0.0. Imports

0.1. Julia & Python Imports

In [1]:
```
using CSV;
using PyCall;
using PyPlot;
using Printf;
using StatsBase;
using DataFrames, FreqTables
using HypothesisTests

np  = pyimport("numpy");
sns = pyimport("seaborn");
ss  = pyimport("scipy.stats");
wrg = pyimport("warnings");
pd  = pyimport("pandas");
gs  = pyimport("matplotlib.gridspec");
```

In [2]:
```
ps = pyimport("pyspark.pandas");
pd = pyimport("databricks.koalas");
tree = pyimport("sklearn.tree");
layers = pyimport("keras.layers");
models = pyimport("keras.models");
prepro = pyimport("sklearn.preprocessing");
utils  = pyimport("sklearn.utils");
metrics = pyimport("sklearn.metrics");
model_selection = pyimport("sklearn.model_selection");
```

0.2. Aux Functions

0.2.1. Functions

In [250…
```
wrg.filterwarnings("ignore")

pearson_r(ti, df) = √( (ti^2) / (ti^2 + df ) );
glass_delt( x_bari, x_barj, stdi ) = (x_bari - x_barj) / stdi;
cohen_d(x_bari, x_barj, stdi, stdj) = ( x_bari - x_barj ) / √( ( stdi^2 + stdj^2 ) / 2 );
hedge_g( d, ni, nj ) = ( d * ( 1 - ( 3 / (4*(ni + nj - 9))))); 

function cramer_v( x, y )
    cm = freqtable(x, y)
    n  = sum(cm)
    r, k = size(cm)

    chi2 = ChisqTest( cm ).stat
    chi2corr = max( 0, chi2 - ((( k-1 ) * ( r-1 )) / ( n-1 ) ))

    kcorr = k - ((( k-1 )^2) / ( n-1 ))
    rcorr = r - ((( r-1 )^2) / ( n-1 ))

    return sqrt( ( chi2corr / n ) / ( min( kcorr - 1, rcorr - 1 ) ) )
end;

function permutation(x, n_a, n_b)
    n = n_a + n_b
    rand_b = sample(1:n, n_b)
    rand_a = setdiff(1:n, rand_b)
    return np.mean(x[rand_b]) - np.mean(x[rand_a])
end;

py"""
import numpy as np
def test(diff, diff_mean):
    return np.mean(diff > diff_mean)
"""
```

0.2.1. Plots

In [292…
```
function plot_linear(a, b, d, r1, r2)
    fig, ax = plt.subplots( figsize=(6, 5) );

    x = np.arange( r1, r2, 1 )
    y = a * x .+ b + np.random.normal( 0, d, length(x) );
    r = (length(x)sum(x .* y) - (sum(x)sum(y))) / (sqrt((length(x)sum(x.^2) - (sum(x))^2) * (length(y)sum(y.^2)

    ax = sns.regplot(x, y, color="r")
    if r >= 0
        ax.set_title(("Correlação Positiva: " * string(round(r, digits=4))))
    else
        ax.set_title(("Correlação Negativa: " * string(round(r, digits=4))))
    end
end;

function spearman_plot( size, power )
    log_a = [log1p(abs(j-10)) for j in 1:size]
    log_b = [log1p(j)^power for j in 1:size]
    cor, _ = ss.spearmanr( log_a, log_b );

    fig, ax = plt.subplots( figsize=(5, 5) )
    ax.plot( log_a, color="b", linestyle="--", label="Log - 6" )
    ax.plot( log_b, color="r", linestyle="--", label="Negative Log" )
    ax.set_title( "Correlação: " * string(round(cor, digits=4)) )
    plt.legend();
end;

function plot_density( x, y )
    fig, (ax1, ax2) = plt.subplots( 1, 2, figsize=(16, 7) )
    ax1.hexbin( np.random.randn(x), np.random.randn(y), gridsize=30, cmap="gist_heat" );
    ax2 = sns.kdeplot(np.random.randn(x), np.random.randn(y) );
end;

function plot_bootstrap( x, g_type, c )
    plt.hist( x, color=c, linewidth=2, histtype=g_type, bins=20 );
    plt.vlines( np.mean( x ), ymin=n_size-100, ymax=1., color="k", linestyle="--", label="Mean" );
    plt.legend();
end;

function plot_three_bn( prob, colors, label )
    for i in zip( [0.1, 0.5, 0.9], ["r", "g", "b"], ["Prob: 10%", "Prob: 50%", "Prob: 90%"] )
        res = [ss.binom.pmf(r, 10, i[1]) for r in 0:10]
        plt.bar(Array(1:11), res, color=i[2], label=i[3]);
        plt.legend()
    end
end;

function plot_poisson( x, c )
    fig, ax = plt.subplots( figsize=(7, 4) )
    ax = sns.distplot(x, color=c, hist=false, label="Poisson");
    ax.vlines( np.mean(x), 0, 0.27, color="k", linestyle="--", label="Média" )
    ax.vlines( np.median(x), 0, 0.27, color="c", linestyle="--", label="Mediana" )
    ax.vlines( 0, -0.05, 0.28, color="#12004f", linewidth=2, linestyle="-")
    ax.hlines( -0.001, -1.7, 8.5, color="#12004f", linewidth=2, linestyle="-")
    ax.set_xlabel("Contagem");
    ax.set_ylabel("Densidade");
    ax.set_title("Distribuição Poisson")
    ax.legend();
end;

function plot_normal( x, sim=true )
    fig, ax = plt.subplots( figsize=(7, 4) )
    ax.plot(x, ss.norm.pdf(x), color="b", linewidth=2, label="Normal");
    ax.hlines( .003, -4, 4, color="k")
    ax.vlines( 0, 0, 0.4, color="k", linestyle="--", label="Média")
    ax.set_title("Distribuição Normal")
    fig.legend();
    if sim == true
        [ax.vlines(  i, 0, 0.24, color="r") for i in -1:1 if i != 0]
        [ax.vlines(  i, 0, 0.055, color="r") for i in -2:2 if i != 0]
        [ax.vlines( -i, 0, (0.50/(i*2.0)-.01), color="r", linestyle="--" ) for i in 1:.1:1.3];
        [ax.vlines( -i, 0, (0.50/(i*2.3)-.01), color="r", linestyle="--" ) for i in 1.3:.1:1.6];
        [ax.vlines( -i, 0, (0.50/(i*3)-.01), color="r", linestyle="--" )   for i in 1.6:.1:1.9];
        [ax.vlines(  i, 0, (0.50/(i*2.0)-.01), color="r", linestyle="--" ) for i in 1:.1:1.3];
        [ax.vlines(  i, 0, (0.50/(i*2.3)-.01), color="r", linestyle="--" ) for i in 1.3:.1:1.6];
        [ax.vlines(  i, 0, (0.50/(i*3)-.01), color="r", linestyle="--" )   for i in 1.6:.1:1.9];
    else
    end
end;

function plot_qq(x, y, z, g_type)
    fig, (ax1, ax2, ax3, ax4, ax5, ax6) = plt.subplots( 2, 3, figsize=(16, 7) )
    ss.probplot( x, dist="norm", plot=ax1 );
    ss.probplot( y, dist="norm", plot=ax5 );
    ss.probplot( z, dist="norm", plot=ax3 );
    for i in zip( [ax2, ax6, ax4], [x, y, z], ["Normal", "Log", "Skewed"], ["r", "g", "b"] )
        i[1].hist( i[2], histtype=g_type, linewidth=2, color=i[4], label=i[3] );
        i[1].legend()
        i[1].set_ylabel("Density")
        i[1].set_xlabel("Bins")
        plt.show()
    end;
end;

function plot_exp( x, c )
    fig, ax = plt.subplots( figsize=(7, 4) )
    ax = sns.distplot(x, color=c, hist=false, label="Exponencial");
    ax.set_xlabel("Contagem");
    ax.vlines( np.mean(x), 0, 0.4, color="k", linestyle="--", label="Média" )
    ax.vlines( np.median(x), 0, 0.55, color="c", linestyle="--", label="Mediana" )
    ax.vlines( 0, 0, 0.7, color="#12004f", linestyle="-")
    ax.vlines( 0, -0.05, 0.28, color="#12004f", linewidth=2, linestyle="-")
    ax.hlines( -0.001, -1.7, 8.5, color="#12004f", linewidth=2, linestyle="-")
    ax.set_title("Distribuição Exponencial")
    ax.legend();
end;

function plot_wei(x)
    fig, ax = plt.subplots( figsize=(7, 4) )
    ax = sns.distplot( x, color=c, label="Weibull");
    ax.hlines( -.1/(1000*100), 150*150, -200, color="#12004f", linewidth=2, linestyle="-")
    ax.vlines( -.1/(1000*100), -.1/(500*10), .1/(500), color="#12004f", linewidth=2, linestyle="-")
    ax.set_title("Distribuição Weibull")
    ax.legend();
end;

function plot_permutation(x, d, c1, c2, ex, with_ex=false)
    fig, ax = plt.subplots( figsize=(6, 5))
    ax.hist(x, histtype="step", color="r", linewidth=2)
    ax.axvline( x=d, c=c1, lw=1, ls="--", label="Diferença" );
    if with_ex == true
        ax.vlines( ex, 0, 100, color=c2 );
        plt.legend();
    else
        plt.legend();
    end
end;

function plot_page_diff()
    fig, ax = plt.subplots( figsize=(7, 5) )
    ax.hist( df[df.Page .== "Page A", 2], histtype="step", linewidth=2, color="r", label="Page A")
    ax.hist( df[df.Page .== "Page B", 2], histtype="step", linewidth=2, color="b", label="Page B")
    ax.hlines( y=2.0, xmin=-0, xmax=4., linestyle="--", color="k" )
    ax.set_xlabel("Time")
    ax.set_ylabel("Count")
    ax.legend();
end;
```

1.0. Capítulo 1

1.1. Correlação

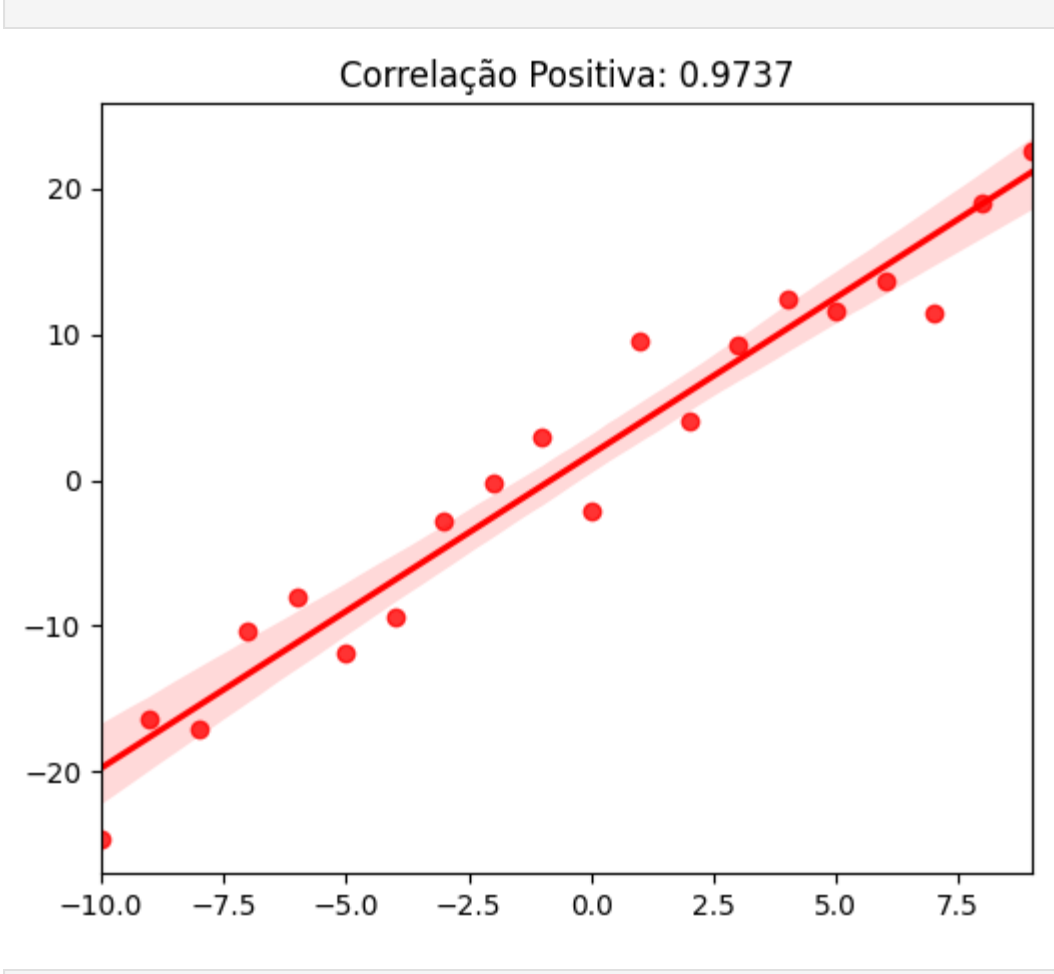
1.1.1. R de Pearson

O coeficiente de correlação de pearson é muitas vezes o primeiro coeficiente estudado ou abordado em livros.
São ditos os dados que são positivamente correlacionados quando os valores de **x** acompanham os valores de **y** e negativamente correlacionados se os valores altos de **x** acompanharem os valores baixos de **y**.
Causalidade a variável **x** é a causa da variável **y**, logo por exemplo a correlação entre número de vendas e clientes é positiva, mas não quer dizer que quantos mais clientes existem mais vendas eu tenha.
Ex: O número de consumo de **margarina** e o número de **divórcios** em Maine.

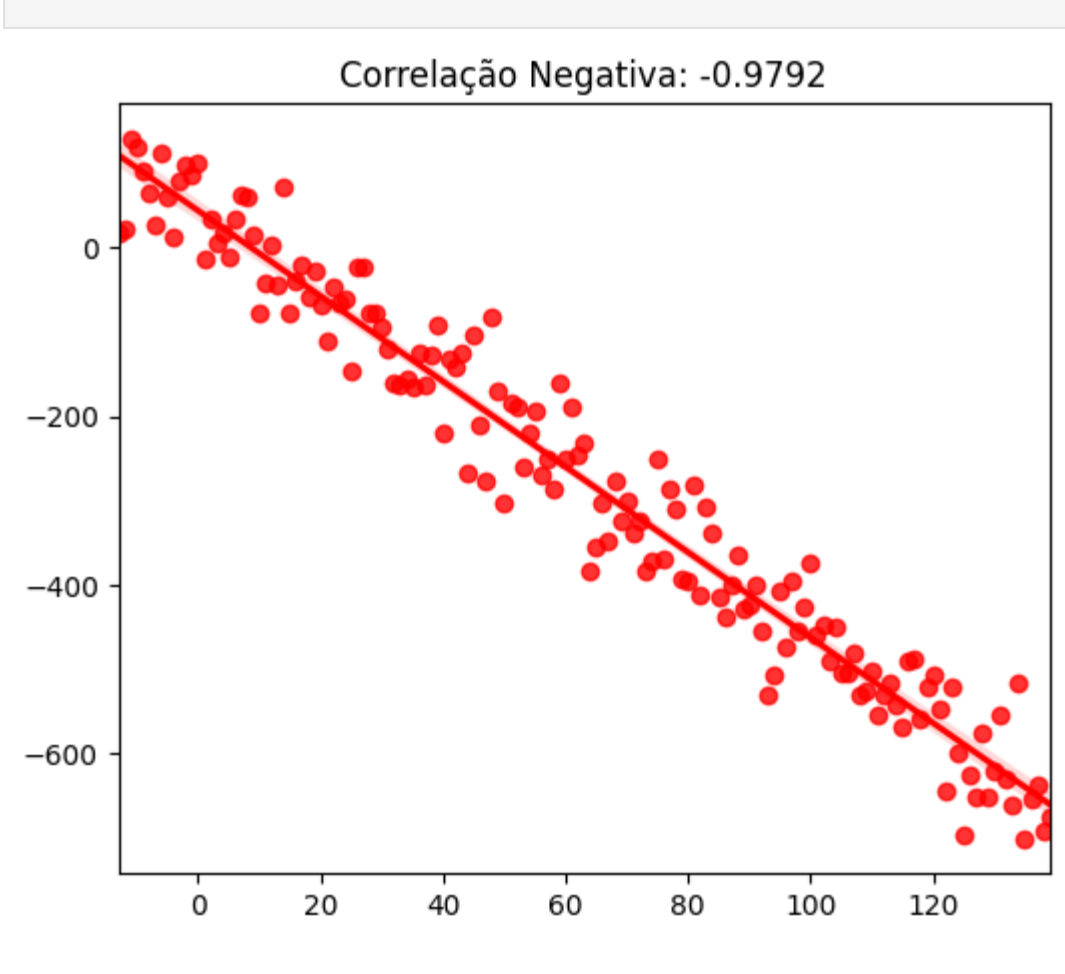
Fórmula do coeficiente de pearson.

$$r = \frac{n(\sum{xy}) - (\sum{x})(\sum{y})}{\sqrt{(n\sum{(x^2)}-(\sum{x})^2)~(n\sum{(y^2)}-(\sum{y})^2)}}$$

In [191…
```
ax1 = plot_linear(2, 2, 3, -10, 10);
```



In [8]:
```
plot_linear(-5, 40, 50, -13, 140);
```

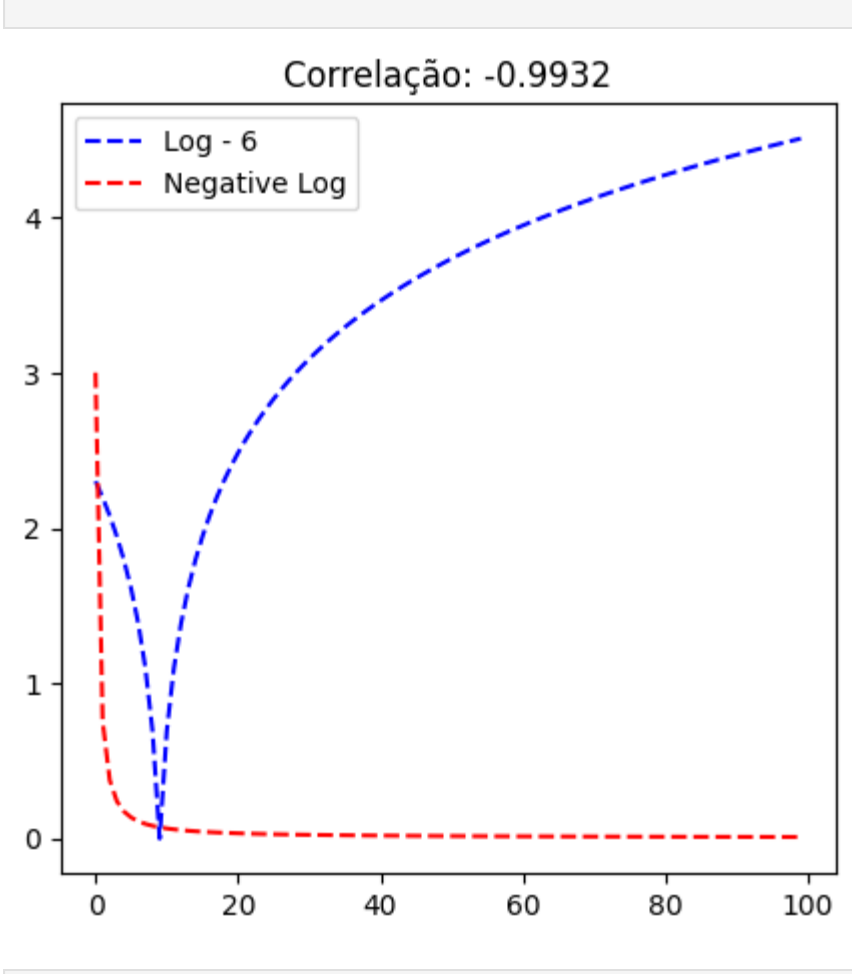


1.1.2. Rho de spearman

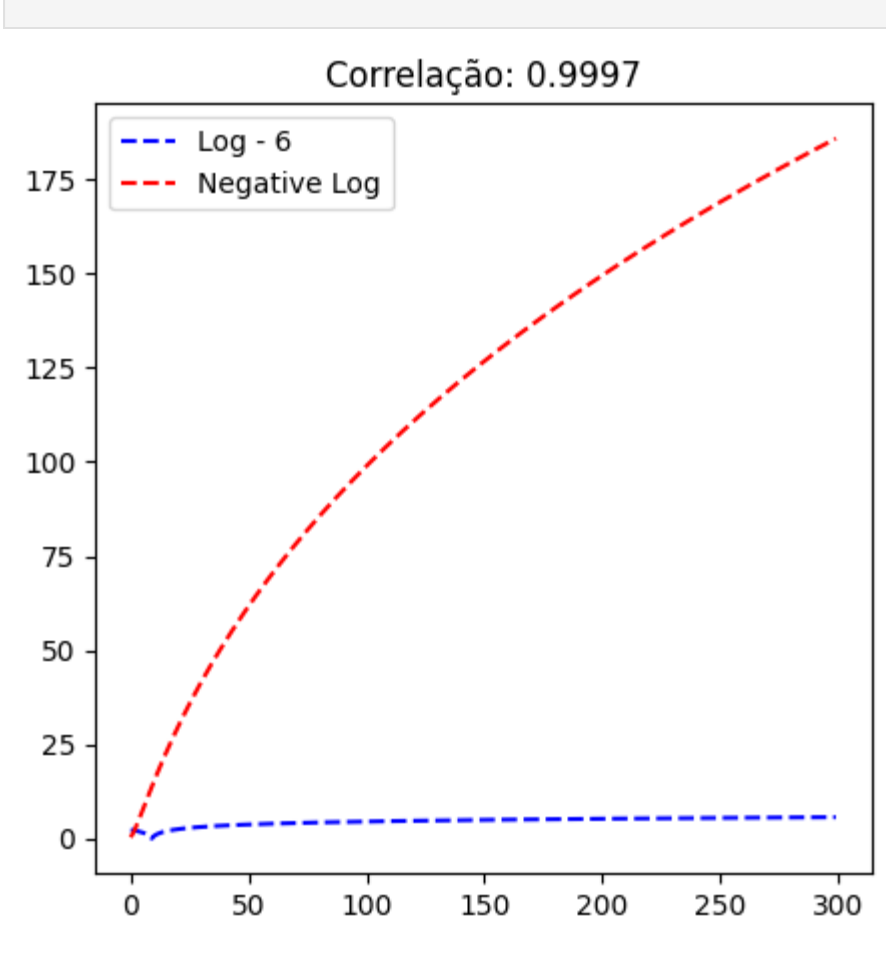
Robusto contra outliers e calculado em relação ao ranqueamento ou ordens dos dados, também mede relações lineares e não lineares.

$$r_s = 1 - \frac{6\sum{d^2}}{n^3 - n}$$

In [96]:
```
spearman_plot( 100, -3 );
```



In [97]:
```
spearman_plot( 300, 3 );
```



1.1.4. V de Cramér

O V de cramér basicamente serve para calcular a correlação entre variaveis categoricas.

Existe a versão corrigida da fórmula de cramér que esta abaixo, k e r são as dimensões da matriz.

$$V = \sqrt{\frac{\varphi^{2}~ou~X^2 / n}{min(k-1, r-1)}}$$
$$\varphi^2 = max(0, \varphi^2 - \frac{(k-1) - (r-1)}{n-1}$$
$$cor~k = k - \frac{(k-1)^2}{n-1}$$
$$cor~r = r - \frac{(r-1)^2}{n-1}$$

In [226…
```
df = DataFrame(CSV.File("data/store.csv"))
df = hcat(df[:, 2:3], df.StoreType )
df = rename(df, Dict("x1" => "State"));

# Rename Rows
df.Assortment = [replace(i, "a" => "BASIC") for i in df.Assortment];
df.Assortment = [replace(i, "b" => "EXTRA") for i in df.Assortment];
df.Assortment = [replace(i, "c" => "EXTENDED") for i in df.Assortment];

# Generate FataFrame
results = []
data = DataFrame()

for i in ["StoreType", "Assortment", "State"]
    a = cramer_v( Array(df.StoreType), Array(df[:, i]) )
    b = cramer_v( Array(df.Assortment), Array(df[:, i]) )
    c = cramer_v( Array(df.State), Array(df[:, i]) )

    corr = Dict(i => [a, b, c])
    append!(results, corr)
end

df2 = DataFrame( results ) # Plotar um Mapa de Calor / Heatmap
```

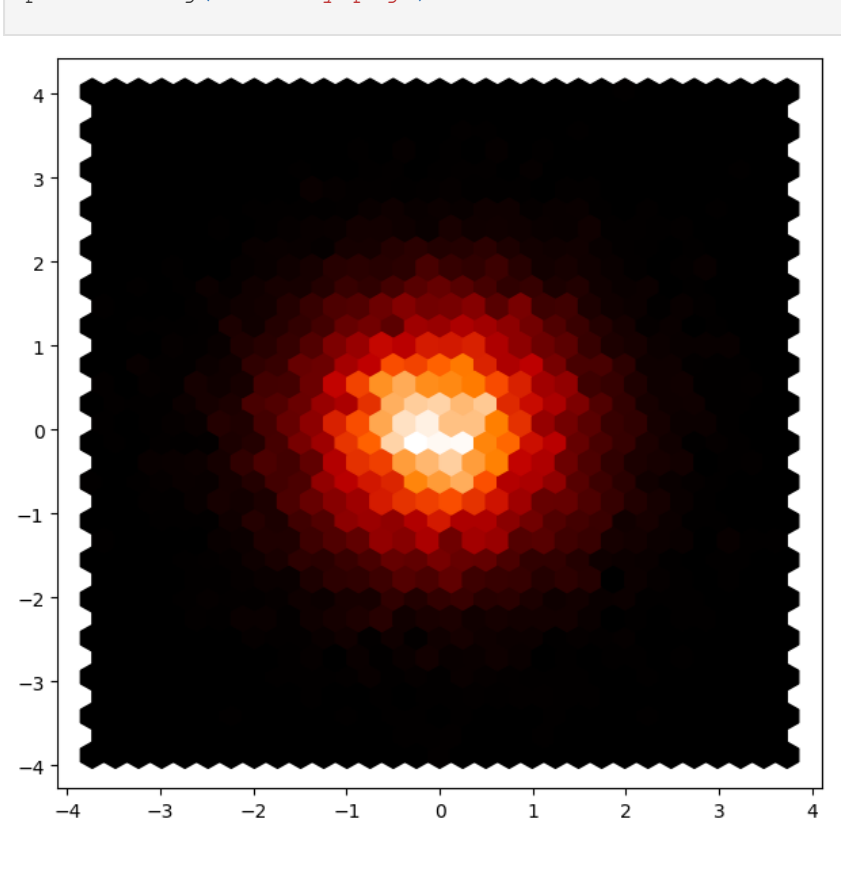
Out[226… 3 rows × 3 columns

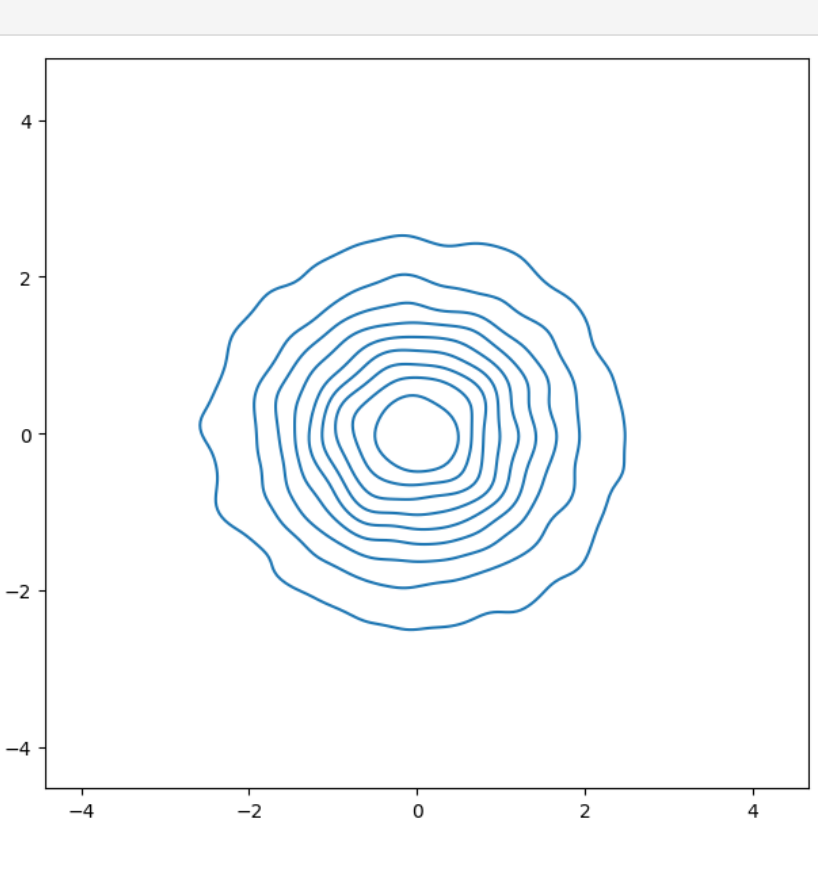
	StoreType	Assortment	State
	Float64	Float64	Float64
1	1.00135	0.54068	1.00135
2	0.54068	1.0009	0.54068
3	1.00135	0.54068	1.00135

1.2. Dois Gráficos de Densidade

Hexagonal Binning relaciona as duas variaveis aleatorias normais em hexágonos, mesma coisa que o Histograma.
Kernel Density Estimate, Análogo análogo ao Hexagonal, porem em densidades com curvas.

In [160…
```
plot_density( 20000, 20000 )
plt.savefig("Density.png")
```





2.0. Capítulo 2

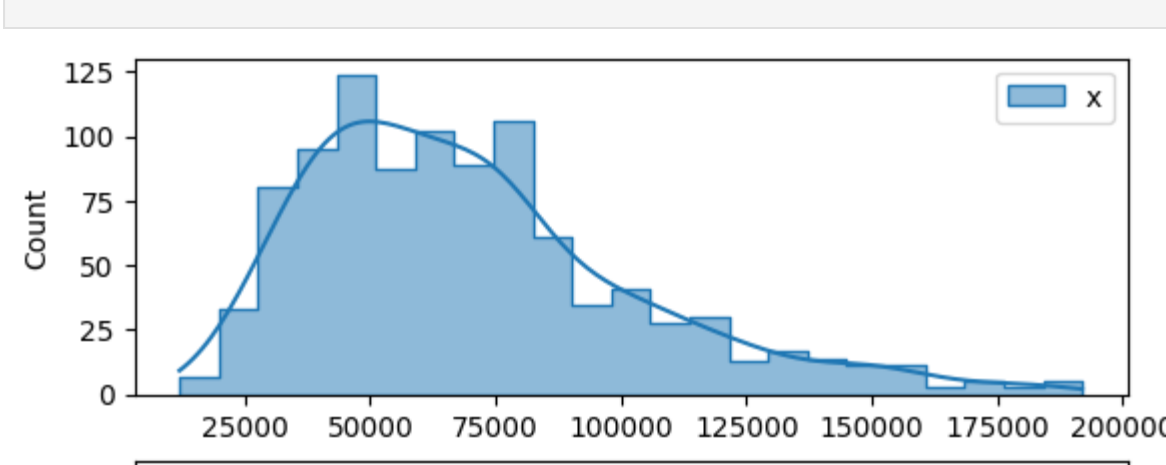
2.1. Distribuição de Amostragem de uma Estatística

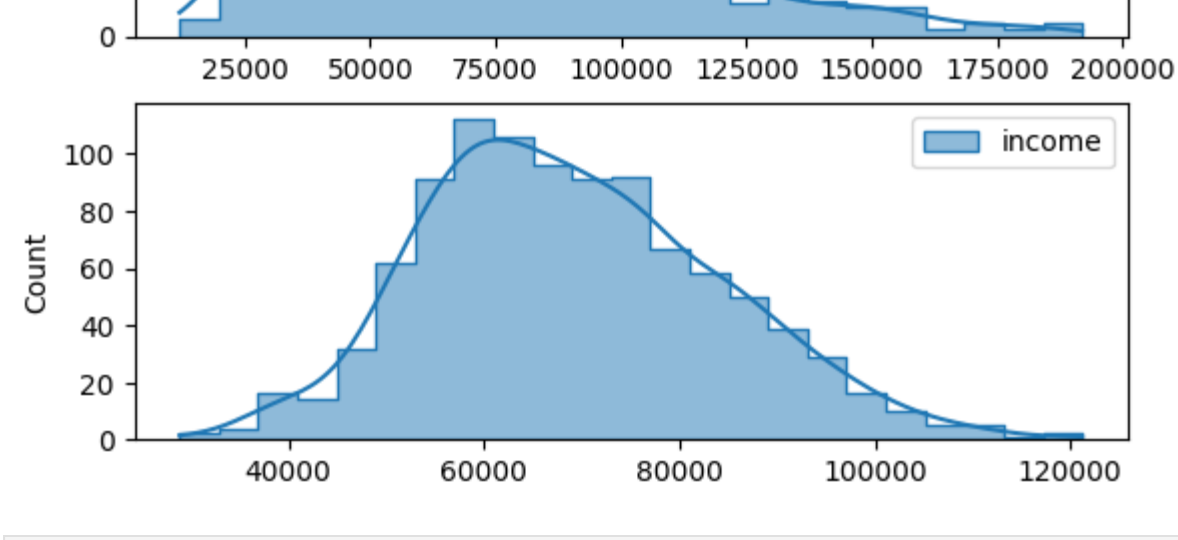
A distribuição de uma estatística amostral como a média costuma ser mais regular e campanular do que a distribuição dos proprios dados quanto maior a amostra em que a estatística se baseia. Além disso, quanto maior a amostra, mais estreita é a distribuição da estatística amostral. "Tende a Normal"...

In [15]:
```
df = pd.read_csv("data/loans_income.csv");
```

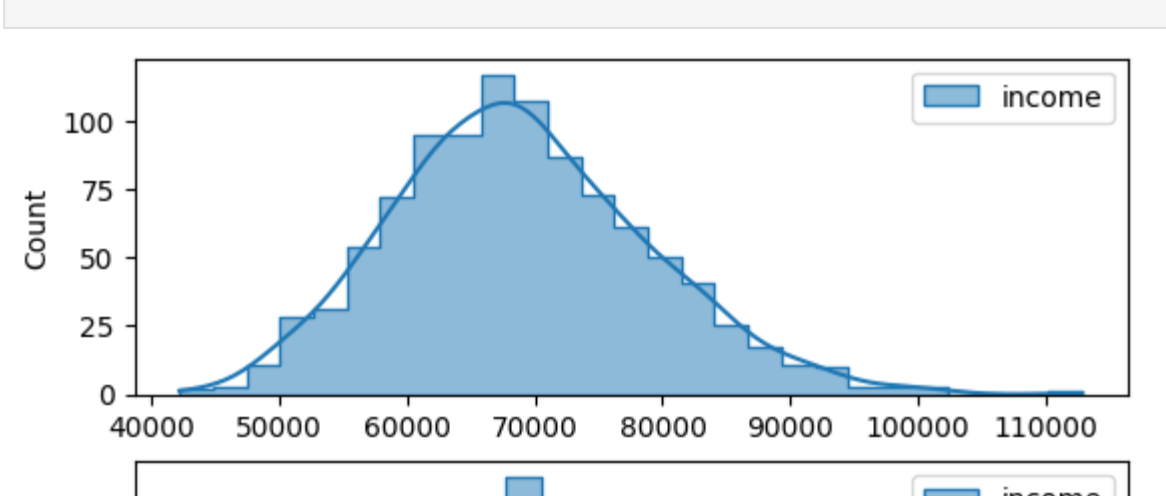
In [16]:
```
sample = df.sample(1000)

sample_of_5 = pd.DataFrame( Dict("income" => [df["x"].sample(5).mean() for _ in 1:1000],
                            "type" => "mean_of_5") )

sample_of_10 = pd.DataFrame( Dict("income" => [df["x"].sample(10).mean() for _ in 1:1000],
                             "type" => "mean_of_10") )

sample_of_20 = pd.DataFrame( Dict("income" => [df["x"].sample(20).mean() for _ in 1:1000],
                             "type" => "mean_of_20") )

result = pd.concat([sample, sample_of_5, sample_of_10, sample_of_20]);
```

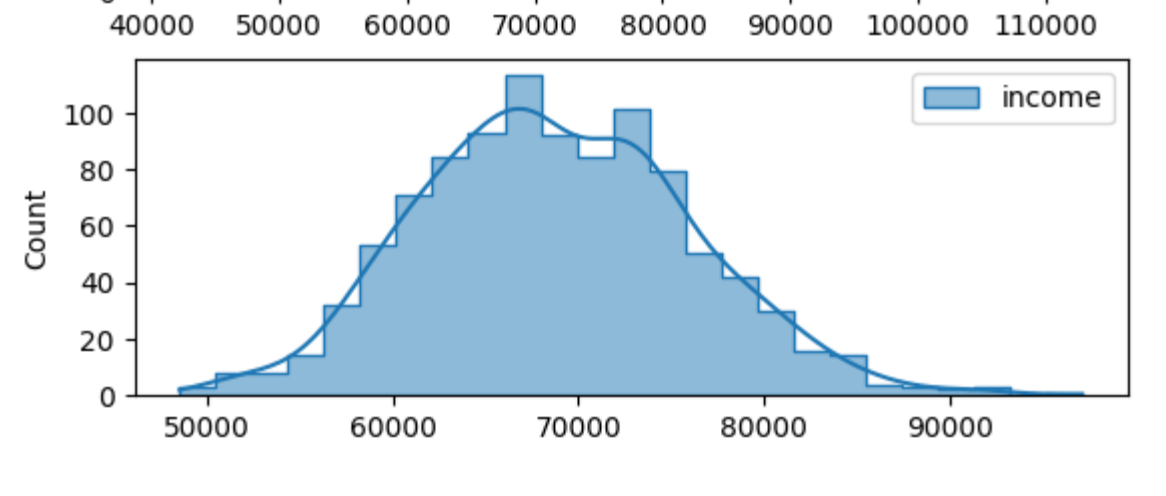
In [21]:
```
plt.subplot(2, 1, 1);
sns.histplot( sample, kde=true, element="step" );

plt.subplot(2, 1, 2);
sns.histplot( sample_of_5, kde=true, element="step" );
```





In [20]:
```
plt.subplot(2, 1, 1);
sns.histplot( sample_of_10, kde=true, element="step" );

plt.subplot(2, 1, 2);
sns.histplot( sample_of_20, kde=true, element="step" );
```





2.2. O Bootstrap

O bootstrap é uma forma eficiente e eficaz de estimar a distribuição amostral de uma estatística ou de parâmetros de modelo.
Conceitualmente pode-se imaginar o Bootstrap como uma replicação da amostra original várias vezes de modo a ter uma população hipotética que representa todo o conhecimento da amostra original só que maior.
Logo amostramos com reposição, dessa forma cria-se efetivamente uma população infinita na qual a probabilidade de um elemento ser extraído continua a mesma de extração por extração.
Com os resultados é possível encontrar um intervalo de confiança.

2.2.1. Sem Bootstrap

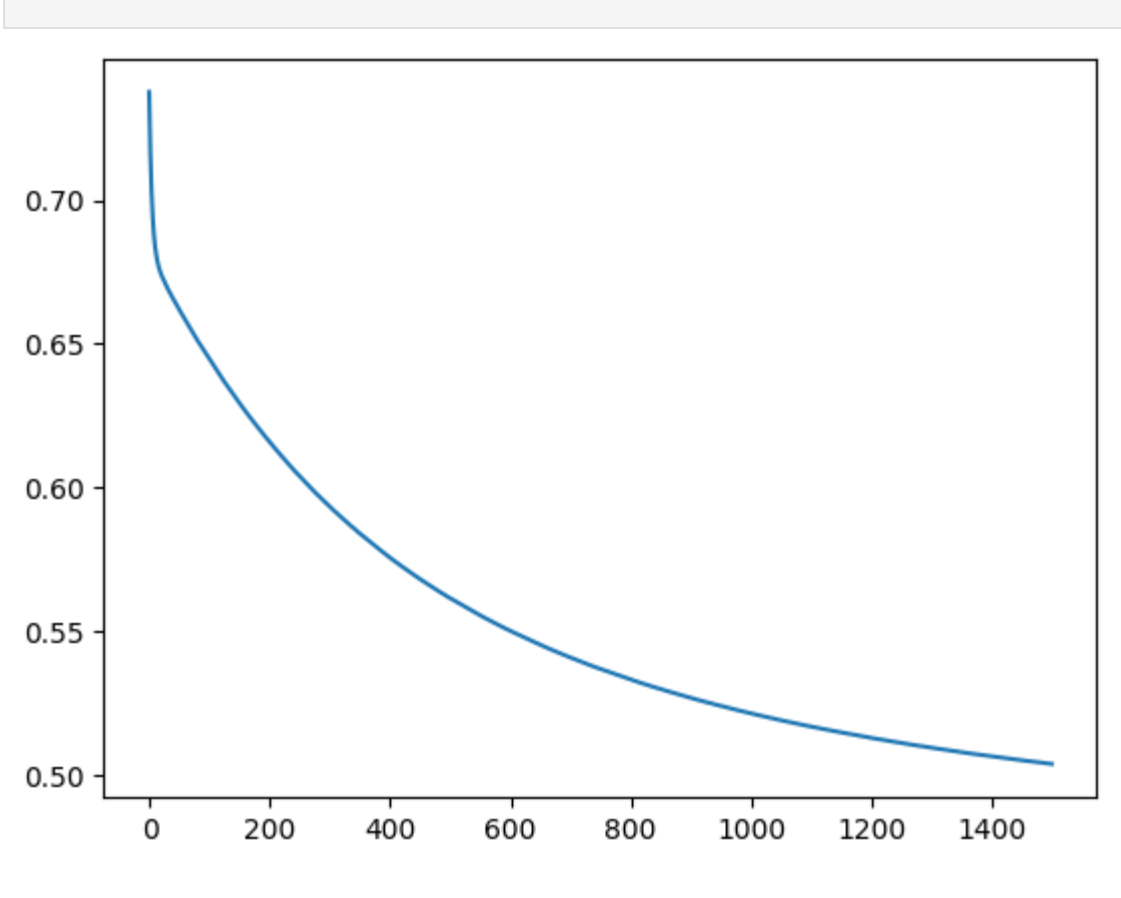
In [24]:
```
# Load and Prepare Dataset
df = DataFrame(CSV.File("data/diabetes.csv"));

x = df[:, 1:8];
x = hcat(x[:, 1], x[:, 2], x[:, 3], x[:, 4], x[:, 5], x[:, 6], x[:, 7]);

y = df[:, 9];

# Transform Variables
mms = prepro.MinMaxScaler()
x = mms.fit_transform( x );

# Split Dataset
x_train, x_test, y_train, y_test = model_selection.train_test_split( x, y, train_size=0.9 );
```

In [21]:
```
# Simple Logistic Regression
model = models.Sequential()
model.add( layers.Dense( 1, activation="sigmoid") )
model.compile( optimizer="sgd", loss="binary_crossentropy", metrics=["accuracy"])
```

In [22]:
```
history = model.fit( x_train, y_train, epochs=2000, verbose=0 );
test = model.evaluate( x_test, y_test );
```

```
3/3 [==============================] - 0s 2ms/step - loss: 0.5010 - accuracy: 0.7143
```

In [117…
```
PyPlot.plot( history.history["loss"] );
```



Conclusão

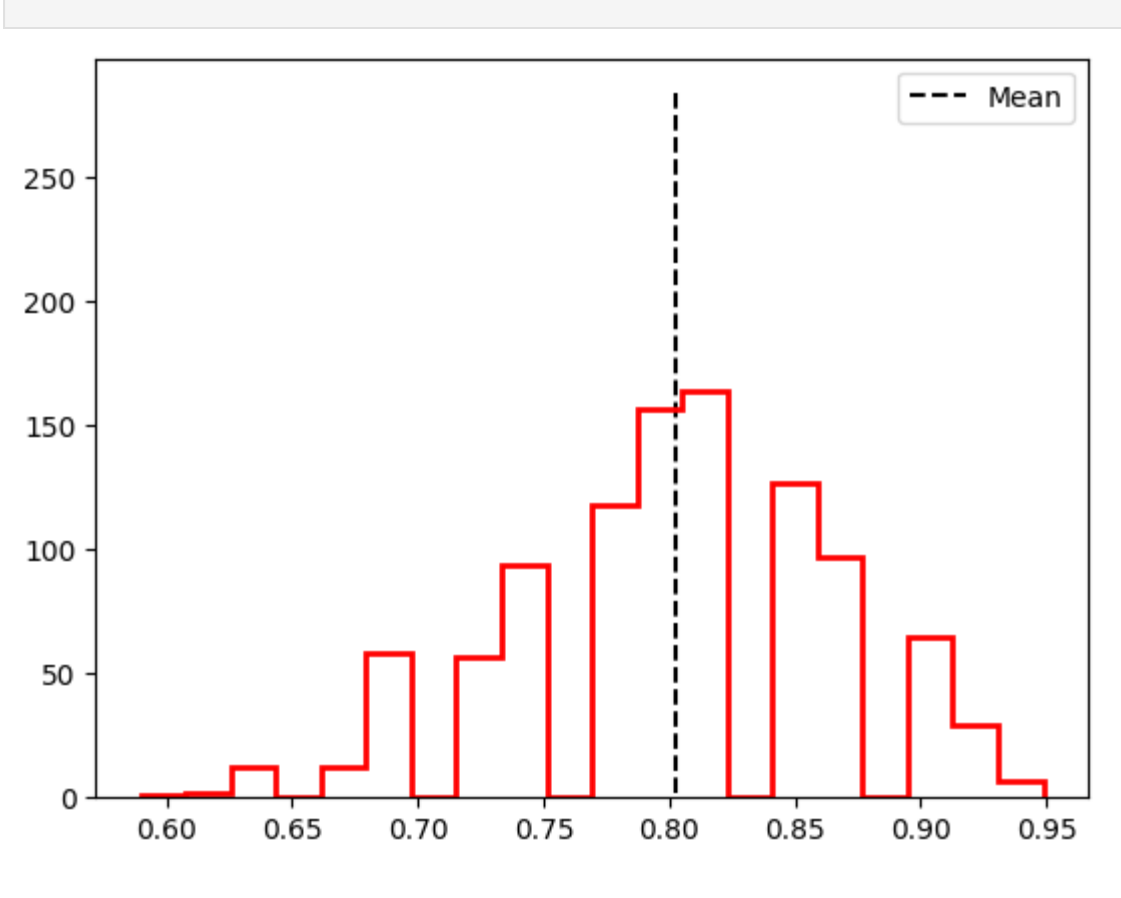
In [116…
```
@printf "Accuracy %.2f%%" maximum(history.history["accuracy"])*100
```

```
Accuracy if 77.71%
```

2.2.1. Com Bootstrap

In [25]:
```
# Configuration of Bootstrap
n_inter = 1000
n_size  = trunc(Int, (768 * 0.5))
stats   = []

# Set Up Data
df = hcat(df[:, 1], df[:, 2], df[:, 3], df[:, 4], df[:, 5], df[:, 6], df[:, 7], df[:, 8], df[:, 9])

for i in 1:n_inter
    sample = utils.resample( df, n_samples=n_size );
    y = sample[:, 9];
    x = sample[:, 1:8];

    x = mms.fit_transform( x );

    # Split Dataset
    x_train, x_test, y_train, y_test = model_selection.train_test_split( x, y, train_size=0.9 );

    model = tree.DecisionTreeClassifier() # Decision Tree, dont NN.
    model.fit( x_train, y_train )

    prediction = model.predict( x_test )
    score = metrics.accuracy_score( y_test, prediction )

    append!(stats, score)
end
```

In [106…
```
plot_bootstrap( stats, "step", "r" )
```



Conclusão

In [110…
```
α = 0.95

p = ((1.0 - α)/2.0)*100
lower = np.percentile(stats, p)*100

p = (α + (1.0 - α)/2.0) *100
max = np.percentile(stats, p)*100

@printf "%.0f%% Confidence Intervals %.2f%% and %.2f%%" α*100 lower max
```

```
95% Confidence Intervals 66.67% and 92.31%
```

2.3. Distribuições

2.3.1 Distribuição Binomial

A distribuição Binomial é, vamos dizer assim uma continuação da distribuição de Bernoulli, onde a distribuição de Bernoulli trabalha somente com duas possibilidades, ou 1 geralmente chamado de evento de sucesso ou 0 de fracasso contendo as probabilidades desses eventos ao lado.

In [17]:
```
bernoulli = pd.DataFrame([["Azul", 0.35], ["Vermelho", 0.65]]);
bernoulli.columns = ["X", "Probabilidade"];
bernoulli
```

Out[17]:

	X	Probabilidade
0	Azul	0.35
1	Vermelho	0.65

Formula da Distribuição Binomial

$$ P(r/n,p) = {{n}\choose{r}} \cdot p^r \cdot (1-p)^{n-r}, onde {{n}\choose{r}} = C_{nk} = \frac{n!}{r! \cdot (n - r)!}$$

- r: Eventos de Interesse.
- n: Repetições.
- p: Probabilidade do Evento.

A média da distribuição binomial é dada pela formula: $n \cdot p$
A variância da distribuição binomial é dada pela formula: $\sqrt{n \cdot p \cdot(1-p)}$

Na formula da distribuição Binomial também pode se trabalhar com um conceito chamado de "Complementar", que nada mais é que uma forma mais rápida para calcular a binomial quando se tem um intervalo de eventos maior que um.
$P(x >= k) = 1 - P(x < k)$
$P(x > k) ~= 1 - P(x <= k)$
$P(x <= k) = 1 - P(x > k)$
$P(x < k) ~= 1 - P(x >= k)$

Por exemplo se você for calcular um **n = 6** para uma possibilidade de, digamos **P(x >= 2)**, você teria que calcular 5 vezes com a fórmula, logo
$P(x=2) + P(x=3) + P(x=4) + P(x=5) + P(x=6)$

Porém, aplicando a regrazinha, inverte-se, logo:
$1 - (P(x=0) + P(x=1))$

In [16]:
```
P(r, n, p) = (factorial(n) / (factorial(r) * factorial(n-r))) * (p^r) * ((1 - p)^(n-r));
```

Qual é a probabilidade de sair 3 caras em 4 jogadas e a probabilidade de cada cara é $\frac{1}{2}$

$$ P(2 / 4,\frac{1}{2}) = 6 \cdot (\frac{1}{2})^2 \cdot (\frac{1}{2})^2 = \frac{6}{16}$$

In [18]:
```
@printf "A probabilidade de sair três caras em quatro jogadas é: %.3f%% " P(2, 4, .5)*100
```

```
A probabilidade de sair três caras em quatro jogadas é: 37.500%
```

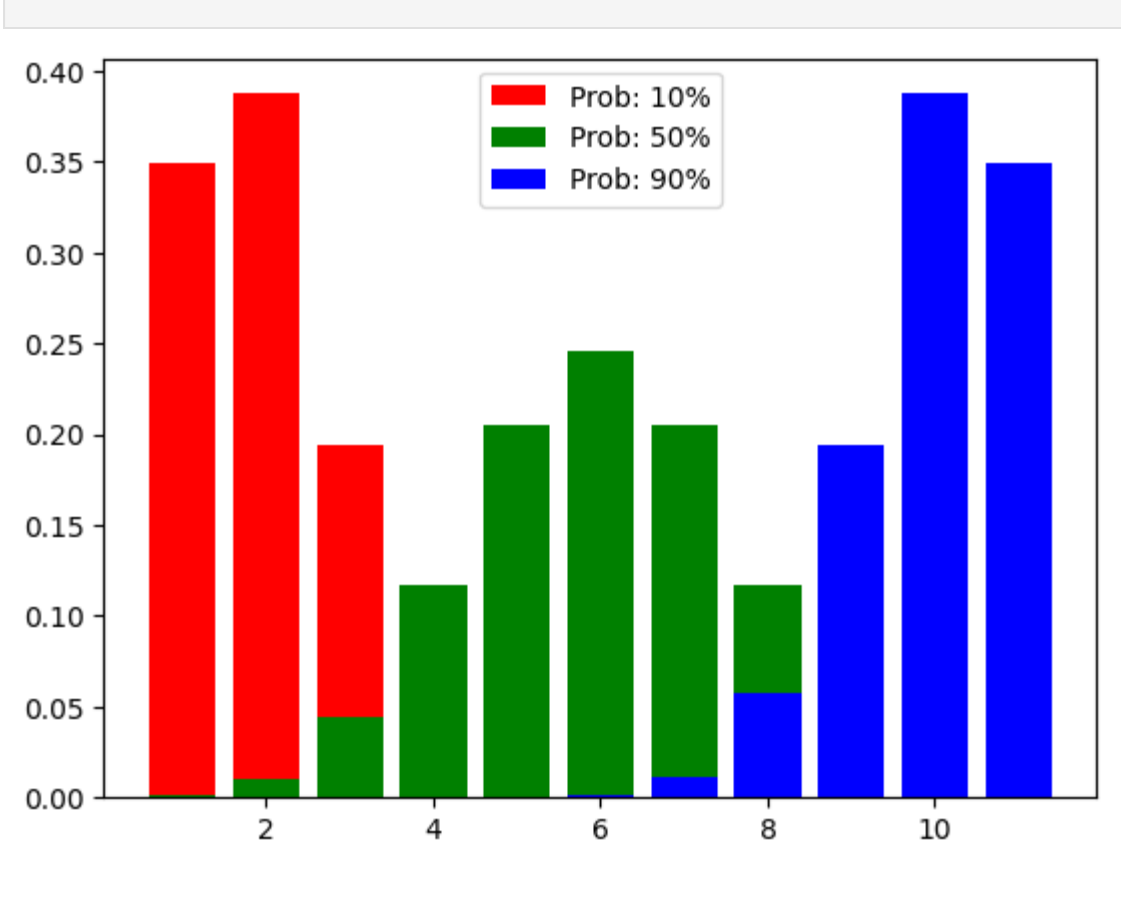
Qual é a chance de 3 pessoas que eu ligar das 10 entrarem em churn sabendo que a probabilidade de uma pessoa em churn na base de dados é 0.15%?

In [19]:
```
@printf "A probabilidade de 3 das 10 pessoas ligadas entrarem em churn é: %.3f%%" P(3, 10, .15)*100
```

```
A probabilidade de 3 das 10 pessoas ligadas entrarem em churn é: 12.983%
```

Confome a probabilidade tende a o equilibrio, ou seja, .5% de cair cara ou coroa, logo a distribuição parece uma Normal.

In [194…
```
plot_three_bn( [0.1, 0.5, 0.9], ["r", "g", "b"], ["Prob: 10%", "Prob: 50%", "Prob: 90%"] )
plt.savefig("Binomial.png")
```



2.3.2 Distribuição de Poisson

Alta concentração de eventos próximos ao eixo y, uma das principais características é que não tem repetições como na distribuição binomial trabalha em um intervalo continuo.
Ex: Em um estudo de chuva ou cliques em um site, no exemplo da chuva, qual é a chance de uma chuva, só que não existe o evento "não chuva" entre duas chuvas.

Imagine um intervalo, que começa e 0 até uma variável W por exemplo. E eu divido em **n** intervalos muito pequenos, onde n tende ao infinito., logo a probabilidade está tendendo a 0 pois existem n intervalinhos, com essa quantidade de intervalos, virou uma binomial, ou seja, choveu ou não por exemplo.

$$P(r/\frac{\lambda}{r}, n) = \lim_{n\to\infty} (\frac{\lambda}{n})^r . (1-\frac{\lambda}{n})^{n-r}. \frac{n!}{r!(n-r)!}$$
Distribuição de Poisson, logo λ (Quantidade de Chuva) = p * n, então p = $\frac{\lambda}{n}$. No Limite que n tende ao infinito, o produto de **n** e **r** não vai mudar pois **r** sempre vai ficar menor e **n** sempre vai ficando maior.

$$P(r/\lambda)= \frac{e^{-\lambda} \cdot \lambda^{r} }{r!}$$
A média e a variância da distribuição binomial é dada pelo: λ
E o Desvio Padrão é $\sqrt{\lambda}$

In [11]:
```
P(λ, r) = np.e^-λ * λ^r / np.math.factorial(r);
```

Dado que eu esperava em média 35 carros entrando no shopping, qual a probabilidade de aparecer 20?

In [15]:
```
@printf "A probabilidade de somente uma chuva no mês é de: %.3f%%" P(35, 20)*100
```

```
A probabilidade de somente uma chuva no mês é de: -0.000%
```

In [140…
```
# Julia tem problema com elevar x a o espoente y
function f(x, y)
    [x*=x for _ in 1:y]
end
f(35, 20)
```

Out[140…
```
20-element Vector{Int64}:
                  1225
               1500625
         2251875390625
  6616016035436858689
  7865930784382691969
 -4822766768660441855
 -1652024524321314303
   450275795304469505
 -6392656039275616255
  7551947002216534017
  3654036140188672001
  8358544585278177281
  4785494631104806913
 -2679742982427181055
  2893676706708193281
  8010019347241369601
   -48246705104617471
 -5786811055723249663
 -8394158839848501247
   541221425122377729
```

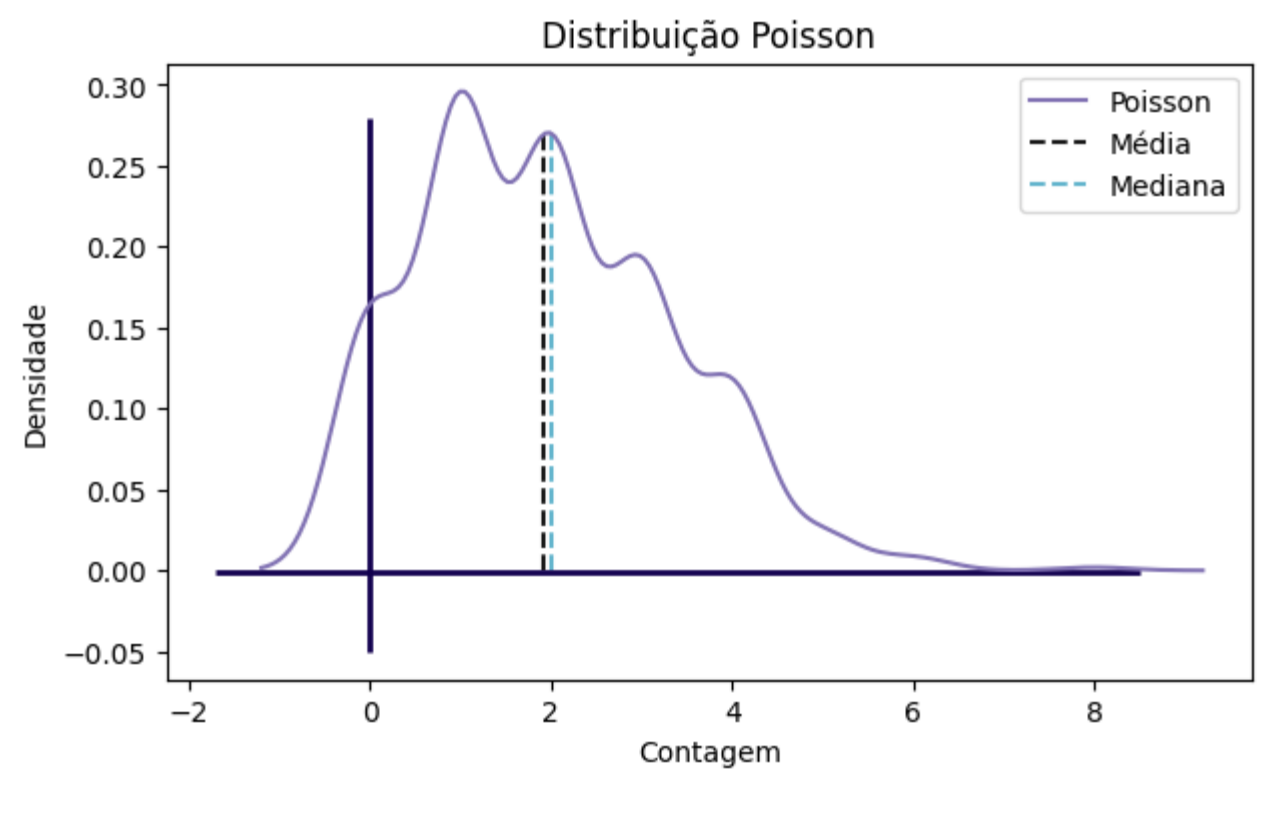
Logo em Python, aplicando a mesma função irá retornar a probabilidade de 0.0019

In [14]:
```
@printf "A probabilidade de somente uma chuva no mês é de: %.3f%%" P(5, 1)*100
```

```
A probabilidade de somente uma chuva no mês é de: 3.369%
```

In [895…
```
x = ss.poisson.rvs(2, size=500);
```

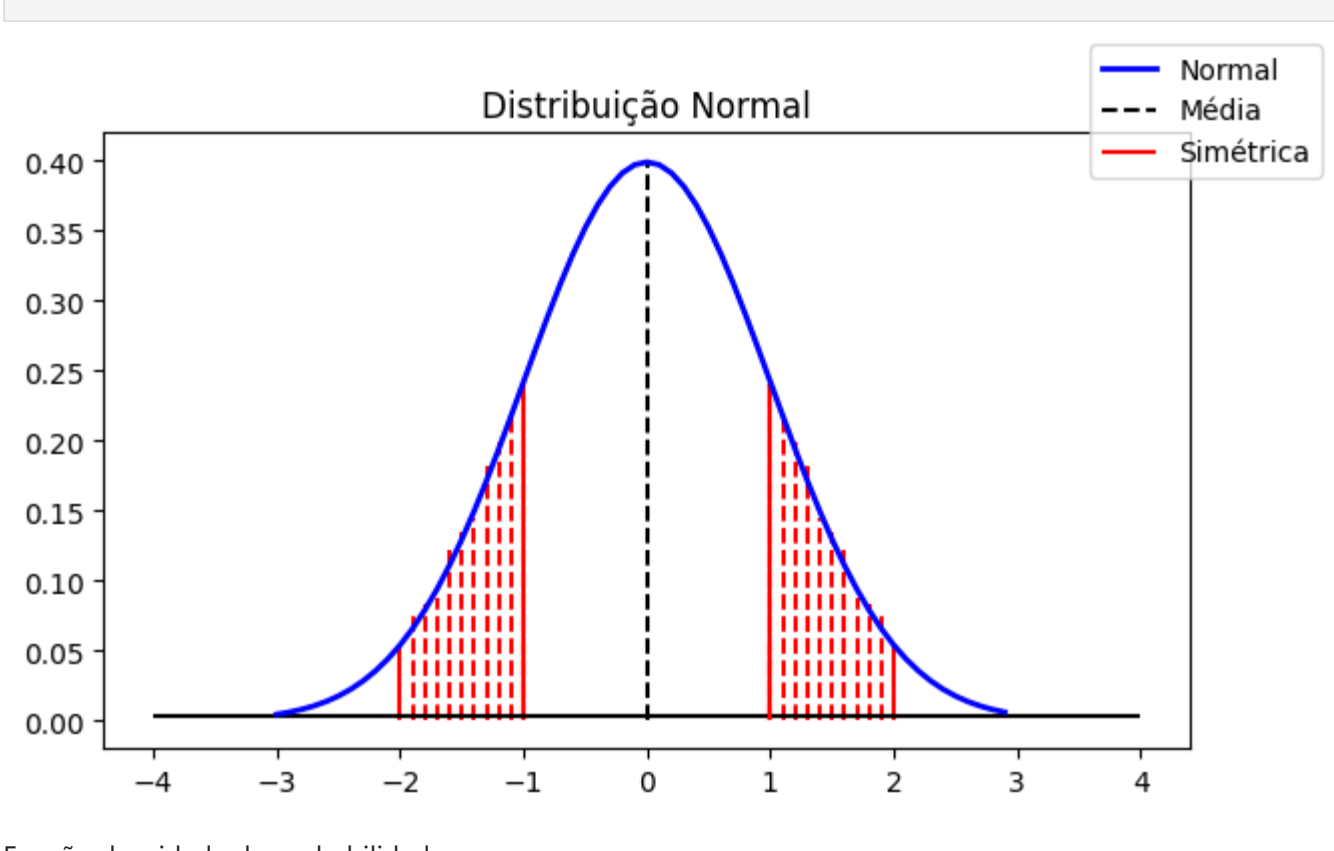
In [896…
```
plot_poisson( x, "m" )
```



2.3.5 Distribuição Normal

A distribuição Normal e simétrica a média e as outras distribuições são geralmente moldadas de forma normal. Em uma distribuição normal 68% dos dados ficam dentro de um desvio-padrão da média e 90% dos dados em dois desvios-padrões.
A diferença entre a distribuição normal das outras distribuições (binomial e poisson) é que na noção de distribuição discreta e continua, ambas são distribuições discretas pois as possibilidades dos eventos eram discretos, agora x pode assumir uma probabilidade, logo a função é chamada de densidade de probabilidade.
Onde para calcular a área em baixo da curva usa-se a ferramenta de Integral. $\int_{0}^{1}f(x) \,dx$
Ou utiliza a tabela da normal.
Na Integral, o primeiro valor de baixo (0) é o primeiro valor da esquerda para direita na distribuição, e o valor de cima (1) é justamente até aonde vai a área.

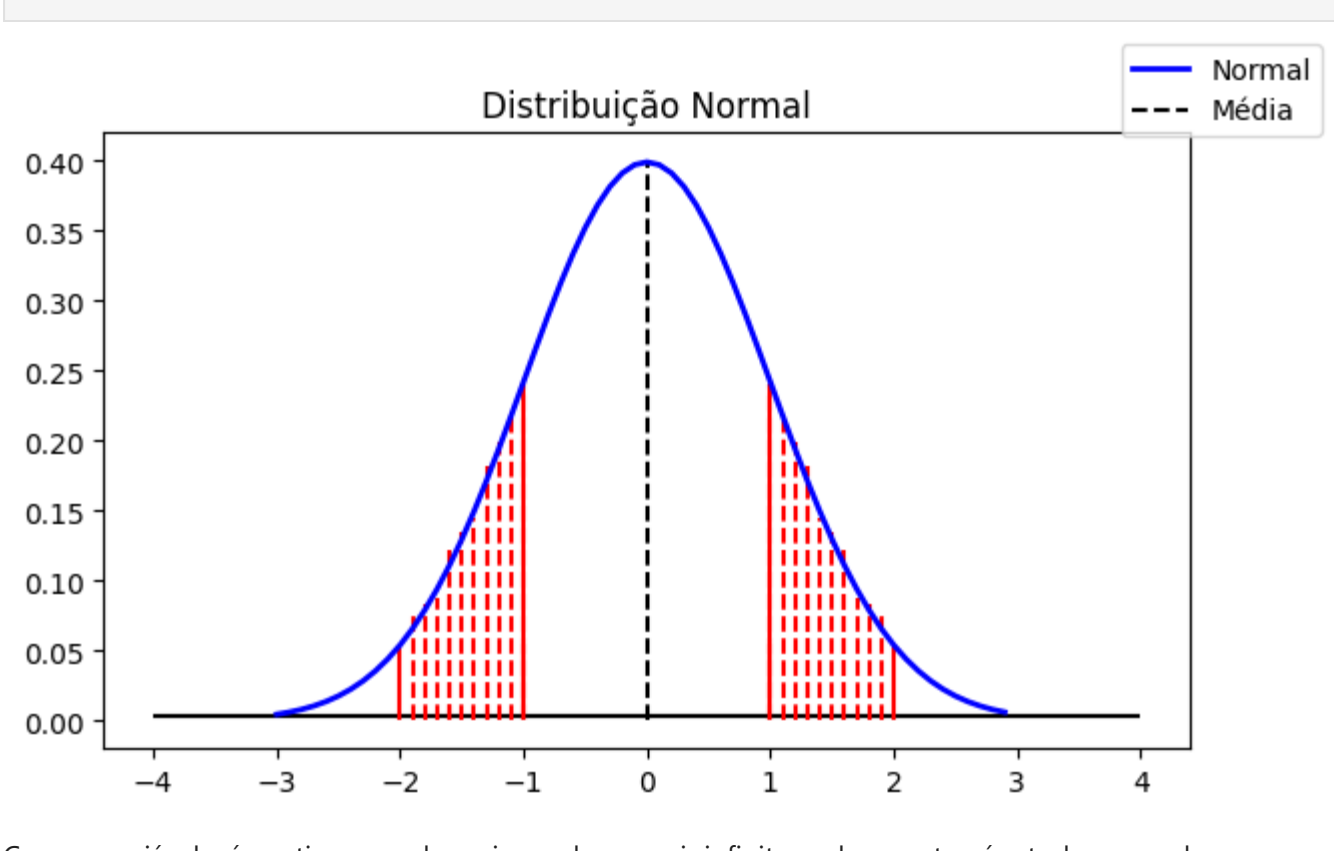
In [97]:
```
range = np.arange(-3, 3, 0.1)
plot_normal( range, true )
```



Função densidade de probabilidade

$$f(x) = \frac{1}{\sqrt{2 \pi}\sigma} \cdot e^{\frac{-(x-\bar{x})^2}{2 \sigma^2}}$$

In [290…
```
plot_normal( range, true );
```



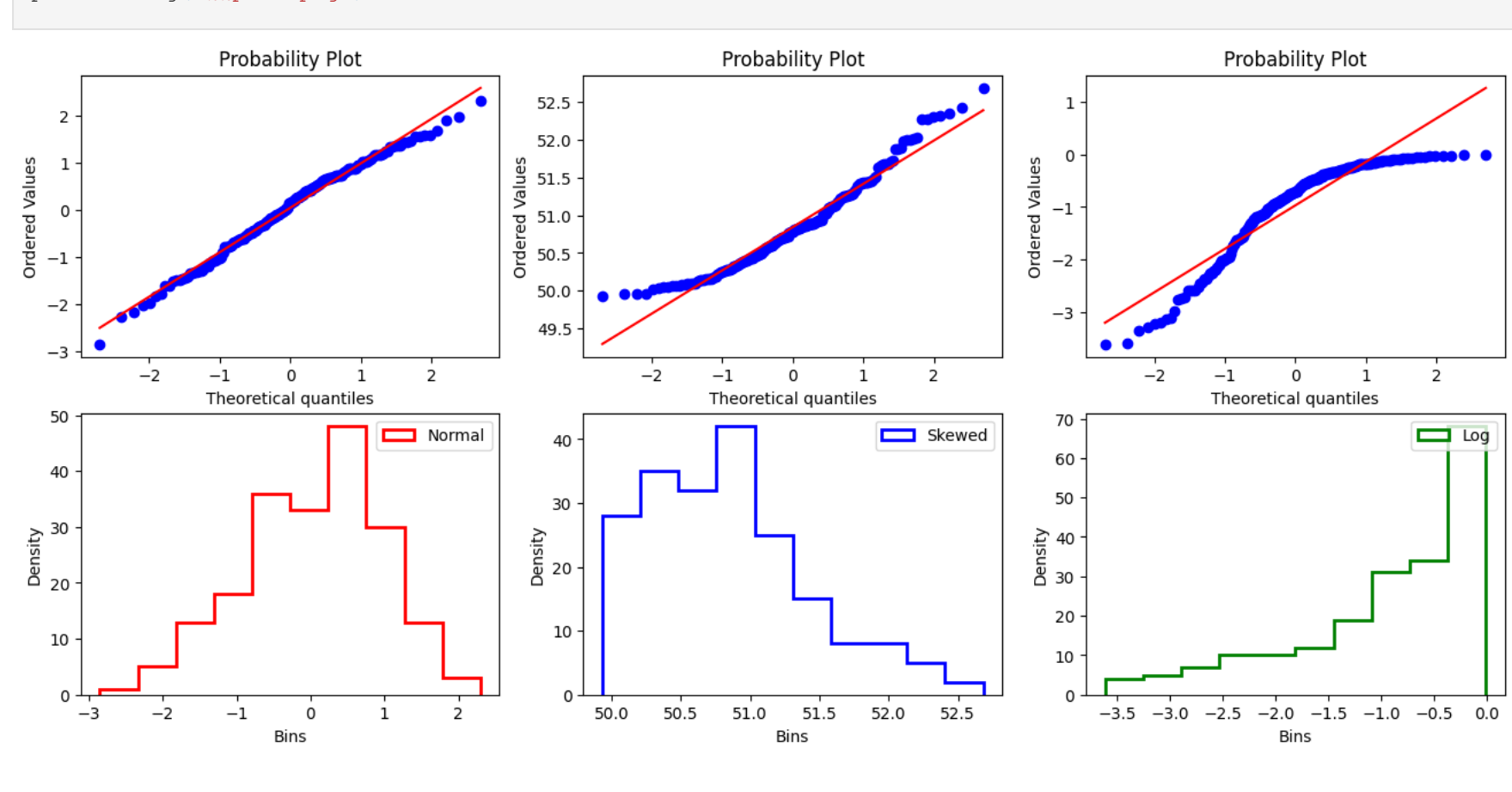
Como a variável x é continua, sendo assim pode assumir infinitos valores, e tamém toda a area da curva gaussiana é 1*.
Logo para calcular a área entre 1 e 2 da normal:

$$P = \int_{1}^{2}\frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} \cdot e^{\frac{-(x-\bar{x})^2}{2 \sigma^2}}\,dx$$

2.3.6. QQ Plot

QQ plot nada mais é que um plot para visualizar como está o shape da distribuição, se tem skewness ou kurtosis.
Skewness: Geralmente se fala em Skewness quando a distribuição está tombada para algum dos lados, uma Skewness **positiva** significa que a distribuição está mais deslocada para a esquerda, e uma skewness **negativa** quando está mais deslocada a direita, o exemplo na imagem da distribuição exponencial abaixo.
Kurtosis: Mede o quanto a distribuição está esticada para cima ou com formação de longas caldas, quando mais pontuda, maior a kurtosis e quando mais normal, menor a kurtosis, o exemplo é a distribuição exponencial que tem uma certa kurtosis positiva.

In [161…
```
# Existe um pacote chamado Plots que faz a mesma função de plotar o QQ Plot.
x = np.random.randn(200);
y = [log(abs(p)) for p in np.random.random(200)];
z = ss.skewnorm.rvs(a=10, loc=50, size=200)

plot_qq(x, y, z, "step")
plt.savefig("QQplot.png")
```



2.3.7. Normalização

A normalização é um conceito utilizado principalmente para treinar modelos de machine learning que consiste em movimentar a distribuição para o centro com média 0, resumidamente subtrair a média de todos os dados.
Se reparar nos gráficos da distribuição normal, logo a média já está no 0.
Se eu somar a média da distribuição em toda a distribuição ela vai ser deslocada para direita, se subtrair ela é deslocada a esquerda.
E quando se divide por σ, logo a média e 0 e a dispersão é 1.

Quando esta normalizada é possível utilizar a tabela da normal padrão paara calcular a área em baixo da curva.
Exemplo, dado uma média de 200 e desvio padrão de 4, qual é a $P(x>210)$?

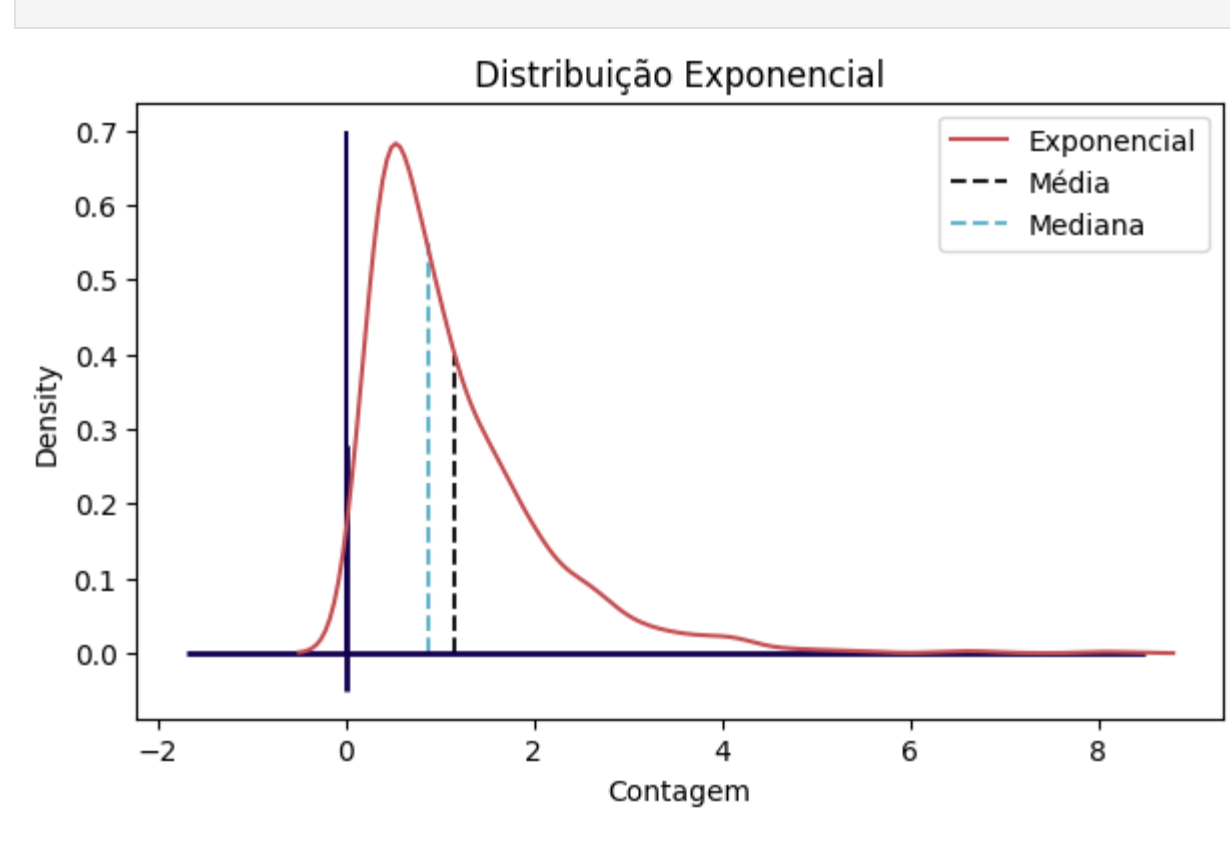
- 1° Passo, calcular o Z, que nada mais é que subtrair a média e dividir pelo desvio padrão.
  Ou seja $z = \frac{210 - 200}{4} = 2.5$, esse é o resultado que deve ser encontrado a área, para isso so checara tabela, onde são 2,5 os dois primeiros números e 0 o terceito número, o resultado vai ser 0.4938
- 2° Passo, Realizar a seguinte expressão $(.5 - .4938) \cdot 100$
  Subtrair pela metade da distribuição normal o resultado para pegar somente a probabilidade de ser maior que 210, e multiplicar por 100 para deixar em porcentagem, logo o resultado final é: 0.62%.

2.3.8 Distribuição Exponencial

Usa o mesmo parâmetro λ da distribuição de Poisson, esse parâmetro permanece constante ao longo do período sendo considerado.
É utilizado na engenharia para modelar falhas , tempo de visitas de sites, etc.

In [870…
```
x = ss.expon.rvs( 0.2, size=1000);
```

In [871…
```
plot_exp(x, "r")
```



2.3.9 Distribuição Weibull

É uma extensão da distribuição Exponencial, na qual a taxa de evento pode mudar de acordo ocm um "parâmetro de forma" β
Se β > 1, a probabilidade de um evento aumenta com o tempo.
Se β < 1, a probabilidade de um evento diminui com o tempo.
Quando o α da distribuição de Weibull é 1, retorná a distribuição exponencial.
Sendo assim, pode ser utilizada na análise de sobrevivência & confiabilidade, e sua função é:

Comulativa: $$f(x, \alpha, \beta) = 1 - e^{-(\frac{x}{\beta})^\alpha}$$

Densidade de Probabilidade: $$f(x, \alpha, \beta) = \frac{\alpha}{\beta^{\alpha}} \cdot x^{a -1}\cdot e^{-(\frac{x}{\beta})^{\alpha}} $$

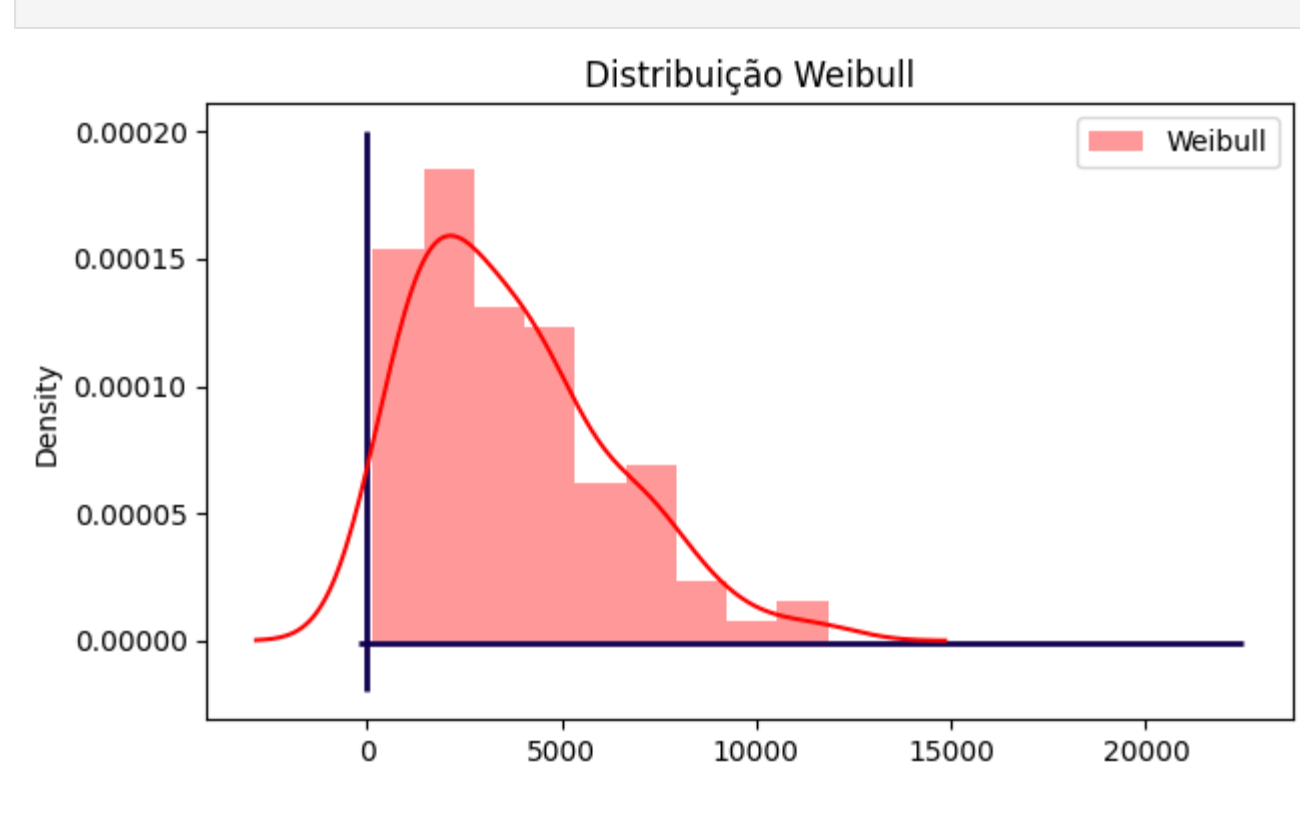
In [276…
```
f(x, a, b) = (a / (b^a)) * (x^(a-1)) * ℯ^(-(x/b)^a)
f(3, 3, 3)
```

Out[276…
```
0.36787944117144233
```

In [275…
```
20^30 # não é possivel utilizar numéros grandes pois o mesmo problema.
```

Out[275…
```
-8070450532247928832
```

In [86]:
```
x = ss.weibull_min.rvs(1.5, scale=5000, size=100)
plot_wei(x, "r")
```



3.0. Capítulo 3

3.1. Teste de Hipóteses

Os testes de hipóteses são um dos pilares da estatística, o objetivo desses testes são rejeitar ou confirmar hipóteses, os testes de hipóteses também são chamados de testes de significância, em outras palavras, nos permite rejeitar ou não uma hipótese estatística com base nos resultados de uma amostra. Os testes de hipóteses são importantes pois dado a tendência humana em reagir a eventos incomuns e interpretá-los como algo significativo e real, em experimentos requer provas de que esses eventos são realmente diferentes e não eventos aleatórios.

- **Hipótese Nula**: Nada mais é que o esperado, ou seja, o que já está acontecendo, o comum.
- **Hipótese Alternativa**: O fenômeno que está sendo analisado, o contraponto da hipótese nula.
- **Teste Unilateral**: Ou também chamado de teste Unicaldal, onde as possibilidades estão em uma direção.
- **Teste Bilateral**: Ou também chamado de teste Bicaldal, onde as possibilidades estão em duas direções.
- **Nível de Significância**: É a probabilidade máxima permissível para cometer um erro de tipo I, em outras palavras é o limite para aceitar ou rejeitar a hipótese, esses limites estão entre (1%, 5% e 10%), também chamado de α.
- **P-Valor**: Trabalha junto com o Nível de Significância e com a Ho sendo verdadeira, nada mais é que o valor para concluir o teste de hipótese, logo ele evidência que:
  - Se o p-valor for menor ou igual ao nível de significância, rejeita-se a Hipótese Nula, pois realmente surtiu efeito o teste.
  - Se o p-valor for maior que o α, aceita a Hipótese Nula, por não ter evidências o suficiente para aceitar a Hipótese Alternativa.
- **Teste Estatístico**: Uma operação com dois grupos, ex subtrair a média de dois grupos.

In [3]:
```
df = DataFrame(CSV.File("data/web_page_data.csv"));
```

In [50]:
```
mean_page_a = np.mean(df[df.Page .== "Page A", 2])
mean_page_b = np.mean(df[df.Page .== "Page B", 2])

@printf "Diferença do tempo de sessão entre a página A e B: %.2f%%" (mean_page_b - mean_page_a)*100
```

```
Diferença do tempo de sessão entre a página A e B: 35.67%
```

Agora a pergunta é: **Esse tempo foi gerado pelo acaso ou pela característica da página?**

Existem várias ferramentas para validar hipóteses, como o teste de permutação, teste t...

$$H_o: \text{A média do tempo de sessão para a página A é maior ou igual que a B}$$$$H_a: \text{A média do tempo de sessão para a página A é menor que a B}$$$$\alpha = .05$$

3.1. Reamostragem

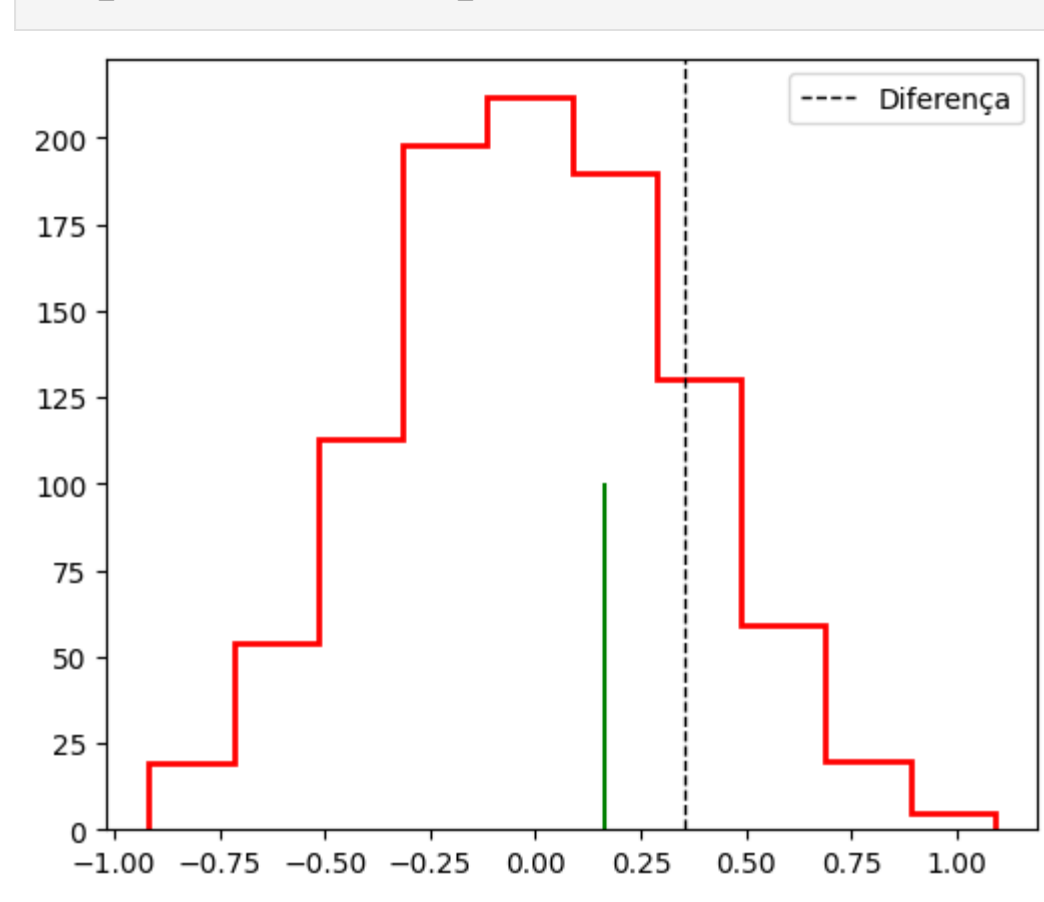
3.1.1. Teste de Permutação em tempos de sessão.

O teste de permutação nada mais é que um teste para verificar se tem realmente um significado estatístico.

- 1. Separar o grupo de controle e o grupo de tratamento, o de tratamento que vai ser o grupo que irá receber o teste.
- 1. Depois do teste, calcular alguma estatística, exemplo a média da diferença dos dois grupos.
- 1. Juntar em uma base de dados o grupo de controle e o grupo de tratamento.
- 1. Amostragem aleatória de diferentes indivíduos dessa base de dados e calcular a mesma estatística e armazenar o resultado.
- 1. Montar uma distribuição com os resultados.
- 1. Calcula a quantidade de vezes que os valores maior que a média sairam durante o processo de amostragem e divide pela quantidade de vezes que foi realizado a amostragem, logo esse é o p-valor, o valor da aleatoriedade na escolha dos grupos.

In [219…
```
diff = [permutation( df.Time, 21, 15 ) for _ in 1:1000];
p_valor = py"test"(diff, diff_mean);
```

In [246…
```
plot_permutation(diff, diff_mean, "k", "g");
```



In [302…
```
@printf "Logo a quantidade de vezes que excedeu o limite foi de %.2f%%\nEntão aceita a Ho." p_valor*100
```

```
Logo a quantidade de vezes que excedeu o limite foi de 15.70%
Então aceita a Ho.
```

3.1.2. Teste de permutação em taxas de conversão.

Nesse exemplo existe +20000 visualizações de um determinado preço e foi mensurado a quantidade de cliques em ambos os preços.

In [118…
```
DataFrame(Dict("Resultado" => ["Preço A", "Preço B"], "Cliques" => [200, 182], "No Cliques" => [23539, 22406]))
```

Out[118… 2 rows × 3 columns

	Cliques	No Cliques	Resultado
	Int64	Int64	String
1	200	23539	Preço A
2	182	22406	Preço B

In [122…
```
obs_diff = ((200/(23539+200)) - (182/(22406+182)))*100
@printf "A diferença do Preço A e do Preço B é: %.3f%%" obs_diff
```

```
A diferença do Preço A e do Preço B é: 0.037%
```

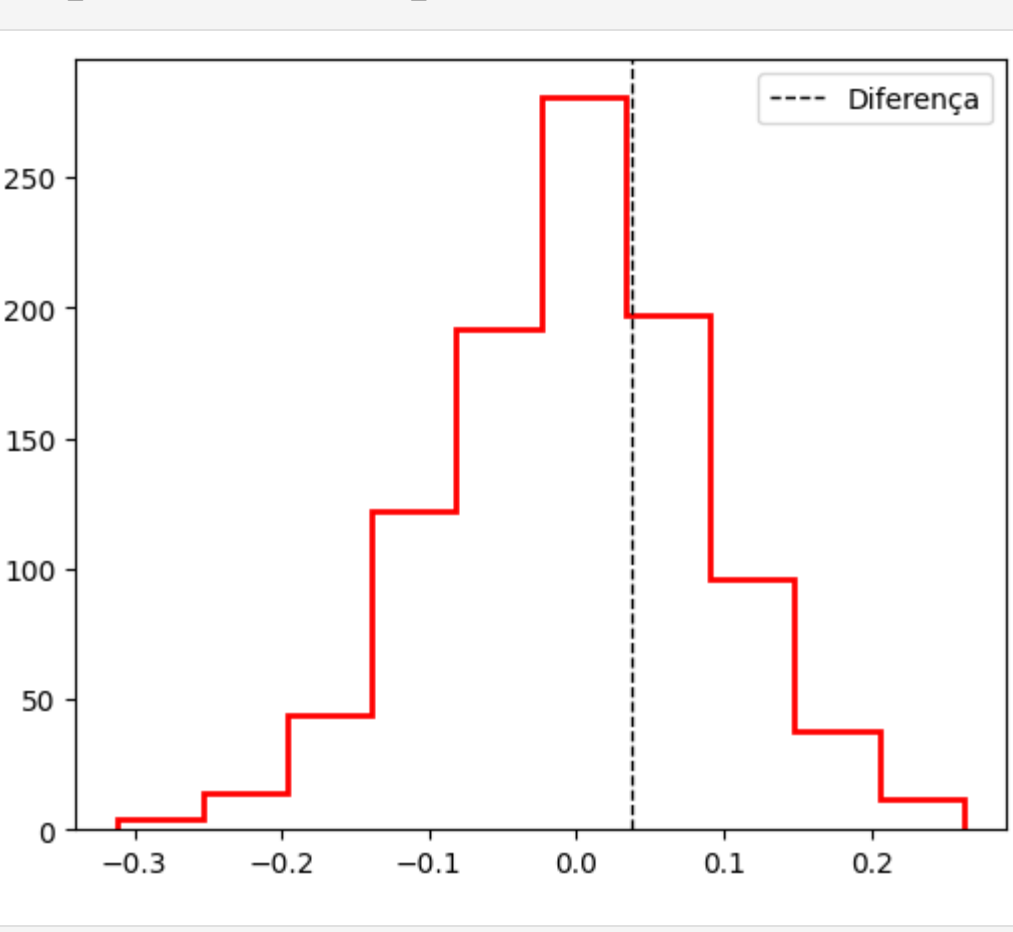
$$H_o: \text{Não há diferença entre as taxas de A e B}$$$$H_a: \text{A conversão da taxa A é diferente em relação a taxa B}$$$$\alpha = .05$$

Uma das formas de responder essa pergunta é realizando um teste de permutação.

- Crie um vetor com todos os dados, ou seja, 45945 vezes foram realizados 0 cliques, logo um vetor com 45945 zeros, e um vetor com 382 que tiveram 1 clique, logo esse vetor vai ter um tamanho de 46327, contendo o total de zeros e o total de 1 cliques.
- Realize o teste de permutação n vezes.

In [228…
```
a = append!(vec(zeros(1, (45945))), vec(ones(1, 382)));
per = [(permutation( a, 23739, 22588 )*100) for _ in 1:1_000 ];
```

In [293…
```
plot_permutation( per, obs_diff, "k", "r" );
```



In [304…
```
p_valor = py"test"(per, obs_diff);
```

In [308…
```
@printf "Em relação aos preços, com uma significância de 0.05, o p-valor foi: %.2f%%\nEntão aceita a Ho." p_val
```

```
Em relação aos preços, com uma significância de 0.05, o p-valor foi: 32.60%
Então aceita a Ho.
```

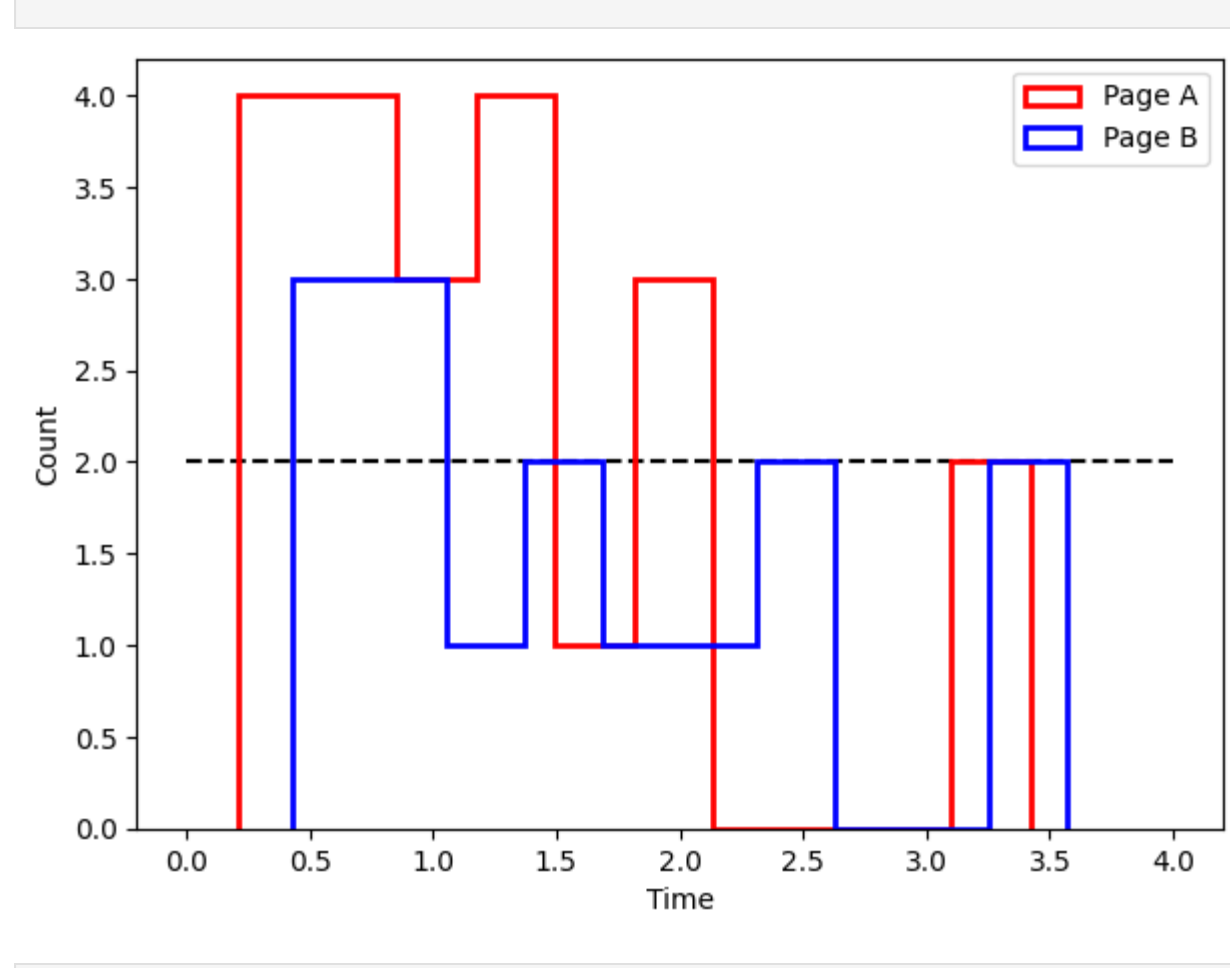
In [314…
```
# Outras formas
chi2, p_value, df, _ = ss.chi2_contingency([[200, 23739 - 200], [182, 22588 - 182]])
@printf "Chi2: %.2f\nP-Value: %.2f" chi2 p_value
```

```
Chi2: 0.15
P-Value: 0.70
```

3.2. Teste T de Student

O teste T de Student nada mais é que um teste de comparação de dois grupos em relação a sua média.
Nas quais os dados são numéricos, mas para que seja utilizado é necessário usar uma forma padronizada de estatística de teste.

In [5]:
```
plot_page_diff()
```



In [43]:
```
list = ["less", "two-sided"]
mean_a = np.mean( df[df.Page .== "Page A", 2] )
mean_b = np.mean( df[df.Page .== "Page B", 2] )
std_a = np.std( df[df.Page .== "Page A", 2] )
std_b = np.std( df[df.Page .== "Page B", 2] )
n1 = length(df[df.Page .== "Page A", 2])
n2 = length(df[df.Page .== "Page B", 2])

for i in list
    t_test = ss.ttest_ind( df[df.Page .== "Page A", 2], df[df.Page .== "Page B", 2], equal_var=false, alternati
    if i == "less"
        @printf "P-Value One Sided %.3f\n" t_test[2]
        @printf "T-Statistic: %.3f\n" t_test[1]
    else
        @printf "\nP-Value Two Sided %.3f\n" t_test[2]
        @printf "T-Statistic: %.3f\n" t_test[1]
    end
end
```

```
P-Value One Sided 0.141
T-Statistic: -1.098

P-Value Two Sided 0.282
T-Statistic: -1.098
```

In [189…
```
gl = glass_delt( mean_a, mean_b, std_a )
r  = pearson_r( t_test[1], 34 )
d  = cohen_d( mean_a, mean_b, std_a, std_b )
g  = hedge_g( d, n1, n2 )

@printf "Glass Δ: %.4f" gl
@printf "\nPearson ρ: %.4f" r
@printf "\nCohen's d: %.4f" d
@printf "\nHedge's g: %.4f" g
```

```
Glass Δ: -0.4131
Pearson ρ: 0.1851
Cohen's d: -0.3869
Hedge's g: -0.3761
```

- Glass Δ: É a diferença média entre os dois grupos dividido pelo desvio padrão do grupo controle.
- Pearson ρ: Pearson / Rosenthal serve para calcular a correlação utilizando o P Value e os Graus de Liberdade.
- Cohen's d: Diferença das médias, é uma formula do "tamanho do efeito", que resumidamente mede o tamanho das associações entre as variáveis ou da diferença entre as médias dos grupos.
- Hedge's g: Correção do D de Cohen.

Glass: $gl = \frac{\bar{x}_1 + \bar{x}_2}{Sd_1}$

Pearson: $r = \sqrt{\frac{t^{2}}{t^{2} + df}}$

Cohen's d: $d = \frac{\bar{x}_1 - \bar{x}_2}{\sqrt{\frac{sd_1^{2} - sd_2^{2}}{2}}}$

Hedge's g: $g = d \cdot 1 - \frac{3}{4 \cdot (n_1 + n_2 - 9)} $

In [ ]:

x.0. Referências

PETER BRUCE & ANDREW BRUCE **Estatística prática para cientistas de dados: 50 conceitos essenciais**.
Link: https://www.amazon.com.br/Estat%C3%ADstica-Pr%C3%A1tica-Para-Cientistas-Dados/dp/855080603X

DAVID MATOS **8 Conceitos Estatísticos Fundamentais Para Data Science**.
Link: https://www.cienciaedados.com/8-conceitos-estatisticos-fundamentais-para-data-science/

IGOR SOARES **Correlação não implica em Causalidade**.
Link: https://medium.com/@felipemaiapolo/correla%C3%A7%C3%A3o-n%C3%A3o-implica-em-causalidade-8459179ad1bc.

annahaensch **Número de Casos de Divórcio em Maine**
Link: https://blogs.ams.org/blogonmathblogs/2017/04/10/divorce-and-margarine/

Wikipédia **Cramer's_V**
Link: https://en.wikipedia.org/wiki/Cram%C3%A9r%27s_V

BURKEYACADEMY **What are Skewness and Kurtosis?**
Link: https://www.youtube.com/watch?v=IK7nLzxiAQQ

(Discourse) **qqnorm & qqplot**
Link: https://discourse.julialang.org/t/qqnorm-and-qqplot/6118/8

Professor Guru **Tabela Normal Padrão**
Link: https://professorguru.com.br/tabela-normal.html