique a escolha das distribuições e compare a eficiência de cada uma.

Exercício 3. Utilize a **Amostragem por Importância** para estimar $\mathbb{E}[\log(1+X)]$, onde $X \sim Exp(1)$. Escolha uma densidade auxiliar apropriada para melhorar a eficiência da estimativa e justifique sua escolha. Compare os resultados com a aproximação via Monte Carlo simples.

References

Ross, Sheldon M. 2006. *Simulation, Fourth Edition.* USA: Academic Press, Inc.

Método da Rejeição para Variáveis Discretas

A amostragem por rejeição é uma técnica útil para gerar variáveis aleatórias a partir de uma distribuição de probabilidade complexa, utilizando uma distribuição proposta mais simples. A ideia básica é simular de uma distribuição discreta fácil de amostrar e, em seguida, rejeitar ou aceitar essas amostras com base na distribuição alvo.

Algoritmo

O método assume que conhecemos uma distribuição q_j, fácil de simular, que cubra o suporte da distribuição alvo p_j. Essa distribuição é chamada de **distribuição proposta**. Além disso, ele assume que existe uma constante c tal que $\frac{p_j}{q_j} \leq c$ para todo j tal que $p_j > 0$, e que conseguimos calcular c.

O método de aceitação e rejeição segue os seguintes passos:

1. Gere um valor Y da distribuição proposta q_j.
2. Gere um valor $U \sim \text{Uniform}(0, 1)$.
3. Aceite Y como uma amostra de p_j se $U \leq \frac{p(Y)}{c \cdot q(Y)}$, caso contrário, rejeite Y e repita o processo.

Exemplo

Vamos demonstrar a amostragem por rejeição gerando amostras de uma distribuição alvo discreta p_j, utilizando uma distribuição uniforme discreta como distribuição proposta.

Suponha que Y siga uma distribuição uniforme discreta em $\{1, 2, \ldots, 10\}$, ou seja, $q_j = 1/10$ para todos os valores j. A distribuição alvo p_j tem os seguintes valores:

j	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
p_j	0.11	0.12	0.09	0.08	0.12	0.10	0.09	0.09	0.10	0.10

Para aplicar o método de aceitação e rejeição, precisamos de uma constante c tal que $\frac{p_j}{q_j} \leq c$ para todo j. Neste caso, temos $c = 1.2$.

90 R

```
library(ggplot2)

# Valores de j e probabilidades p_j e q_j
j_values <- 1:10
p_j <- c(0.11, 0.12, 0.09, 0.08, 0.12, 0.10, 0.09, 0.09, 0.10, 0.10)
q_j <- rep(1 / 10, length(p_j))  # Distribuição uniforme

# Constante c para ajustar q_j
c <- max(p_j / q_j)
cq_j <- c * q_j  # Multiplica a distribuição proposta pela constante

# Criação do data frame para o ggplot2
df <- data.frame(j = j_values, p_j = p_j, cq_j = cq_j)

# Plot com ggplot2
ggplot(df, aes(x = j)) +
  geom_segment(aes(x = j, xend = j, y = 0, yend = cq_j), color = "black") +
  geom_point(aes(y = cq_j), color = "green", size = 3) +
  geom_point(aes(y = p_j), color = "red", size = 3) +
  labs(x = "", y = "") +
  ylim(0, 0.2) +
  theme_minimal() +
  theme(legend.position = "top") +
  scale_color_manual(values = c("p(x)" = "red", "cq(x)" = "green"), name = "") +
  guides(color = guide_legend(override.aes = list(shape = 16))) +
  geom_point(aes(y = p_j, color = "p(x)"), size = 3) +
  geom_point(aes(y = cq_j, color = "cq(x)"), size = 3)
```

91 Python

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

# Valores de j e probabilidades p_j e q_j
j_values = np.arange(1, 11)
p_j = np.array([0.11, 0.12, 0.09, 0.08, 0.12, 0.10, 0.09, 0.09, 0.10, 0.10])
q_j = np.full_like(p_j, 1 / 10)  # Distribuição uniforme

# Constante c para ajustar q_j
c = max(p_j / q_j)
cq_j = c * q_j  # Multiplica a distribuição proposta pela constante

# Plot
plt.figure(figsize=(8, 5))
plt.stem(j_values, cq_j, linefmt="black", markerfmt="go", basefmt=" ", label="cq(x)")
plt.stem(j_values, p_j, linefmt="black", markerfmt="ro", basefmt=" ", label="p(x)")

# Configurações do gráfico
plt.ylim(0, 0.2)
plt.legend(loc="upper right")
plt.show()
```

Teoria do método de rejeição

Teorema: O método da aceitação e rejeição gera uma v.a. X tal que

$$P(X = j) = p_j, \ j = 0, 1, ...$$

O número de passos que o algoritmo necessita para gerar X tem distribuição geométrica com média c.

Prova:

$$P(Y = j \text{ e aceitar}) = P(Y = j)P(\text{aceitar } |Y = j) = q_j \frac{p_j}{cq_j} = \frac{p_j}{c}$$

Então,

$$P(\text{aceitar}) = \sum_{j=0}^{\infty} \frac{p_j}{c} = \frac{1}{c}$$

A cada passo a probabilidade de aceitar um valor é $\frac{1}{c}$, então o número de passos necessários para aceitar um valor tem dist. geométrica com média c.

Além disso, temos

$$P(X = j) = \sum_{n=1}^{\infty} P(Y = j \text{ e aceitar pela 1a vez no passo n}) = \sum_{n=1}^{\infty} \left(1 - \frac{1}{c}\right)^{n-1} \frac{p_j}{c} = p_j$$

Exercício

Implemente o método de aceitação e rejeição para gerar uma amostra da variável aleatória X com a distribuição de probabilidades alvo p_j dada anteriormente:

j	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
p_j	0.11	0.12	0.09	0.08	0.12	0.10	0.09	0.09	0.10	0.10

Use a distribuição uniforme discreta em $\{1, 2, \ldots, 10\}$ como a distribuição proposta q_j, em que $q_j = 1/10$ para todos os valores de j.