ME L'HO IMPARATO

Che cos'è R

- **R** è un ambiente integrato (ovvero un insieme di librerie, funzioni, oggetti) che permette di elaborare dati, eseguire calcoli ed realizzare rappresentazioni grafiche.
- E' distribuito gratuitamente ed disponibile per diverse architetture hardware e sistem operativi: Windows, MacOS, Unix, Linux.
- Sul sito `http://www.r-project.org` è possibile scaricare, oltre che il programma base, anche una serie di moduli aggiuntivi (*packages*) e un'ampia manualistica.

All'indirizzo

http://www.nytimes.com/2009/01/07/technology/business-computing/07program.html?_r=2

potrete trovare un articolo del NY Times su R

A che serve R?

Fornisce un ricco corredo di programmi per l'analisi e la modellazione statistica dei dati.

Consente di predisporre proprie routine non disponibili sui pacchetti standard per i calcoli più specifici.

E' anche un linguaggio orientato agli oggetti in continua espansione.

Contiene un insieme crescente di pacchetti dedicati a problemi ricorrenti nelle applicazioni.

Gli approcci più moderni alla trattazione dei dati empirici si configurano come nuovi pacchetti di R per arrivare più rapidamente alla comunità dei potenziali utenti e ricercatori.

Perché R?

1) E' gratuito. Questo è un grande vantaggio rispetto ai costi di acquisto (o, peggio, di noleggio) dei programmi concorrenti.

2) Opera allo stesso modo su piattaforme diverse: Mac OS, Windows, Linux liberando gli utenti dalla preoccupazione di come esportare dati e programmi.

3) Si adatta all'esigenza dell'utente: può essere usato in modo molto naive (ad esempio come calcolatrice in linea) come nel modo più sofisticato (ad esempio nel calcolo parallelo)

4) Offre possibilità grafiche straordinarie con le quali è possibile, se si vuole, interagire.

The official R website

http://www.r-project.org

Qui si possono trovare

- I pacchetti di base delle tecniche già consolidate
- I pacchetti nuovi o più specializzati
- Manuali in diverse lingue
- Risposte ai quesiti già emersi

R Links

The R Project for Statistical Computing
Web site for Fox's An R and S-PLUS Companion to Applied Regression
(code, data, etc. used in the book)
Summary of R Commands by Category
Bret Larget's R Help
A Brief Guide to R for Beginners in Econometrics by Mahmood Arai
Econometrics in R by Grant V. Farnsworth
Using R for Data Analysis and Graphics: An Introduction by J.H. Maindonald
Kickstarting R by Jim Lemon
simpleR: Using R for Introductory Statistics by John Verzani
Some translations of Stata commands into R commands
tseries: R package for time series analysis and computational finance
quadprog: R package containing routines and documentation for solving quadratic programming problems (required by tseries)

Manualistica in italiano

http://www.dst.unive.it/~claudio/R/index.html#manuale

http://cran.r-project.org/doc/contrib/Mineo-dispensaR.pdf

http://cran.r-project.org/doc/contrib/nozioniR.pdf

http://www.isib.cnr.it/~brazzale/ModStatI/

http://digilander.libero.it/robicox/manuali/pdf/mainr.pdf)

http://www.mat.uniroma3.it/didatticacds/corsi/didattica_interattiva/aa_01_02/st1/st1.html

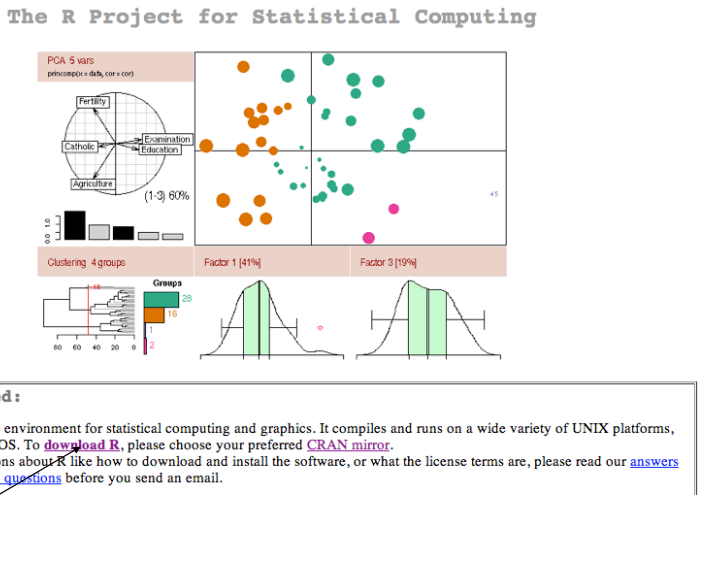
http://venus.unive.it/statcomp/r/man_Parpinel.pdf

http://www.dip-statistica.uniba.it/html/docenti/pollice/materiale.htm

http://www.stat.unipg.it/~luca/R-note.pdf

http://www.economia.unimi.it/iacus/corsoR/

Installazione



Scelta dello URL da cui scaricare

CRAN Mirrors

The Comprehensive R Archive Network is available at the following URLs, please choose a location close to you. Some statistics on the status of the mirrors can be found here.

Argentina	
http://cran.patan.com.ar/	Patan.com.ar, Buenos Aires
Australia	
http://cran.ms.unimelb.edu.au/	University of Melbourne
Austria	
http://cran.at.r-project.org/	Wirtschaftsuniversitaet Wien
Belarus	
http://cran.promotionalpro.com/	www.ehost.by
Belgium	
http://www.freestatistics.org/cran/	K.U.Leuven Association
Brazil	
http://cran.br.r-project.org/	Universidade Federal do Parana
http://cran.fiocruz.br/	Oswaldo Cruz Foundation, Rio de Janeiro
http://www.vps.fmvz.usp.br/CRAN/	University of Sao Paulo, Sao Paulo
http://brieger.esalq.usp.br/CRAN/	University of Sao Paulo, Piracicaba
Canada	
http://cran.stat.sfu.ca/	Simon Fraser University, Burnaby
http://probability.ca/cran/	University of Toronto
http://cran.skazkaforyou.com/	iWeb, Montreal
Chile	
http://dirichlet.mat.puc.cl/	Pontificia Universidad Catolica de Chile, Santiago

URL in Italia da cui avere R

Italy	
http://rm.mirror.garr.it/mirrors/CRAN/	Garr Mirror, Milano
http://cran.stat.unipd.it/	University of Padua
http://dssm.unipa.it/CRAN/	Universita degli Studi di Palermo

Si tratta di siti abbastanza sicuri con i quali si può operare con relativa tranquillità

Pagina principale di R

CRAN
Mirrors
What's new?
Task Views
Search

About R
R Homepage

Software
R Sources
R Binaries
Packages
Other

Documentation
Manuals
FAQs
Contributed
Newsletter

The Comprehensive R Archive Network

Frequently used pages

Download and Install R

Precompiled binary distributions of the base system and contributed packages, **Windows and Mac** users most likely want one of these versions of R:

- Linux
- MacOS X
- Windows

Source Code for all Platforms

Windows and Mac users most likely want the precompiled binaries listed in the upper box, not the source code. The sources have to be compiled before you can use them. If you do not know what this means, you probably do not want to do it!

- **The latest release** (2008-10-20): R-2.8.0.tar.gz (read what's new in the latest version).
- Sources of R alpha and beta releases (daily snapshots, created only in time periods before a planned release).
- Daily snapshots of current patched and development versions are available here. Please read about new features and bug fixes before filing corresponding feature requests or bug reports.
- Source code of older versions of R is available here.
- Contributed extension packages

http://cran.r-project.org/

Link alla pagina per la versione Windows

CRAN
Mirrors
What's new?
Task Views
Search

About R
R Homepage

Software
R Sources
R Binaries
Packages
Other

Documentation
Manuals
FAQs
Contributed
Newsletter

R for Windows

This directory contains binaries for a base distribution and packages to run on i386/x64 Windows.

Note: CRAN does not have Windows systems and cannot check these binaries for viruses. Use the normal precautions with downloaded executables.

Subdirectories:

base	Binaries for base distribution (managed by Duncan Murdoch)
contrib	Binaries of contributed packages (managed by Uwe Ligges)

Please do not submit binaries to CRAN. Package developers might want to contact Duncan Murdoch or Uwe Ligges directly in case of questions / suggestions related to Windows binaries.

You may also want to read the R FAQ and R for Windows FAQ.

Last modified: April 4, 2004, by Friedrich Leisch

Link alla pagina per la versione Mac OS

CRAN
Mirrors
What's new?
Task Views
Search

About R
R Homepage

Software
R Sources
R Binaries
Packages
Other

Documentation
Manuals
FAQs
Contributed
Newsletter

R for Mac OS X

This directory contains binaries for a base distribution and packages to run on Mac OS X (release 10.2 and above). Mac OS 8.6 to 9.2 (and Mac OS X 10.1) are no longer supported but you can find the last supported release of R for these systems (which is R 1.7.1) here

Note: CRAN does not have Mac OS X systems and cannot check these binaries for viruses. Altough we take precautions when assembling binaries, please use the normal precautions with downloaded executables.

Important note - R 2.8.0 binaries have been updated 2008/10/22

The binaries posted yesterday were (for a yet unknown reason) incomplete. The correct binaries have been posted today. *Please check the MD5 sum of the downloaded file (see below)!* If it differs from the posted checksum, please download it again - if in doubt from another mirror. If you see errors compiling packages from sources or invalid repository URLs, please make sure you update your binary.

Universal R 2.8.0 for Mac OS X released on 2008/10/22

This binary distribution of R and the GUI supports both PowerPC and Intel based Macs. The corresponding binaries of R packages are available for both architectures as well. Starting with R 2.3.1, CRAN binaries support Mac OS X 10.4 (Tiger) and higher only. It is, however, possible to compile binaries for earlied OS X versions from sources.

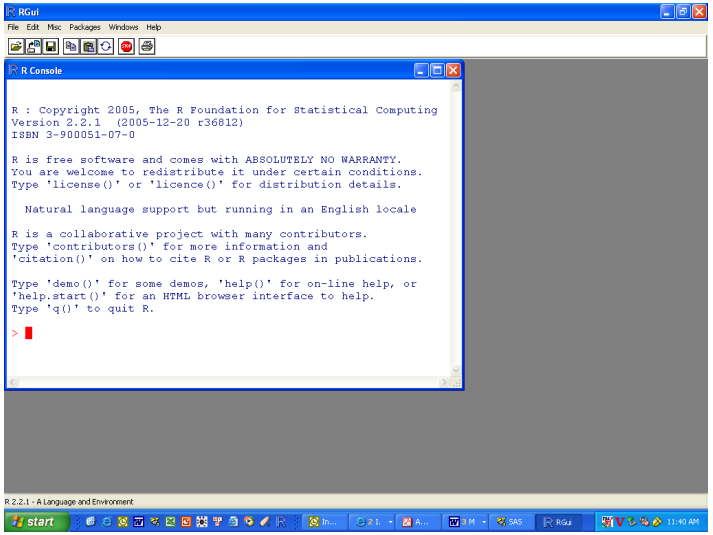
R 2.8.0 uses updated optional libraries - Tcl/Tk 8.5.5 and cairo 1.8.0. In addition, better font support is provided for cairo-based devices such as the built-in X11 cairo and the Cairo package. All dependent libraries are fork()-safe and thus can be used in projects such as Rserve or RApache. 64-bit build for Mac OS X 10.5 (Leopard) will be available shortly.

Please check the MD5 checksum of the downloaded image to ensure that it has not been tampered with or corrupted during the mirroring process. For example type
`md5 R-2.8.0.dmg`
in the *Terminal* application to print the MD5 checksum for the R-2.8.0.dmg image.

Pagina iniziale di R (MAC)

```
R version 2.8.0 (2008-10-20)
Copyright (C) 2008 The R Foundation for Statistical Computing
ISBN 3-900051-07-0

R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.

  Natural language support but running in an English locale

R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.

Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.

[Workspace restored from /Users/agostinotarsitano/.RData]
```

Pagina iniziale (WIN)



La console di R

- Si interagisce con **R** attraverso la **R**-console digitando dopo il prompt "$>$" i comandi che si vogliono eseguire.
  - Ad esempio digitando

    `> demo(graphics)`

    si ottiene una dimostrazione delle potenzialità grafiche di **R**.

R distingue tra minuscole e maiuscole

t.test() and T.test() sono comandi diversi

R dispone di un help in linea
Attenzione alle parentesi (aperte e chiuse in numero pari)
Attenzione agli apici

Riga di comando

A partire dal prompt > della linea di comando le operazione sintatticamente legittime di R consistono in

Espressioni

Assegnazioni.

Ogni espressione viene valutata e stampata in output a schermo come nei seguenti esempi

```
x<-c(2,2,3,3,4,5,7,9,9)

> sqrt(var(x))
[1] 2.803767

> summary(x)
Min. 1st Qu. Median Mean 3rd Qu. Max.
 2.000 3.000   4.000  4.889 7.000   9.000

> median(x)
[1] 4

> range(x)
[1] 2  9

> quantile(x,0.25)
25%
3
```

Ortografia di R

- Differenza tra minuscole e maiuscole

```
a <- 5
A <- 7
B <- a+A
```

- Niente spazi bianchi nei nomi degli oggetti, ma soprattutto tra "<" e "-"

```
var<- 5 (questo si tollera) var< - 5 (questo è un errore)
```

- Si può inserire il "." ed anche l'underscore "_"

```
var.a <- 5
var.b <- 10
var.c <- var.a + var.b
Var_X<-var(x);mean_x.y<-mean(x*y)
```

- Una singola linea può contenere più comandi separati dal ;

```
Nr<-2;Mg<-(-2)
```

 # il simbolo "#" indica l'inizio di una linea di commento.
R ignorerà quanto segue dopo il cancelletto e fino alla successiva riga di comando

Operazioni semplici

2. Basic Operations

2.1 Computation

First of all, R can be used as an ordinary calculator. There are a few examples:

```
> 2 + 3 * 5       # Note the order of operations.
> log (10)        # Natural logarithm with base e=2.718282
> 4^2             # 4 raised to the second power
> 3/2             # Division
> sqrt (16)       # Square root
> abs (3-7)       # Absolute value of 3-7
> pi              # The mysterious number
> exp(2)          # exponential function
> 15 %/% 4        # This is the integer divide operation
> # This is a comment line
```

Il comando di assegnazione (<-) registra il valore oppure l'oggetto sulla destra all'oggetto che sta sulla sinitra.

Una volta ricevuto il valore, l'oggetto diventa un componente autonomo dell'area di lavoro è può essere coinvolto in tutte le operazioni.

Per conoscere il contenuto di un oggetto basta digitare il suo nome

Esempi vari

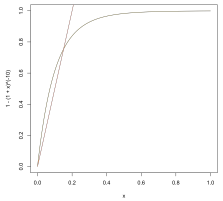
```
> -27*12/21
[1] -15.42857

> sqrt(10)
[1] 3.162278

> log(10)
[1] 2.302585

> log10(2+3*pi)
[1] 1.057848

> exp(2.7689)
[1] 15.94109

> (25 - 5)^3
[1] 8000

> cos(pi)
[1] -1
```

```
Permulation: 3!
>prod(3:1)
[1] 6

# 10.9.8.7.6.5.4
> prod(10:4)
[1] 604800

> prod(10:4)/prod(40:36)
[1] 0.007659481

> choose(5, 2)
[1] 10

> 1/choose(5, 2)
[1] 0.1
```

Applicazione elementare

Valore attuale del prestito di P euro a tasso di interesse mensile i, restituito in n rate posticipate di importo constante R

$$P = R\left[\frac{1-(i+1)^{-n}}{i}\right] \quad \Rightarrow \quad R = P\left[\frac{i}{1-(i+1)^{-n}}\right]$$



```
intRate <- 0.01
n <- 10
principal <- 1500
payment <- principal * intRate / (1 - (1 + intRate)^(-n))
payment # Rata mensile da pagare
#
# Se la rata fosse di importo pari a 300 euro, quale
sarebbe il tasso risultante?
payment<-300
curve(1-(1+x)^(-10),0,1,201,col="gold4")
curve(x*(principal/payment),0,1,201,col="tomato",add=T)
```

Directory di lavoro

In R ogni operazione su file avviene a partire dalla directory corrente di lavoro, la quale `e visibile con ilcomando:

> getwd()

Se si vuol leggere un file dati, ad esempio dati.txt con il comando read.table("dati.txt"), l'operazionesarà eseguita correttamente solo se il file si trova nella directoty corrente.

L'uso delle directory in R è di fondamentale importanza al fine di poter salvare e utilizzare successivamenteil lavoro svolto.

Ogni sessione di R crea, nella directory di lavoro, due file RData ed Rhistory che memorizzano i dati ed i comandi che sono stati utilizzati nella sessione.

>setwd(mydir)

sposta la directory di lavoro corrente in mydir

Salvataggio della History

L'history di R è dato da tutti i comandi digitati in una sessione.

La history è memorizzata nel file Rhistory automaticamente generato o aggiornato uscendo da R nella directory di lavoro.

Possiamo anche salvare la history in uno dei seguenti modi:

savehistory()
salva la history nel file Rhistory nella directory corrente.

savehistory (file=myfile)
salva la history nel file myfile della directory corrente

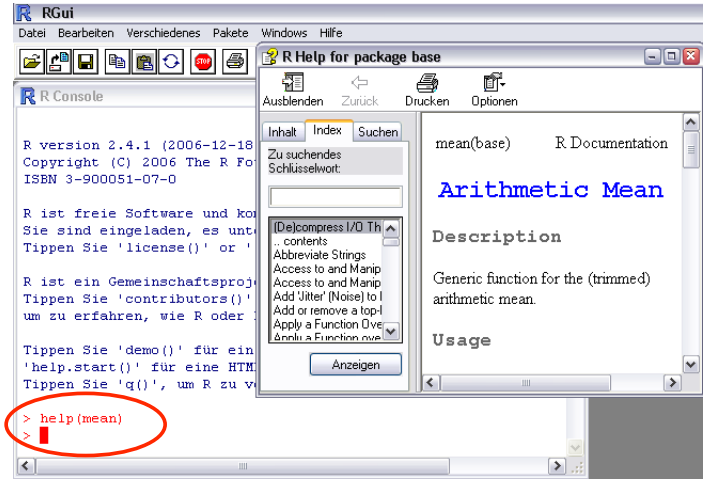
Per caricare la history precedentemente salvata si può usare il comando: loadhistory (file=myfile) carica la history memorizzata in myfile

history() Visualizza gli ultimi 25 comandi

history(n) Visualizza gli ultimi n comandi

Aiuti in R

- Help function

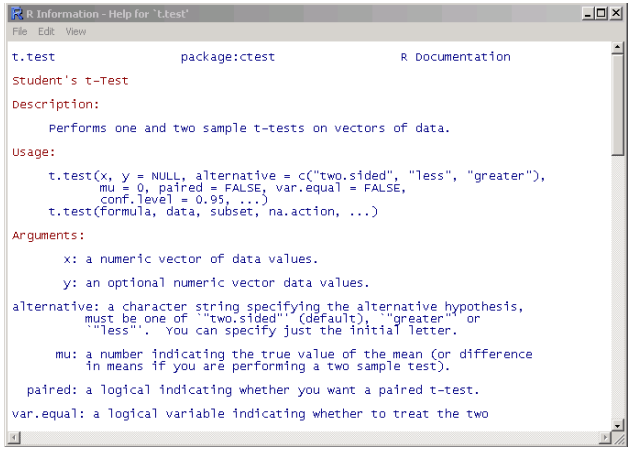


Aiuti in R/ continua

Si possono avere dettagli su di un comando specifico di cui si conosce il nome

>? t.test
or
>help(t.test)

In mac basta inserire il nome nello spazio di ricerca indicato con la lente di ingrandimento



Contenuto e manipolazione del workspace

```
ls()                  # mostra il contenuto del workspace
rm(i)                 # elimina uno o piu' oggetti, in questo caso l'oggetto "i"
ls(pattern="V")       # mostra gli oggetti che contengono "V" nel nome
ls(pat="V")           # i nomi dei parametri dei comandi possono essere
                      #  abbreviati
save(list=ls(),file="prova.rda")
# salviamo il workspace in un file chiamato prova.rda
# rda e' l'estensione standard per indicare un file dati di R
# ma si puo' usare qualsiasi altra estensione oppure  ometterla
rm(list=ls(pat="V"))  # rimuoviamo tutte le variabili che hanno "V" nel nome
rm(list=ls())         # cancelliamo tutto il workspace
load("prova.rda")     # ricarichiamo i dati salvati in precedenza
save(V1,V2, file="prova2.rda")
# si possono salvare selettivamente solo alcuni oggetti
save.image()          # o salvare tutto il workspace in un file di default di R
                      # chiamato .RData
load(".RData")        # ricarichiamo tutto
```

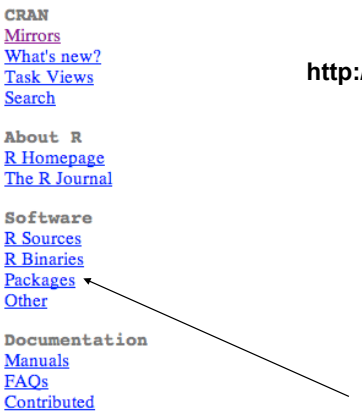
I pacchetti (packages) di R

- Il cuore di **R** è rappresentato dal modulo base (che offre gli strumenti fondamentali per l'analisi statistica) e attorno a questo modulo ruotano una serie di altre librerie addizionali, alcune delle quali sono già comprese nel programma **R** al momento in cui lo si installa, mentre altre librerie ancora possono essere aggiunte e installate dall'utente dopo averle scaricate dal sito succitato.
- Sul sito del **The Comprehensive R Archive Network - CRAN** è possibile scaricare un grande numero di packages che spaziano nei più disparati campi della statistica applicata.

Installazione di un pacchetto

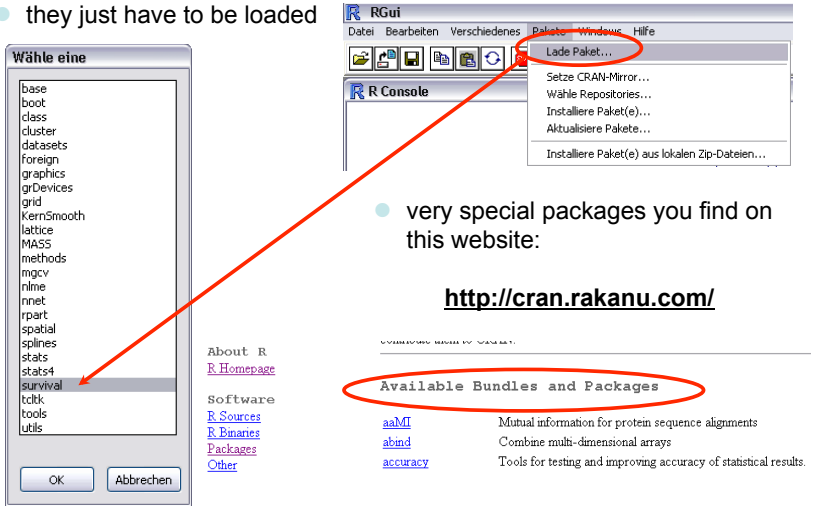
Per analizzare il pacchetto si va sulla sua home page

http://cran.r-project.org/



Packages for special functions in R

- common packages are already included in R
- they just have to be loaded



- very special packages you find on this website:

http://cran.rakanu.com/

I pacchetti disponibili

Available Packages

Currently, the CRAN package repository features 2041 available packages.

A B C D E F G H I J K L M N O P Q R S T U V W X Y Z

ADGofTest	Anderson-Darling GoF test
ADaCGH	Analysis of data from aCGH experiments
AER	Applied Econometrics with R
AGSDest	Estimation in adaptive group sequential trials
AICcmodavg	Model selection and multimodel inference based on (Q)AIC(c)
AIGIS	Areal Interpolation for GIS data
AIS	Tools to look at the data ("Ad Inidicia Spectata")
ALS	multivariate curve resolution alternating least squares (MCR-ALS)
AMORE	A MORE flexible neural network package
AcceptanceSampling	Creation and evaluation of Acceptance Sampling Plans
AdMit	Adaptive Mixture of Student-t distributions
AdaptFit	Adaptive Semiparametric Regression
AlgDesign	AlgDesign
Amelia	Amelia II: A Program for Missing Data
AnalyzeFMRI	Functions for analysis of fMRI datasets stored in the ANALYZE or NIFTI format
Animal	Analyze time-coded animal behavior data
AquaEnv	AquaEnv - an integrated development toolbox for aquatic chemical model generation
ArDec	Time series autoregressive-based decomposition
aCGH.Spline	Robust spline interpolation for dual color array comparative genomic hybridisation data
aaMI	Mutual information for protein sequence alignments
abind	Combine multi-dimensional arrays
accuracy	Tools for testing and improving accuracy of statistical results
actuar	Actuarial functions

Informazioni su di uno specifico pacchetto

> library (help=MASS)

Information on package 'MASS'

Description:

Bundle:	VR
Priority:	recommended
Contains:	MASS class nnet spatial
Version:	7.2-44
Date:	2008-08-13
Depends:	R (>= 2.4.0), grDevices, graphics, stats, utils
Suggests:	lattice, nlme, survival
Author:	S original by Venables & Ripley. R port by Brian Ripley <ripley@stats.ox.ac.uk>, following earlier work by Kurt Hornik and Albrecht Gebhardt.
Maintainer:	Brian Ripley <ripley@stats.ox.ac.uk>
BundleDescription:	Functions and datasets to support Venables and Ripley, 'Modern Applied Statistics with S' (4th edition).
License:	GPL-2 | GPL-3
URL:	http://www.stats.ox.ac.uk/pub/MASS4/
Packaged:	Wed Aug 13 14:07:54 2008; ripley
Package:	MASS
Description:	The main library and the datasets
Title:	Main Package of Venables and Ripley's MASS
LazyLoad:	yes
LazyData:	yes
Built:	R 2.8.0; universal-apple-darwin8.11.1; 2008-10-22 17:34:40; unix

Functions:

Null	Null Spaces of Matrices
addterm	Try All One-Term Additions to a Model
anova.negbin	Likelihood Ratio Tests for Negative Binomial GLMs
area	Adaptive Numerical Integration
bandwidth.nrd	Bandwidth for density() via Normal Reference Distribution
bcv	Biased Cross-Validation for Bandwidth Selection
boxcox	Box-Cox Transformations for Linear Models

Datasets:

Aids2	Australian AIDS Survival Data
Animals	Brain and Body Weights for 28 Species
Belgian-phones	Belgium Phone Calls 1950-1973
Boston	Housing Values in Suburbs of Boston
Cars93	Data from 93 Cars on Sale in the USA in 1993
Cushings	Diagnostic Tests on Patients with Cushing's Syndrome
DDT	DDT in Kale

Esempio: fbasics

fBasics: Rmetrics - Markets and Basic Statistics

Environment for teaching "Financial Engineering and Computational Finance"

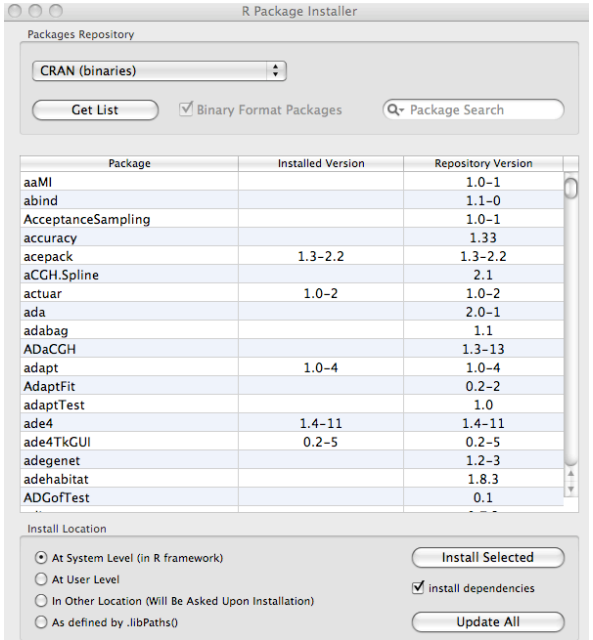
Version:	2100.78
Depends:	R (≥ 2.6.0), MASS, methods, timeDate, timeSeries (≥ 2100.84)
Suggests:	akima, spatial, RUnit, tcltk
Published:	2009-09-28
Author:	Diethelm Wuertz and many others, see the SOURCE file
Maintainer:	Rmetrics Core Team <Rmetrics-core at r-project.org>
License:	GPL (≥ 2)
URL:	http://www.rmetrics.org
In views:	Distributions, Finance
CRAN checks:	fBasics results

Downloads:

Package source:	fBasics_2100.78.tar.gz
MacOS X binary:	fBasics_2100.78.tgz
Windows binary:	fBasics_2100.78.zip
Reference manual:	fBasics.pdf
News/ChangeLog:	ChangeLog
Old sources:	fBasics archive

Non è da qui che si installano

Dal menù packages and data



Data sets disponibili in un pacchetto

> Data (package="cluster")

```
Data sets in package 'cluster':

agriculture             European Union Agricultural Workforces
animals                 Attributes of Animals
chorSub                 Subset of C-horizon of Kola Data
flower                  Flower Characteristics
plantTraits             Plant Species Traits Data
pluton                  Isotopic Composition Plutonium Batches
ruspini                 Ruspini Data
votes.repub             Votes for Republican Candidate in Presidential
Elections
xclara                  Bivariate Data Set with 3 Clusters
```

Una volta caricata la libreria i data sets inclusi saranno immediatamente disponibili

>library(cluster)

>agriculture

	x	y
B	16.8	2.7
DK	21.3	5.7
D	18.7	3.5
GR	5.9	22.2
E	11.4	10.9
F	17.8	6.0
IRL	10.9	14.0
I	16.6	8.5
L	21.0	3.5
NL	16.4	4.3
P	7.8	17.4
UK	14.0	2.3

Tipologia delle variabili

```
> a <- 49.0
> sqrt(a)
[1] 7
```

Numeric (reali in doppia precisione)

```
> m<- 1:5
> m
[1] 1 2 3 4 5
```

Integer (Interi)

Carattere o stringa (tra apici)

```
> b <-"Una buona attività formativa"
> sub("buona","discreta",b)
[1] "Una discreta attività formativa"
```

Sub è un comando sulle stringhe

```
> c <- (1+1==3)# espressione logica
> c
[1] FALSE

> as.character(b)
[1] "FALSE"
```

Logiche: TRUE/FALSE

```
x <- 9
y <- x > 10
y
[1] FALSE
```

Tipologia delle variabili/2

La funzione typeof consente di accertare la tipologia della variabile

```
typeof(x)
[1] "double"
is.double(8.9)
[1] TRUE
test <- 1223.456
is.double(test)
[1] TRUE

nchild <- as.integer(3)
is.integer(nchild)
[1] TRUE
```

3.0 non è un intero e 3 non lo è automaticamente

```
x <- as.integer(7)
y <- 2.0
z <- x/y
```

```
x <- c("a","b","c")
x
[1] "a" "b" "c"
mychar1 <- "This is a test"
mychar2 <- "This is another test"
charvector <- c("a", "b", "c", "test")
```

```
as.integer(2^31 - 1)
[1] 2147483647
as.integer(2^31)
[1] NA
Warning message:
NAs introduced by coercion

x <- c(9,166)
y <- (3 < x) & (x <= 10)
[1] TRUE FALSE

x <- 1:15
## somma del numero di elementi
in x che risultano maggiori di 9
sum(x>9)
[1] 6
```

Operatori di R

Operatori relazioni	Significato
`x < y`	minore di
`x > y`	maggiore di
`x <= y`	minore o uguale di
`x >= y`	maggiore o uguale di
`x == y`	uguale a
`x != y`	non uguale a
Operatori logici	**Significato**
`!x`	negazione logica (NOT)
`x & y`	intersezione logica (AND)
`x | y`	unione logica (OR)
`xor(x, y)`	OR eslcusivo (XOR)

Esempi sugli operatori logici

```
x == 5      x uguale a 5
x != 5      x diverso da 5
y < x       y minore di x
x > y       x mggiore di y
z <= 7      z minore o uguale 7
p >= 1      p maggiore o uguale ad 1
is.na(x)     x, è un valore mancante?
A & B       A e B
A | B       A oppre B
!           non
```

Operatore & (and)

```
# OPERATORE and
#confroni unari
x<-1:10
a<-x<7 & x>2   # assegna ad a un confronto logico
print(a)

#confronti binari
a<-x<7 && x>2  # notare la differenza
print(a)

y<-rep(5,10)
#confroni unari
a<-y<7 & y>2
print(a)

#confronti binari
a<-y<7 && y>2
print(a)
```

Operatore | (or)

```
# OPERATORE or
x<-1:10
a<-x<7 | x>2
print(a)

# confronti binari
a<-x<7 || x>2
print(a)
y<-rep(5,10)

#confroni unari
a<-y<7 | y>2
print(a)

#confronti binari
a<-y<7 || y>2
print(a)
```

Relazioni logiche

Ecco gli operatori logici più ricorrenti

less than	<	less than or equal to	<=
greater than	>	greater than or equal to	>=
equals	==	does not equal	! =

Se applicati a vettori resituicono un vettore di confronti replicando quello con meno elementi

```
> intake.pre
 [1] 5260 5470 5640 6180 6390 6515 6805 7515 7515 8230 8770
> intake.pre > 7000
 [1] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE  TRUE  TRUE
[10]  TRUE  TRUE
> intake.pre > intake.post
 [1] TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
```

Data e orario

In questo caso è indicata la tipologia as.date

```
temp <- c("12-09-1973", "29-08-1974")
z <- as.Date(temp, "%d-%m-%Y")
z
[1] "1973-09-12" "1974-08-29"
data.class(z)
[1] "Date"
format(z, "%d-%m-%Y")
[1] "12-09-1973" "29-08-1974"
```

You can add a number to a date object, the number is interpreted as the number of day to add to the date.

```
z + 19
[1] "1973-10-01" "1974-09-17"
```

You can subtract one date from another, the result is an object of class `difftime'

```
dz = z[2] -z[1]
dz
data.class(dz)
Time difference of 351 days
[1] "difftime"
```

Inserimento dati

Scegliere il nome del'oggetto in cui registrare i dati

name <- c(, , , ,)

ESEMPIO: Consumo di birra procapite

Paesi:

```
country<-c("Australia" , "Canada", "Denmark" ,"Finland", "England" , "Island" , "Netherlands" ,
    "Norway", "Sweden", "Switzerland", "USA" )
```

Valori

```
beer<-c(480,500,380,1100,1100,230,490,250,300,510,1300)
```

Etichettatura dei valori: si adopera il comando names.

```
names(beer)<-country
>beer
```

Australia	Canada	Denmark	Finland	England	Island	Netherland
480	500	380	1100	1100	230	490
Norway	**Sweden**	**Switzerland**	**USA**			
250	300	510	1300			

Valori mancanti

Tutte le variabili (numeric, character, logical) possono contenere l'indicazione NA: not available.

- **NA is not the same as 0**
- **NA is not the same as "" (stringa vuota)**
- **NA is not the same as FALSE**
- **NA is not the same as NULL**

Operationi con NA possono achen non produrre un NA:

```
> NA==1
[1] NA
> 1+NA
[1] NA
> max(c(NA, 4, 7))
[1] NA
> max(c(NA, 4, 7), na.rm=T)
[1] 7
```

Max richiama il massimo in un oggetto conentente dei valori

```
> NA | TRUE
[1] TRUE
> NA & TRUE
[1] NA

INF
```

Infiniti e Non definiti

Gli infiniti sono rappresentati da Inf e –Inf e lo status può essere controllato con i comandi is.infinite ovvero is.finite.

```
x <- c(1,3,4)
y <- c(1,0,4)
x/y
[1] 1 Inf 1
z <- log(c(4,0,8))
is.infinite(z)
[1] FALSE TRUE FALSE
```

La notazione NaN (Not a Number) indica che il risultato della operazione richiesta non ha un valore conclusivo

```
pi / 0 ## = Inf a non-zero number divided by zero creates
infinity
0 / 0  ## =  NaN

1/0 + 1/0 # Inf
1/0 - 1/0 # NaN
```

Esempio

c() crea un insieme-vettore di elementi

```
> genus <- c("Daphnia", "Boletus", "Hippopotamus", "Salmo", "Linaria",
+ "Ixodes", "Apis")

> species <- c("magna", "edulis", "amphibius", "trutta", "alpina",
+ "ricinus", "mellifera")

> weight <- c(0.001, 100, 3200000, 1000, 2.56, 0.001, 0.01)

> legs <- as.integer(c(0, 0, 4, 0, 0, 8, 6)) # vincola i valori ad interi

> animal <- c(TRUE, FALSE, TRUE, TRUE, FALSE, TRUE, TRUE)
```

Non dimenticate mai le virgole di separazione all'interno di c

> p <- c(.2, .3, .5)

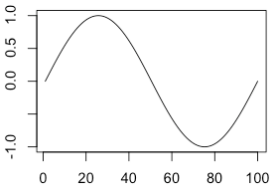
Il simbolo "+" indica che la riga comando continua su un'altra riga comando

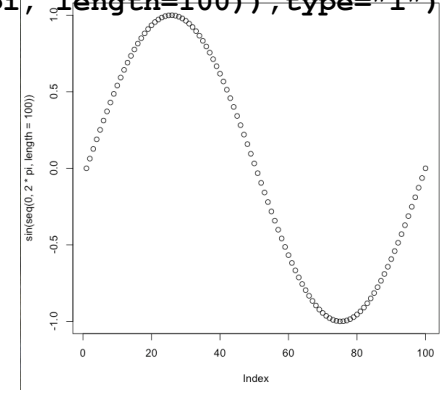
Plot

Il comando plot è uno dei più potenti di R. E' ricco di opzioni e vantaggi per chi vuole sfruttare I grafici statistici per comunicare dei risultati

```
> par(mfrow=c(1,2))
> plot(sin(seq(0, 2*pi, length=100)))
> plot(sin(seq(0, 2*pi, length=100)),type="l")
```

L'opzione linea è il raccordo tra i punti indicata con una l (elle) tra apici



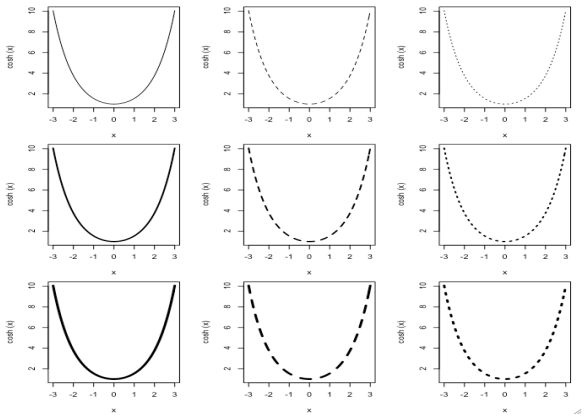


Esempio

Il comando plot rappresenta le funzioni intrinseche, cioè in cui la x non è espressa nel comando.

Ecco alcuni esempi con diverse modalità per lo spessore della curva ed il tipo di linea

```
par(mfrow=c(3,3))
par(mar=c(4.2,4.8,0.5,1.0))
for(i in 1:3)
{for(j in 1:3)

{plot(cosh,-3,3,lwd=i,lty=j)
    }
  }
```

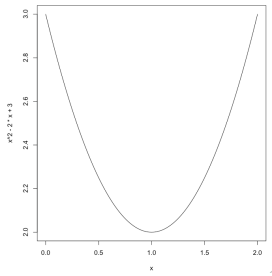


Rappresentazioni di curve analitiche

Una delle caratteristiche più interessanti di R è la semplicità ed efficacia con cui rappresenta le curve

$$f(x) = x^2 - 2x + 3$$

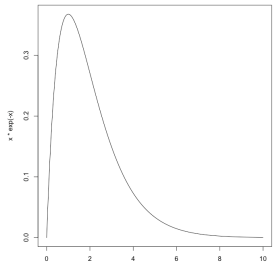
```
par(mfrow=c(1,1))
par(mar=c(4.2,4.8,0.5,1.0))
curve(x^2-2*x+3,0,2,101)
```



Nel comando si inserisce: l'espressione, il limite inferiore, il limite superiore e il numero dei punti di interpolazione

$$f(x) = xe^{-x}$$

```
par(mfrow=c(1,1))
par(mar=c(4.2,4.8,0.5,1.0))
curve(x*exp(-x),0,10,201)
```



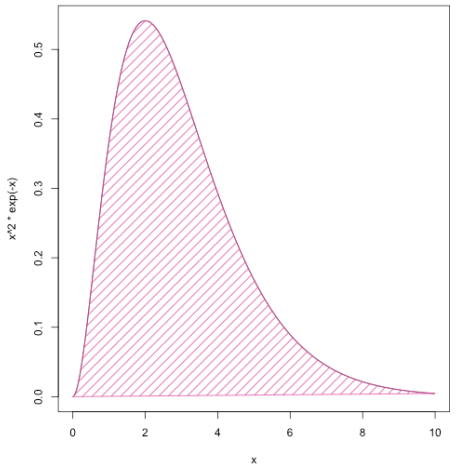
Coloratura dell'area sottesa

Spesso è utile colorare o campire con tessiture diverse l'area sottesa ad una curva

$$f(x) = x^2 e^{-x}$$

```
par(mfrow=c(1,1))
par(mar=c(4.2,4.8,0.5,1.0))
curve(x^2*exp(-x),0,10,201)
asc<-seq(0,10,length=201)
ord<-asc^2*exp(-asc)
polygon(asc,ord,
10,45,col="violetred")
```

Il primo numero indica la densità della campitura ed il secondo indica l'inclinazione delle linee



Vettori

L'elemento base di tutte le procedure di R è il vettore. Le varietà più frequenti sono NUMERICI, STRINGA E LOGICI (Vero/Falso)

```
> c(1, 2, 3, 4, 5)
[1] 1 2 3 4 5
> c("Huey", "Dewey", "Louie")
[1] "Huey"  "Dewey" "Louie"
> c(T, T, F, T)
[1]  TRUE  TRUE FALSE  TRUE
> c(1, 2, 3, 4, 5) > 3
[1] FALSE FALSE FALSE  TRUE  TRUE
```

T and F are convenient abbreviations for TRUE and FALSE respectively.

The length of any vector can be determined by the `length` function:

```
> gt.3 <- c(1, 2, 3, 4, 5) > 3
> gt.3
[1] FALSE FALSE FALSE  TRUE  TRUE
> length(gt.3)
[1] 5
```

Costruzione di vettori

seq (4,9); seq(4,10,0.5); seq(length=10)

```
seq(1, 9, by = 2) # estremo incluso
seq(1, 9, by = pi)# prima di raggiungere
l'estremo
seq(9,1) # indici decrescenti

rep(1:4, 2)
rep(1:4, each = 2) # non è la stessa cosa.
rep(1:4, c(2,2,2,2)) # idem come sopra.
```

rep(1:5,length=12)

rep(c("one","two"),c(6,3))

Costruzione di vettori/2

Repliche ponderate

```
x<-c(10,40,50,100)  # Vettore delle istanze
w<-c(2,1,3,2)       # ripetizione previste per ciascuna
rep(x,w)
```

```
> x<-c(10,40,50,100)  # Vettore delle istanze
> w<-c(2,1,3,2)       # ripetizione previste per ciascuna
> rep(x,w)
[1]  10  10  40  50  50  50 100 100
```

Conversioni

```
> v <- c(1, 2, 3)
> is.vector(v)
[1] TRUE
> # Attenzione: se i contenuti non sono dello stesso tipo R li converte tutti i cartteri
> gg <- c("1",3,4)
> is.vector(gg)
[1] TRUE
> gg
[1] "1" "3" "4"
> is.character(gg)
[1] TRUE
```

Costruzione di vettori con cut

La funzione cut serve per assegnare i valori di un vettore a classi di ampiezza (dicretizzazione del vettore).

```
set.seed(3141593)
# Fissa l'avvio dei numeri pseudo-casuali
y<-sample(18:30,15,replace=TRUE)
# genera uno pseudo-campione di ampiezza 15 di valori tra 18 e 30
x<-cut(y,4); x
# suddivide y in 4 gruppi
x<-
cut(y,breaks=c(18,21,24,27,30),labels=c("Primo","Secon","Terzo","Quart"),right=FALSE);
x #suddivide i dati nei gruppi 18-21, 21-24, 24-27, 27-30. Le classi sono chiuse a sinistra
e destra
#Se right=TRUE le classi sono aperte a sinistra
```

```
> x<-cut(y,4); x # suddivide y in 4 gruppi
 [1] (20.5,23] (25.5,28] (18,20.5] (20.5,23] (20.5,23] (20.5,23] (23,25.5] (18,20.5]
 [9] (18,20.5] (25.5,28] (20.5,23] (18,20.5] (18,20.5] (25.5,28] (25.5,28]
Levels: (18,20.5] (20.5,23] (23,25.5] (25.5,28]
> x<-cut(y,breaks=c(18,21,24,27,30),labels=c("Primo","Secon","Terzo","Quart"),right=FALSE);x
 [1] Secon Terzo Primo Secon Secon Secon Terzo Primo Primo Terzo Secon Primo Primo
[14] Quart Quart
Levels: Primo Secon Terzo Quart
```

Vettori di caratteri

Sono molto utili i vettori stringa

```
> Paesi<-c("Romania","Bulgaria","Ungheria","Slovenia","Cekia")
> Paesi
[1] "Romania"  "Bulgaria" "Ungheria" "Slovenia" "Cekia"
> mode(Paesi)
[1] "character"
> storage.mode(Paesi)
[1] "character"
```

Numeri come lettere

```
> x<-c("1","2","Uno","Due","One","Two")
> x
[1] "1"   "2"   "Uno" "Due" "One" "Two"
> is.character(x)
[1] TRUE
> x[1]==x[3]
[1] FALSE
> x[3]==x[5]
[1] FALSE
```

> x[1]+x[2]
Error in x[1] + x[2] : non-numeric argument to binary operator

Vettori di caratteri/2

La costruzione di etichette è più semplice grazie ad alcuni comandi sulle stringhe

```
> x<-rep("Indicatore",4);y<-seq(1,8,by=2)
> x
[1] "Indicatore" "Indicatore" "Indicatore" "Indicatore"
> y
[1] 1 3 5 7
> z<-paste(x,y,sep="")
> z
[1] "Indicatore1" "Indicatore3" "Indicatore5" "Indicatore7"
```

Stringhe predefinite

```
> letters
 [1] "a" "b" "c" "d" "e" "f" "g" "h" "i" "j" "k" "l" "m" "n" "o" "p" "q" "r" "s" "t" "u" "v" "w" "x"
[25] "y" "z"
> LETTERS
 [1] "A" "B" "C" "D" "E" "F" "G" "H" "I" "J" "K" "L" "M" "N" "O" "P" "Q" "R" "S" "T" "U" "V" "W" "X"
[25] "Y" "Z"
> month.name
 [1] "January"   "February"  "March"     "April"     "May"       "June"      "July"      "August"
 [9] "September" "October"   "November"  "December"
> onth.abb
Error: object "onth.abb" not found
> month.abb
 [1] "Jan" "Feb" "Mar" "Apr" "May" "Jun" "Jul" "Aug" "Sep" "Oct" "Nov" "Dec"
```

Graphical Summaries

- stem & leaf plots

```
> data(hills)
> dist
  2.5 6.0 6.0 7.5 8.0 8.0 16.0 6.0 5.0 6.0 28.0
  5.0 9.5 6.0 4.5 10.0 14.0 3.0 4.5 5.5 3.0 3.5
  6.0 2.0 3.0 4.0 6.0 5.0 6.5 5.0 10.0 6.0 18.0
  4.5 20.0
> stem(dist)
The decimal point is 1 digit(s) to the right of
  the |
  0 | 2333344
  0 | 55555556666666667888
  1 | 0004
  1 | 68
  2 | 0
  2 | 8
```

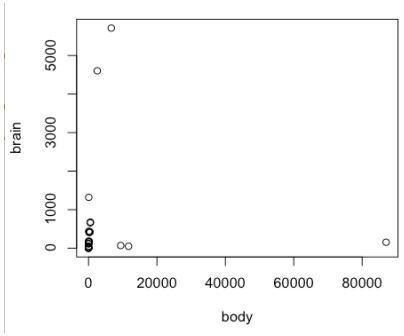
Quick, easy, no data are lost — actual values are retained

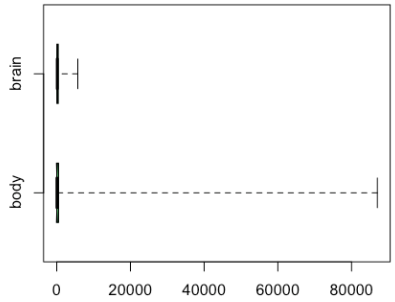
Riassunto dei dati

>library(MASS)
>Animals
> summary(Animals)

```
> summary(Animals)
      body                brain
 Min.   :    0.023   Min.   :   0.40
 1st Qu.:    3.100   1st Qu.:  22.23
 Median :   53.830   Median : 137.00
 Mean   : 4278.439   Mean   : 574.52
 3rd Qu.:  479.000   3rd Qu.: 420.00
 Max.   :87000.000   Max.   :5712.00
```

La presenza di un valore anomalo
•outlier rende poco utile il
•sommario dei dati





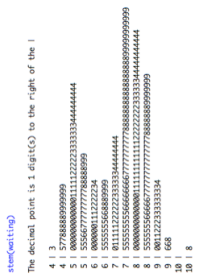
Grafica esplorativa

```
library(MASS)
data(geyser);attach(geyser)
summary(geyser)
stem(duration)
stem(waiting)
```

```
stem(waiting)
The decimal point is 1 digit(s) to the right of the |

  4 | 3
  4 | 577888889999999
  5 | 000000000000011111222223333333444444444
  5 | 55566777777777888888999
  6 | 0000001112222234
  6 | 5555555668889999
  7 | 011111222222333334444444
  7 | 55555555566666667777777777888888888888888889999999999
  8 | 000000000000011111111111222222223333344444444
  8 | 555555566667777777777777888888889999999
    | 0011222333333334
    | 668

    | 8
```

```
> stem(duration)

  The decimal point is 1 digit(s) to the left of the |

   8 | 3
  10 |
  12 |
  14 |
  16 | 2233700233577778
  18 | 000222223333355577788800223333335555577778
  20 | 000000000000000000000000000023578023578
  22 | 0278
  24 | 7807
  26 | 05
  28 | 373
  30 | 00
  32 | 583
  34 | 523
  36 | 00235
  38 | 0277802377
  40 | 000000000000000000000000000000000000000000000000000000000000000000000000000023780233355777
  42 | 00222222355555777880233355778888
  44 | 0022225555555577778000002338888
  46 | 000022255777778800033357778
  48 | 0033782277788
  50 | 30
  52 | 7
  54 | 5
```

Il diagramma ramo-foglia contiene tutte le informazioni dei dati originali, ma ha il merito di proporli in una chiave grafica



Istogrammi

> Sintetizzano graficamente un collettivo statistico (data set)

> Con essi si propone una stima della densità dei valori nella popolazione

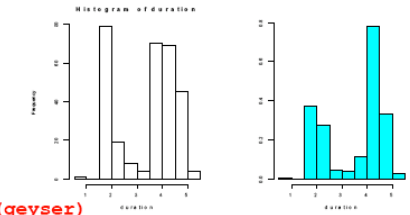
>Per realizzarlo occorre sceglie il numero e le ampiezze delle classi

> Le classi dovrebbero stare tra 5 e 25. Alcune regole aiutano a decidere (e.g. la regola di Sturges)

> L'aspetto dell'istogramma si modifica con la tipologia delle classi

Esempio

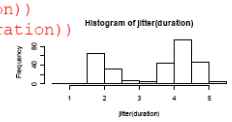
Qual è la scala degli assi?



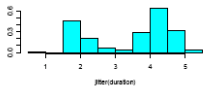
```
> attach(geyser)
> hist(duration)
> truehist(duration)
```

Two histograms of same data with different rules for values on class boundaries

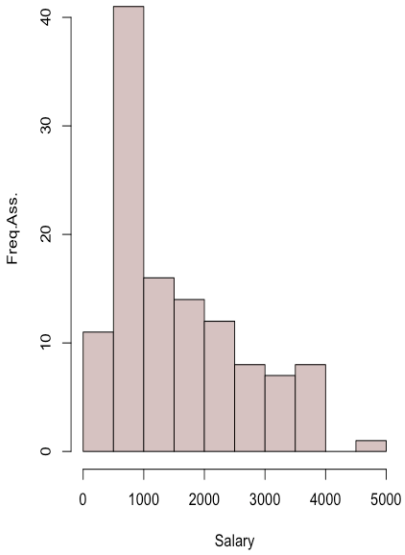
```
> hist(jitter(duration))
> truehist(jitter(duration))
```

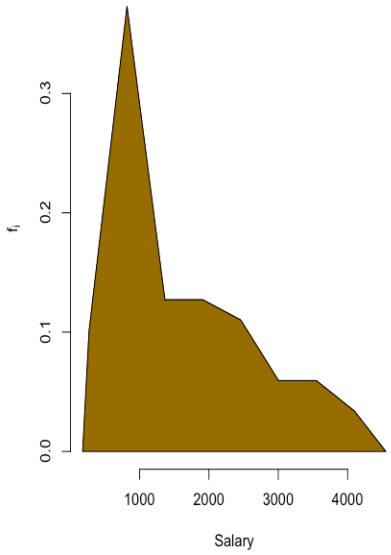


Add random amount to avoid values on class boundary



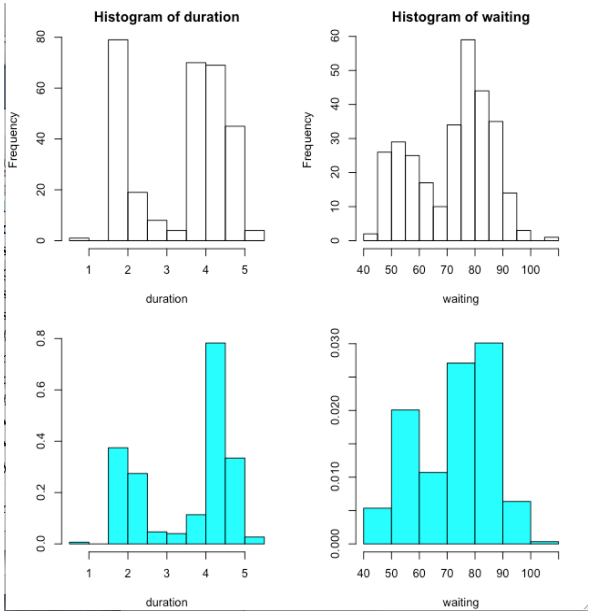

```
# Istogramma di un campione di dati
par(mar=c(4.4,4.5,1.0,1.5));par(mfrow=c(1,2))
Bas<-read.table("basesal.csv",sep=",",header=T)
attach(Bas)
Salary<-sort(Salary);n<-length(Salary)
hist(Salary,breaks="FD",col="mistyrose3",freq=T,ylab="Freq.As
s.",main="")
k=8;kp1<-k+1;kp2<-k+2;X0<-Salary[1];Xn<-Salary[n]
R<-Xn-X0;d<-R/k
ci<-matrix(0,kp1);fi<-matrix(0,kp1)
Li<-matrix(0,kp1);Ui<-matrix(0,kp1)
for (i in 1:k) {Li[i+1]<-Li[1]+i*d;Ui[i]<-Li[i+1]}
for (i in 1:k) {ci[i]<-(Ui[i]+Li[i])/2
for (j in 1:n)
{if (Salary[j]>=Li[i] & Salary[j]<Ui[i]) fi[i]<-fi[i]+1}
fi[i]<-fi[i]/n}
nc<-matrix(0,kp2);fc<-matrix(0,kp2)
for (i in 1:k){nc[i+1]<-ci[i];fc[i+1]<-fi[i]}
nc[1]<-X0;fc[1]<-0;nc[kp2]<-Xn;fc[kp2]<-0
A<-cbind(nc,fc);print(A)
plot(nc,fc,type="l",frame.plot=F,xlab="Salary",ylab=expressio
n(f[i]))
polygon(A, col="orange4", border = "black")
```





Grafica esplorativa/2

```
library(MASS)
data(geyser)
attach(geyser)
#########
par(mfrow=c(2,2),
mar=c(4,4,2,2))
hist(duration)
hist(waiting)
truehist(duration)
truehist(waiting)
```



Esempio

```
29.6 28.2 19.6 13.7 13.0  7.8  3.4  2.0  1.9  1.0  0.7  0.4  0.4  0.3
0.3 0.3  0.3  0.3  0.2  0.2  0.2  0.1  0.1  0.1  0.1  0.1
```

```
> hist(x,breaks=10)              # 10 breaks, or just hist(x,10)
> hist(x,breaks=c(0,1,2,3,4,5,10,20,max(x))) # specify break points
```

Altro esempio

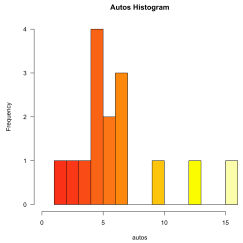
cars<-c(1,3,6,4,9)
trucks<-c(2,5,4,5,12)
suvs<-c(4,4,6,6,16)
autos.data<-
data.frame(cbind(cars,trucks,suvs))

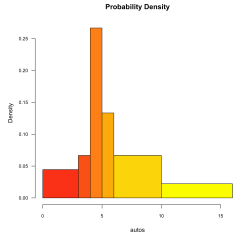
autos.dat

cars	trucks	suvs
1	2	4
3	5	4
6	4	6
4	5	6
9	12	16

#Read car and truck values from tab-delimited autos.dat

autos_data <- read.table(file="autos.dat", header=T, sep=",")





Esercizio

```
# Concatenate the three vectors
autos <- c(autos_data$cars, autos_data$trucks,autos_data$suvs)
# Compute the largest y value used in the autos
max_num <- max(autos)
# Create a histogram for autos with fire colors, set breaks
# so each number is in its own group, make x axis range from
# 0-max_num, disable right-closing of cell intervals, set
# heading, and make y-axis labels horizontal
hist(autos, col=heat.colors(max_num), breaks=max_num, xlim=c(0,max_num), right=F,
main="Autos Histogram", las=1)
# Create uneven breaks
brk <- c(0,3,4,5,6,10,16)
# Create a histogram for autos with fire colors, set uneven
# breaks, make x axis range from 0-max_num, disable right-
# closing of cell intervals, set heading, make y-axis labels
# horizontal, make axis labels smaller, make areas of each
# column proportional to the count
hist(autos, col=heat.colors(length(brk)), breaks=brk,
   xlim=c(0,max_num), right=F, main="Probability Density",
   las=1, cex.axis=0.8, freq=F)
```

Funzioni intrinseche

Sono richiamate a comando, senza ulteriori specificazioni

abs(x)	absolute value
cos(x), sin(x), tan(x)	cosine, sine, tangent of angle x in radians
exp(x)	exponential function
log(x)	natural (base-e) logarithm
log10(x)	common (base-10) logarithm
sqrt(x)	square root

```
> A=3; C=(A+2*sqrt(A))/(A+5*sqrt(A)); C
[1] 0.5543706
```

Notare il sengo di ";" che separa le istruzioni di una stessa linea

Logaritmi

```
`log' naturali (base `e'
`log10' decimali (i.e., base 10) `log2' binari(i.e.,
base 2)

The general form `logb(x, base)' computes logarithms
with base `base' (`log10'e`log2' sono casi speciali).

Usage:
log(x, base = exp(1))
logb(x, base = exp(1))
log10(x)
log2(x)
:
x: un valore singolo o un vettore di valori numrici.
base: numero positivo. Se non indicato si intende `e'.

`log(0)' produce `-Inf'
```

```
> log(100)
[1] 4.60517
> log2(16)     # same as log(16,base=2) or just log(16,2)
[1] 4
> log(1000,base=10)     # same as log10(1000)
[1] 3
>
```

Superare le sfide: caricamento di dati

Il caricamento dei dati è il primo passo per la loro analisi computerizzata

Il comando c() sta per *combine* ed indica la composizione o il contenuto di un oggetto (variabili in questo caso)

```
> age<-c(50,62,60,40,48,47,57,70,48,67)
> insulin<-c(16.5,10.8,32.3,19.3,14.2,11.3,
             15.5,15.8,16.2,11.2)
> ins<- data.frame(age, insulin)# aggrega
> attach(ins)# rende disponibili
> Ins # visualizza
```

Dati originali

age	insulin
50	16.5
62	10.8
60	32.3
40	19.3
48	14.2
47	11.3
57	15.5
70	15.8
48	16.2
67	11.2

	age	insulin
1	50	16.5
2	62	10.8
3	60	32.3
4	40	19.3
5	48	14.2
6	47	11.3
7	57	15.5
8	70	15.8
9	48	16.2
10	67	11.2

Vedremo meglio più avanti l'uso di tali comandi

Superare le sfide: lettura di un file

tempmar<-scan("tempsea.dat",sep="")

Se i dati da analizzare formano un unico flusso omogeneo (ovvero sono sulla singola colonna di una matrice) possono essere letti con il comando **scan**

Sep indica il carattere che separa i diversi dati

Esempio:

Media mensile della tempertura al livello del mare a Callao Peru (1956-1985)

I dati sono contenuti nel file testo: tempsea.dat

```
> tempmar
  [1] 19.4 21.2 22.6 21.5 19.6 18.0 17.8 17.0 17.2 16.8 17.0 17.6 18.5 19.0 18.4
 [16] 17.1 16.3 15.4 15.9 14.6 15.0 15.1 15.8 18.2 20.8 19.6 17.8 18.4 17.0 16.8
 [31] 16.6 15.9 16.3 15.7 16.1 16.8 18.4 19.8 20.2 18.8 18.2 17.8 17.6 17.0 16.6
 [46] 16.2 16.4 16.2 17.8 22.3 22.1 21.8 22.2 21.2 20.3 18.7 17.7 17.9 17.9 20.6
 [61] 21.8 22.2 22.0 20.1 18.8 18.2 18.0 17.0 17.0 17.1 17.5 17.0 19.0 21.2 20.6
 [76] 19.6 18.7 17.8 16.9 16.6 16.8 17.2 17.6 18.6 19.0 19.5 19.2 18.0 17.2 17.1
 [91] 16.6 16.8 16.7 16.6 16.6 17.6 19.0 20.6 19.3 18.7 18.2 17.3 16.7 16.6 16.4
[106] 16.4 16.4 16.8 19.0 19.1 18.1 17.4 17.6 17.0 16.6 16.4 16.6 16.0 16.4 16.5
[121] 17.4 18.8 19.4 18.2 18.4 17.9 17.7 17.4 17.3 17.0 17.0 18.0 19.0 19.5 19.2
[136] 17.8 16.2 15.6 15.3 15.7 15.8 16.0 16.2 16.2 17.6 19.6 20.4 21.3 20.6 19.5
[151] 19.0 18.4 17.6 17.5 17.9 18.6 19.9 20.4 19.2 18.1 17.5 16.8 16.4 16.2 15.6
[166] 16.2 16.5 16.8 18.4 19.6 19.1 17.6 16.9 16.2 16.1 15.4 15.4 15.0 15.1 16.4
[181] 17.6 17.6 18.5 16.6 16.4 15.5 15.8 16.0 16.4 16.1 16.6 17.1 18.7 19.0 20.4
[196] 20.5 21.0 19.5 17.4 17.3 17.2 17.3 17.3 17.8 19.2 19.8 20.0 19.1 18.6 17.8
[211] 16.8 16.9 16.9 17.3 17.0 17.2 18.2 19.1 19.6 19.8 18.7 18.0 18.0 18.0 17.4
[226] 16.8 17.1 17.2 18.6 20.6 21.8 21.4 21.0 21.4 21.1 20.0 18.9 19.0 19.3 21.4
[241] 23.2 23.0 21.3 18.4 17.4 16.6 16.0 15.5 15.7 16.2 17.1 16.4 17.0 18.2 18.6
[256] 18.9 18.6 19.1 17.6 16.8 16.1 15.8 16.5 16.3 16.7 18.1 21.1 19.8 18.6 16.9
[271] 16.7 16.1 16.0 15.9 15.6 16.4 17.2 21.0 21.3 19.6 19.8 19.9 19.4 19.1 17.6
[286] 18.0 18.4 20.2 20.4 20.5 20.6 20.6 19.1 18.2 17.6 17.0 16.6 16.6 17.2 17.8
[301] 18.0 20.0 19.9 19.1 17.6 16.5 16.6 15.9 16.2 16.6 17.1 17.3 18.5 18.5 19.2
[316] 19.0 18.3 17.3 17.4 17.4 17.0 17.2 17.4 18.3 18.6 18.8 19.4 19.1 18.3 18.0
[331] 17.5 16.8 16.6 16.6 16.9 17.6 17.4 18.8 18.5 18.3 18.5 17.6 16.8 16.8 16.2
[346] 17.0 16.9 17.0 17.6 18.8 19.1 18.9 19.3 18.6 18.4 17.6 17.5 19.3 21.9 23.7
```

Soluzione di problemi: http://pj.freefaculty.org/R/Rtips.html

Funzioni statistiche

Dato un campione A, per calcolarne la media, la varianza, la deviazione standard e la mediana si usano le seguenti funzioni:

A<-tempmar

> mean(A)
> var(A)
> sd(A)
> median(A)

```
mad(x, center = median(x), constant = 1.4826, na.rm = FALSE,
    low = FALSE, high = FALSE)
```

Il numero dei casi di A, il valore massimo e il minimo si ottengono con le chiamate:

> length(A)
> max(A)
> min(A)

La funzione summary genera un riepilogo di sei statistiche calcolate sul campione, ossia il minimo,
il primo quartile, la media, la mediana il terzo quartile e il massimo. Ad esempio, sul campione dei
primi 20 numeri interi si ottiene il seguente output:

```
> A <- 1:20 # vettore contenente i primi 20 numeri interi positivi
> summary(A)
Min. 1st Qu. Median Mean 3rd Qu. Max.
1.00 5.75 10.50 10.50 15.25 20.00
```

Calcolo delle medie

```
Quota<-scan("Cadmium.txt",sep=" ")
N<-length(Quota)
# Medie ferme o analitiche
MQ<-sqrt(sum(Quota^2)/n) # Media quadratica
MA<-mean(Quota) # Media aritmetica
MG<-exp(sum(log(Quota))/n)  # Media geometrica
MH<-n/sum(1/Quota) # Media armonica
MB<-sqrt(n/sum(1/Quota^2))  # Media biarmonica
cat(MQ,MA,MG,MH,MB,"\n") # Medie lasche
Mp1<-mean(Quota,trim=0.1) # Media potata del 10% agli estremi
Mo<-sort(Quota)[which.max(table(Quota))] # Moda
Me<-median(Quota) # Mediana
cat(Mp1,Mo,Me,"\n")
```

62.0723 57.24419 51.5021 44.82847 37.84315

56.16571 11.9 56.7

Sequenza delle operazioni

Le parentesi stabiliscono la sequenza delle operazioni. Il comando

> C<-A+2*sqrt(A)/A+5*sqrt(A)

produce un risultato diverso se scritto come

> C<-A + 2*(sqrt(A)/A) + 5*sqrt(A)

Senza ulteriori specificazioni, la sequenza è

(1) Exponenziazione
(2) moltiplicazione e divisione
(3) addition and subtraction

> b <- 12-4/2^3 produce 12 - 4/8 = 12 - 0.5 = 11.5

> b <- (12-4)/2^3 produce 8/8 = 1

> b <- -1^2 produce -(1^2) = -1

> b <- (-1)^2 produce 1

Fattori (variabili nominali)

Gestione dei dati categoriali con R.

Alcune volte sono espressi con dei numeri, ma occorre avvertire il software che sono solo dei codici

La tipologia di dati "factor" è utile per gestire I dati categoriali cioè dati che variano in un insieme di codici alfanumerici

```
> pain <- c(0, 3, 2, 2, 1)
> fpain <- factor(pain, levels = 0:3)
> fpain
[1] 0 3 2 2 1
Levels: 0 1 2 3
> levels(fpain) <- c("none", "mild", "medium", "severe")
> fpain
[1] none   severe medium medium mild
Levels: none mild medium severe
> as.numeric(fpain)
[1] 1 4 3 3 2

> text.pain <- c("none", "severe", "medium", "medium",
+     "mild")
> factor(text.pain)
[1] none   severe medium medium mild
Levels: medium mild none severe
```

Fattori/2

L'ordinamento dei livelli è alfabetico (per default). In alcuni casi è preferibile speficarlo direttamente

$$X <- c("a","b","c","c","a","a","b","a","a","c","c","b")$$

$$Y <- c(1,3,5,5,4,3,2,1,5,3,1,2,3,4,5,4,1,5)$$

- `>x<-factor(x)`
  si crea un factor da caratteri che saranno ordinati secondo ordine alfabetico
- `>y<-factor(y)`
  si crea un factor da numeri che saranno ordinati secondo l'ordine naturale
- `>x<-ordered(x),levels=c("c","b","a"))`
  si crea un factor da caratteri che saranno ordinati secondo l'ordine dato dall'opzione `levels`
- `>y<-ordered(y),levels=c(5,4,3,2,1))`
  si crea un factor da numeri che saranno ordinati secondo l'ordine dato dall'opzione `levels`

Fattori/3

```
sex <- c("male","male","female","male","female") # sex è di tipo carattere, va trasformato
sex <- factor(sex)
sex
[1] male male female male female # le modalità si controllano con levels
levels(sex)
[1] "female" "male"
# L'esito è di tipo character. Un alternativa è la seguente
sex <- c(1,1,2,1,2)
# The object `sex' is an integer variable, you need to transform it to a factor.
sex <- factor(sex)
sex
[1] 1 1 2 1 2
Levels: 1 2
```

The object `sex' looks like, but is not an integer variable. The 1 represents level "1" here. So arithmetic operations on the sex variable are not possible:

```
sex + 7
[1] NA NA NA NA NA
Warning message:
+ not meaningful for factors in: Ops.factor(sex, 7)
```

It is better to rename the levels, so level "1" becomes male and level "2" becomes female:

```
levels(sex) <- c("male","female")
sex
[1] male male female male female
```

Fattori/4

```
# You can transform factor variables to double or integer variables using the as.double
or as.integer function.

sex.numeric <- as.double(sex)
sex.numeric
[1] 2 2 1 2 1

# The 1 is assigned to the female level, only because alphabetically female comes rst. If
the order of the levels is of importance, you will need to use ordered factors.
# Use the function ordered and specify the order with the levels argument. For example:

Income <- c("High","Low","Average","Low","Average","High","Low")
Income <- ordered(Income, levels=c("Low","Average","High"))
Income
[1] High Low Average Low Average High Low
Levels: Low < Average < High

# The last line indicates the ordering of the levels within the factor variable. When you
transform an ordered factor variable, the order is used to assign numbers to the levels.

Income.numeric <- as.double(Income)
Income.numeric
[1] 3 1 2 1 2 3 1
```

Accesso agli elementi del vettore

Si deve indicare la posizione cercata tra parentesi quadre

Gli indici in indirizzo posono essere anche vettori.

Un indice negativo implica l'esclusione di un elemento

```
> x
 [1]  1  3  5  7  9 11 13 15 17 19
> x[7]
[1] 13
> x[1:4]
[1] 1 3 5 7
> x[seq(1,10,by=3)]
[1]  1  7 13 19
> x[-c(2,6)]
[1]  1  5  7  9 13 15 17 19

> x[x<=7 | x>=13]
[1]  1  3  5  7 13 15 17 19
> x[x>=5 & x<=12]
[1]  5  7  9 11
```

Richiamo di elementi

```
> intake.pre
 [1] 5260 5470 5640 6180 6390 6515 6805 7515 7515 8230 8770
> intake.pre[5]
[1] 6390
> intake.pre[c(3, 5, 7)]
[1] 5640 6390 6805
> ind <- c(3, 5, 7)
> intake.pre[ind]
[1] 5640 6390 6805
> intake.pre[8:13]
[1] 7515 7515 8230 8770   NA   NA
> intake.pre[c(1, 2, 1, 2)]
[1] 5260 5470 5260 5470
```

Se si usa un indice maggiore della lunghezza saranno inseriti dei codici NA

Gli indici possono essere ripetuti richiamando più volte lo stesso elemento

Indici negativi (esclusioni)

Se l'indice è preceduto da un segno negativo ciò implica l'esclusione del corrispondente elemento

```
> intake.pre
 [1] 5260 5470 5640 6180 6390 6515 6805 7515 7515 8230 8770
> intake.pre[-5]
 [1] 5260 5470 5640 6180 6515 6805 7515 7515 8230 8770
> ind <- -c(3, 5, 7)
> ind
[1] -3 -5 -7
> intake.pre[ind]
[1] 5260 5470 6180 6515 7515 7515 8230 8770
```

E' bene non mescolare indici negativi ed indivi positivi

```
                - Attività corsuali
ere      - M o F
eo               - Umanistico o scientifico
izione      - Scelta di immatricolazione
e_Abb        - Mese di abbandono studi
<-read.table("IscriStat1.csv",sep=",",dec=".",head=T)
n(Iscri)
y(Iscri)
-factor(Finale,levels=c("Basso","Medio","Alto"))
<-factor(Genere,levels=c("F","M"),labels=c("Donna","Uomo"))
aSec<-
(Liceo,levels=c("Sc","Um"),labels=c("Scientifico","Altri"))
-
(Mese_Abb,ordered=TRUE,levels=c(1:12),labels=c("Ott","Nov","Dic","Gen
","Mar","Apr","Mag","Giu","Lug","Ago","Set"))
zione<-factor(Iscrizione)
l<-table(Mese);print(Table1)
2<-table(Bonus); print(Table2)# Soluzione inefficace
i<-c(40,44,48,52,56,60)
4<-table(cut(Bonus,br=classi,right=FALSE)); print(Table4)
Bonus,main="Istogramma dei valori osservati",ylab="Frequenze
ive",xlab="Bonus del
',breaks=classi,freq=FALSE,right=TRUE,col="purple4")
4<-table(Voto,cut(Bonus,br=classi,right=FALSE));print(Table4)
5<-prop.table(Table4);print(Table5,digits=3) # Frequenze relative
```

Lo script

Le analisi diventano più gestibili ed efficienti se i comandi sono inseriti in un file testo da richiamare in blocco o a gruppi di righe.

Ogni sistema ha il suo modo di rendere disponibili gli script (win ha il notepad). Anche Word va bene.

```
Sesso = as.factor(c("F","F","M","M","M", "M", "F", "M", "F", "M", "F",
"M", "M",
 "F", "M", "M", "M", "M", "F","M","M","F","M","F"))
Eta = c(25,26,19,20,23, 34, 45, 18, 27, 32, 43, 61, 29, 27, 38, 40, 51,
26, 54,
18,18,19,21,22)
PrimaAuto = factor(c(2,2,1,2,1,0,0,1,1,0,0,0,1,1,0,1,0,1,0,1,1,0,2,2),
labels
= c("No", "Si","UENP"))
table(Sesso); table(Eta); table(PrimaAuto) # tabelle marginali
tab <- table(Sesso) # Cattura dei valori
tab/sum(tab)      # tabella frequenze relative
tab<- table(Sesso, PrimaAuto); tab # tabella a doppia entrata
margin.table(tab,1); margin.table(tab,2) # marginali di riga e colonna
```

Tipologia e rappresentazione

Per default R usa una aritmetica in doppia precisione

```
> x<-c(-3.4, 2.8, 0, 5, -17)
> mode(x)
[1] "numeric"
> storage.mode(x)
[1] "double"
```

```
> is.na(c(Inf, NaN, NA, 1))
[1] FALSE TRUE TRUE FALSE
> is.nan(c(Inf, NaN, NA, 1))
[1] FALSE TRUE FALSE FALSE
> is.finite(c(Inf, NaN, NA, 1))
[1] FALSE FALSE FALSE TRUE
```

Possiamo modificare la rappresentazione interna con la coercizione

```
> x<-as.integer(x)
> x
[1] -3  2  0  5 -17
> mode(x)
[1] "numeric"
> storage.mode(x)
[1] "integer"
```

Se ignoriamo la natura di un dato, possiamo chiedere ad R di indicarlo

```
> a<-"Cielo";is.numeric(a)
[1] FALSE
> b<-21;is.logical(b)
[1] FALSE
> c<-TRUE; is.character(c)
[1] FALSE
```

Coercizione

Esistono diverse funzioni che convertono i dati da una tipologia ad un'altra

```
> as.numeric(c("1", "2", "2a", "b"))
[1] 1 2 NA NA
> as.numeric(c(TRUE, FALSE, NA))
[1] 1 0 NA
> as.character(c(TRUE, FALSE, NA))
[1] "TRUE" "FALSE" NA
```

Alcune sorprese

```
> 1 == TRUE
[1] TRUE
> 1 == "1"
[1] TRUE
> "1" == TRUE
[1] FALSE
```

Alcune procedure si aspettano oggetti aventi natura specifica. Se non si è sicuri, è meglio verificare con il comando typeof()

Arrotondamenti

Se per avere gli interi si vuole evitare la coercizione si possono usare altri comandi

```
> x<-c(-3.46, 2.84, 0.50, 5, -17)
> x
[1]  -3.46   2.84   0.50   5.00 -17.00
> y<-round(x,digits=2)
> y
[1]  -3.46   2.84   0.50   5.00 -17.00
> z<-round(x,digits=1)
> z
[1]  -3.5   2.8   0.5   5.0 -17.0
> w<-round(x,digits=0)
> w
[1]  -3   3   0   5 -17
> storage.mode(w)
[1] "double"
```

```
> Debito<-1000000000 # Un miliardo
> Tasso<-2.175
> Interesse1<-Debito*2.17/100
> Interesse2<-Debito*2.18/100
> Interesse3<-Debito*2.175/100
> Interessi< c(Interesse1,Interesse2,Interesse3)
> Interessi
[1] 21 700 000  21 800 000  21 750 000
```

Le differenze sono ben visibili.

round usa la regola del "5": 0-4=intero inferiore, 5-9= intero superiore

Altri arrotondamenti

ceiling
Restituisce l'intero più piccolo maggiore dell'argomento.

floor
Restituisce l'intero più grande minore dell'argomento.

trunc

Escude la parte decimale di un numero

signif

Arrotonda al numero di ciffre significative indicate

Per fissare il numero di cifre da visualizzare si usa il option(digits=n)
in questo modo tutte le cifre successivamente ottenute saranno visualizzate con n cifre decimali.

Altri arrotondamenti/2

```
> x2 <- pi * 100^(-1:3) # questo è un vettore
> x2
[1] 3.141593e-02 3.141593e+00 3.141593e+02 3.141593e+04 3.141593e+06

> ceiling(x2)
[1]      1      4    315   31416   3141593 # intero superiore più piccolo

> floor(x2)
[1]      0      3    314   31415   3141592 # intero inferiore più grande

> trunc(x2, 4)
[1]      0      3    314   31415   3141592 # buttare cifre decimali

> signif(x2, 4)
[1] 3.142e-02  3.142e+00  3.142e+02 3.142e+04 3.142e+06 # esprimere il numero sempre con le stesse cifre

> round(x2, 4)
[1]      0.0314      3.1416     314.1593   31415.9265 3141592.6536
```

Operatività di R

L'ambiente R è subito operativo

Ghosh studia il dataset relativo al livello delle piene del fime Iroquois (IN-USA).

14.1 15.2 18.0 19.1 20.7 22.6 23.9 27.3 33.3 33.4 33.6 34.3 37.1 41.1 42.7 45.1 45.3 47.4 48.0 51.0 55.1 63.3 70.3 74.0 77.7 77.9 83.0 93.4 106.0 109.0 130.0 146.0

Per analizzarlo occorre potarlo nello spazio di lavoro di R

Possibilità 1) Digitazione diretta

River<-c(14.1, 15.2, 18.0, 19.1, 20.7, 22.6, 23.9, 27.3, 33.3, 33.4, 33.6, 34.3, 37.1, 41.1, 42.7, 45.1, 45.3, 47.4, 48.0, 51.0, 55.1, 63.3, 70.3, 74.0, 77.7, 77.9, 83.0, 93.4, 106.0, 109.0, 130.0,146.0)

I valori confluiscono nell'oggetto River che si autoconfigura come vettore di valori.

L'oggetto River è immediatamente disponibile per le elaborazioni

```
> River
 [1]  14.1  15.2  18.0  19.1  20.7  22.6  23.9  27.3  33.3  33.4  33.6  34.3  37.1  41.1  42.7
[16]  45.1  45.3  47.4  48.0  51.0  55.1  63.3  70.3  74.0  77.7  77.9  83.0  93.4 106.0 109.0
[31] 130.0 146.0
```

Uso dei dati: distribuzione di frequenza

```
> table(River)
River
14.1 15.2   18 19.1 20.7 22.6 23.9 27.3 33.3 33.4 33.6 34.3 37.1 41.1 42.7 45.1
   1    1    1    1    1    1    1    1    1    1    1    1    1    1    1    1
45.3 47.4   48   51 55.1 63.3 70.3   74 77.7 77.9   83 93.4  106  109  130  146
   1    1    1    1    1    1    1    1    1    1    1    1    1    1    1    1
```

Così non è molto utile: ogni dato rappresenta se stesso

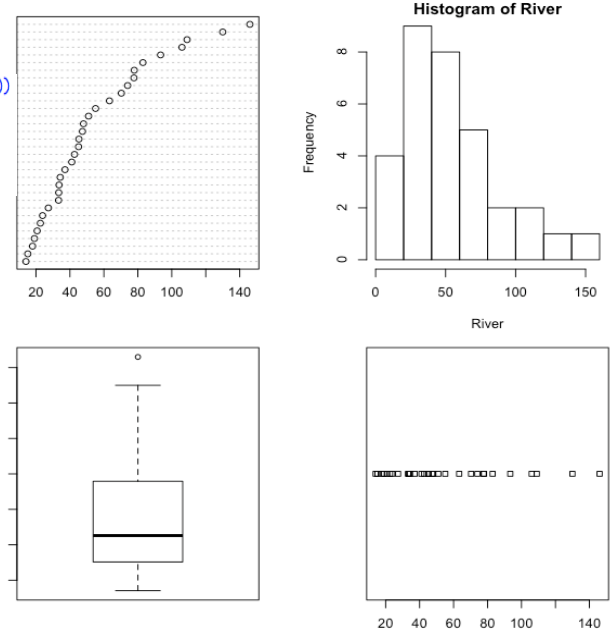
table(cut(River,breaks=c(10,20,40,80,160)))

```
> table(cut(River,breaks=c(10,20,40,80,160)))

 (10,20]  (20,40]  (40,80] (80,160]
       4        9       13        6
```

Il raggruppamento in classi aiuta a percepire l'ordine generale del fenomeno

Esempio

```
> par(mfrow=c(2,2),mar=c(4.0,4.5,1,2))
> dotchart(River)
> hist(River)
> boxplot(River)
> stripchart(River)
```



I quattro comandi richiamano altrettanti grafici standard per la descrizione dei dati.

In ogni comando sono previste opzioni che ne migliorano l'estetica ed agevolano la comunicazione dei messaggi.

Maggiori notizie con l'help di linea o sui manuali

```
esta lettura non va bene perché i nomi sulle righe sono ripetuti.
g<-
.table("demoitalia.txt",sep="",dec=",",header=TRUE,row.names=1)
g<-read.table("demoitalia.txt",sep="",dec=".",header=TRUE)
esta va bene, ma ora la chiave del record è una variabile nominal
l<-Demog[,6];Natal
cupero di una variabile ed assegnazione ad un oggetto
ector(Natal);is.matrix(Natal) # Controllo della tipologia
l.mat<-as.matrix(Natal)  # Trasformazione in matrice
ector(Natal);is.matrix(Natal)
ength(Natal)    # ampiezza del campione
mean(Natal)     # media aritmetica
median(Natal)   # calcolo della mediana
-sd(Natal)      # scarto quadratico medio
(n*sum((Natal.mat-Mu)^3))/((n-1)*(n-2)) # Momento terzo
 M3/(Sqm^3)     # Indice di asimmetria (uno dei tanti)
(n*(n+1)*(sum((Natal.mat-Mu)^4))-3*(n-1)*((sum((Natal.mat-Mu)^2)
1-1)*(n-2)*(n-3)) # Momento quarto
M4/Sqm^4        # Indice di curtosi (uno dei tanti)
1,Mu,Me,Sqm,M3,G1,M4,G2,"\n")
suguaglianza di Pearson (1916)
<-(G2+3) >= (G1^2+1);Test
```

Operatività di R/2

Possibilità 2) Importazione di dati come flusso da un file testo

Glucosio nel sangue di 46 soggetti anziani

3.52, 3.905, 4.07, 4.07, 4.29, 4.345, 4.4, 4.455, 4.565,4.62, 4.62, 4.675, 4.840, 4.840, 4.895, 4.895, 4.95, 4.95, 5.115, 5.115, 5.225, 5.225, 5.225, 5.335, 5.335, 5.39, 5.39, 5.39, 5.455, 5.555, 5.61, 5.665, 5.72, 5.775, 5.83, 5.83, 5.885, 5.885, 6.215, 7.095, 7.205, 8.14, 9.9, 10.89, 11.605,12.045

Ipotizziamo che i dati siano in un file testo: Glucosio.txt, separati da virgole

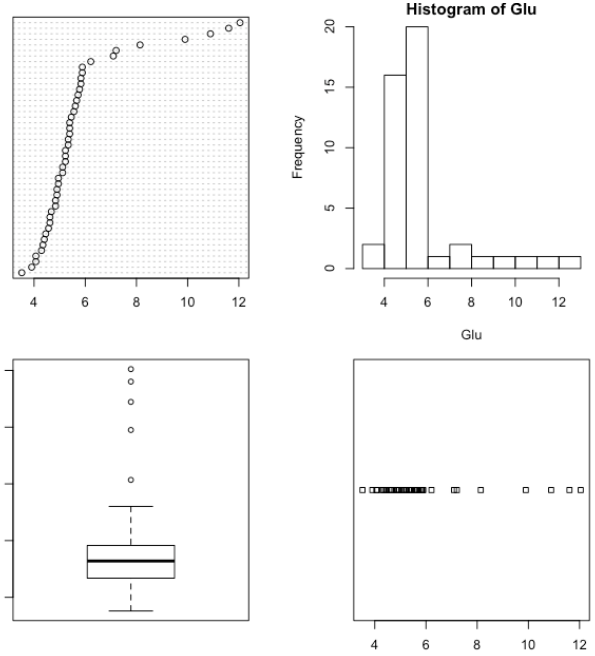
```
> Glu<-scan("Glucosio.txt",sep=",") # il separatatore può essere anche “;” o “ “
```

I valori confluiscono nell’oggetto Glu che si autoconfigura come vettore di valori.

L’oggetto Glu è immediatamente disponibile per le elaborazioni

```
> Glu
 [1]  3.520  3.905  4.070  4.070  4.290  4.345  4.400  4.455  4.565  4.620  4.620  4.675  4.840
[14]  4.840  4.895  4.895  4.950  4.950  5.115  5.115  5.225  5.225  5.225  5.335  5.335  5.390
[27]  5.390  5.390  5.455  5.555  5.610  5.665  5.720  5.775  5.830  5.830  5.885  5.885  6.215
[40]  7.095  7.205  8.140  9.900 10.890 11.605 12.045
```

Le opzioni **mfrow** e **mar** nel comando **par** specificano dettagli per I grafici.
c(2,2) vuol dire quattro grafici a matrice due righe e due colonne. I margini sono riferiti all’area del grafico dove R riporta le figure.




```
par(mfrow=c(2,2),
mar=c(4.0,4.5,1,2))
Glu<-
scan("Glucosio.txt",sep=
",")
dotchart(Glu)
hist(Glu)
boxplot(Glu)
stripchart(Glu)
```

Esempio

Data frame (matrici di dati)

I data frame sono tabelle di elementi non necessariamente omogenei

```
> intake.pre <- c(5260, 5470, 5640, 6180, 6390,
+     6515, 6805, 7515, 7515, 8230, 8770)
> intake.post <- c(3910, 4220, 3885, 5160, 5645,
+     4680, 5265, 5975, 6790, 6900, 7335)

> d <- data.frame(intake.pre, intake.post)
> d
   intake.pre intake.post
1        5260        3910
2        5470        4220
3        5640        3885
4        6180        5160
5        6390        5645
6        6515        4680
7        6805        5265
8        7515        5975
9        7515        6790
10       8230        6900
11       8770        7335
> d$intake.post
 [1] 3910 4220 3885 5160 5645 4680 5265 5975 6790 6900 7335
```

Data frames /2

E’ la tipica organizzazione dei dati che si incontra nelle analisi statistiche.

E’ una tabella rettangolare con righe e colonne: le righe possono avere composizione eterogenea, ma le colonne debbono contenere dati della stessa natura (stringa, logico, numerico).

Il comando per caricare la matrice dei dati è **read.table**

Nome	Tempo_totale	Interventi	Giudizio	Perc_errore	Leadership
A.V.	98	2	scarso	0.43	F
C.D.	103	3	buono	0.28	F
N.S.	104	4	ottimo	0.44	T
S.F.	76	2	scarso	0.49	F
F.O.	92	3	medio	0.37	F
R.A.	119	4	ottimo	0.32	T
M.F.	81	0	sufficiente	0.41	F
R.T.	78	2	pessimo	0.35	T
D.S.	96	1	buono	0.37	F
G.A.	103	4	buono	0.41	F
R.S.	88	2	medio	0.40	F

Lettura di una matrice di dati

I dati possono essere importati da altri programmi. Ad esempio EXCEL

Sulla destra sono riportati I dati di 12 Paesi del Sud America (fonte UNESCO, 1990

I nomi delle variabili sono sulla prima riga ed il nome dei Paesi è sulla prima colonna

	Birth R.	Inf.M.	GNP
Argentina	20.7	25.7	2370
Bolivia	46.6	111.0	630
Brazil	28.6	63.0	2680
Chile	23.4	17.1	1940
Colombia	27.4	40.0	1260
Ecuador	32.9	63.0	980
Guyana	28.3	56.0	330
Paraguay	34.8	42.0	1110
Peru	32.9	109.9	1160
Uruguay	18.0	21.9	2560
Venezuela	27.5	23.3	2560
Mexico	29.0	43.0	2490

LA<-read.table("LAmer.dat", header=TRUE, row.names=1,dec="."

Scrivendo LA I dati diventano disponibili

Lettura di una matrice dei dati/2

```
Work<-read.table("Colloqui.csv",header=TRUE,row.names=1,sep=",",dec=".")
```

Il file deve esistere nella cartella di lavoro in formato .csv o in formato .txt

```
> Work<-read.table("Colloqui.csv",header=TRUE,row.names=1,sep=",",dec=".")
> Work
     Tempo_totale Interventi    Giudizio Perc_errore Leadership
A.V.           98          2      scarso        0.43      FALSE
C.D.          103          3      buono         0.28      FALSE
N.S.          104          4      ottimo        0.44       TRUE
S.F.           76          2      scarso        0.49      FALSE
F.O.           92          3      medio         0.37      FALSE
R.A.          119          4      ottimo        0.32       TRUE
M.F.           81          0 sufficiente        0.41      FALSE
R.T.           78          2     pessimo        0.35       TRUE
D.S.           96          1      buono         0.37      FALSE
G.A.          103          4      buono         0.41      FALSE
R.S.           88          2      medio         0.40      FALSE
>
```

Data frame e tabelle

Il data.frame può essere creato con vettori da console

```
A1<-c(1, 3, 5, 9, 11, 32, 28, 14, 17, 19, 22, 31)
A2<-c(-1, 0, 2, -2, 4, 2, 5, 2, -1, -1, 0, 2)
A3<-c(3.14, 2.71, 1.41, 3.6,1.8, 0.9, 2.7, 1.9, 2.4, 3.3, 0.7, 0.5)
A4<-c(2,3,2,4,3,2,1,3,4,1,2,2)
A<-cbind(A1,A2,A3,A4)
rownames(A)<-month.abb
colnames(A)<-c("Intero","Relativo","Frazionario","Codice")
A<-data.frame(A)
print(A)
attach(A)
table(Codice)
table(Codice)/length(Codice)
table(Codice)*100/length(Codice)
```

Data frame e tabelle (predefiniti)

```
data("Forbes2000",package="HSAUR") # carica il data set
 head(Forbes2000,3) # visualizza i primi 3 record
Posiz<-c(1,3,5);print(Forbes2000[Posiz,]) # visualizza record specifici
dim(Forbes2000)
ncol(Forbes2000)
nrow(Forbes2000)
names(Forbes2000)

Forbes2000[1:4,c("name","sales","profits","assets")] # scelta di righe e colonne

order_sales<-order(Forbes2000$sales)
Forbes2000[order_sales[c(2000,1999,1998)],c("name","sales","profits")]

# top sellers
```

a<-read.table("Rabal.csv",header=TRUE,sep=",",dec=".",row.names=1)

```
> a
      localization tumorsize progress
XX348     proximal       6.3    FALSE
XX234       distal       8.0     TRUE
XX987     proximal      10.0    FALSE
XX123       distal       8.7     TRUE
XX175       distal       9.1    FALSE
```

Subsetting

subset rows by a vector of indices

```
> a[c(1,3),]
      localisation tumorsize progress
XX348    proximal       6.3        0
XX987    proximal      10.0        0
```

subset rows by a logical vector

```
> a[c(T,F,T),]
      localisation tumorsize progress
XX348    proximal       6.3        0
XX987    proximal      10.0        0
```

subset a column

```
> a$localisation
[1] "proximal" "distal"   "proximal"
```

comparison resulting in logical vector

```
>  a$localisation=="proximal"
[1]  TRUE FALSE  TRUE
```

subset the selected rows

```
> a[ a$localisation=="proximal", ]
      localisation tumorsize progress
XX348    proximal       6.3        0
XX987    proximal      10.0        0
```

Esempio Aula

```
### Costituzione di un data frame
# Il data frame è una tabella riga/colonna in cui le unità solo
sulle righe # e le variabili sulle colonne. E' la struttura più
usata in statistica
# Creazione di data frame da tastiera
State<-
c("MA","TX","NH","TX","NH","IL","TX","NH","CA","NH","MD","TX","GA
","TX","MD","MA")
Age<-c(34,41,42,37,35,51,29,33,44,37,42,38,46,36,42,46)
HART<-data.frame(State,Age)
dim(HART)
# Aggiungiamo una variabile
HART$Weight<-
c(195,211,181,164,223,196,174,188,153,242,204,179,184,218,246,188
)
Systolic<-
c(135,140,125,130,135,145,115,130,140,150,130,135,125,140,165,140
)
Diastolic<-c(75,80,65,70,85,85,75,70,80,90,85,70,75,80,100,85)
HART<-cbind(HART,Systolic,Diastolic)
names(HART)
# Lettura diretta del data frame
HART1<-read.table("CARDIAC1.Csv",dec=".",sep=",",header=TRUE)
names(HART1)
#Fusione dei due data set
HART<-rbind(HART,HART1)
# Individuazione di una particolare variabile con richiamo della
colonna specifica
HART$Systolic
HART[,"Systolic"]
HART[,4]
# Righe e colonne
dd<-dim(HART)
nrow<-dd[1];ncol<-dd[2]
cat(nrow,ncol,"\n")
# In alternativa ...
nrow<-length(HART[,1]);ncol<-length(HART[1,])
cat(nrow,ncol,"\n")
### Distribuzioni di frequenza
table(Systolic)
table(Systolic)/nrow
# Per le variabili stringa si devono ordinare i livelli
State.F<-factor(State,levels=c("CA","GA","IL","MA","MD","NH"))
table(State.F)
```

Operatività di R/3

Possibilità 3) Acquisizione di una matrice dei dati

Per analizzare alcuni indicatori sulla presenza di arsenico nell'organismo conviene caricare tutta la matrice dei dati con il comando read.table
Il formato dei dati può essere sia txt (testo) che csv (comma separated values)

```
> Ars<-read.table("Arsenic.csv",sep=",",header=TRUE)
> Ars
   AGE SEX DRINKUSE COOKUSE ARSWATER ARSNAILS
1   44   2        5       5  0.00087    0.119
2   45   2        4       5  0.00021    0.118
3   44   1        5       5  0.00000    0.099
4   66   2        3       5  0.00115    0.118
5   37   1        2       5  0.00000    0.277
6   45   2        5       5  0.00000    0.358
7   47   1        5       5  0.00013    0.080
8   38   2        4       5  0.00069    0.158
9   41   2        3       2  0.00039    0.310
10  49   2        4       5  0.00000    0.105
11  72   2        5       5  0.00000    0.073
12  45   2        1       5  0.04600    0.832
13  53   1        5       5  0.01940    0.517
14  86   2        5       5  0.13700    2.252
15   8   2        5       5  0.02140    0.851
16  32   2        5       5  0.01750    0.269
17  44   1        5       5  0.07640    0.433
18  63   2        5       5  0.00000    0.141
19  42   1        5       5  0.01650    0.275
20  62   1        5       5  0.00012    0.135
21  36   1        5       5  0.00410    0.175
```

Matrice dei dati in un worksheet o in un file testo

AGE	SEX	DRINKUSE	COOKUSE	ARSWATER	ARSNAILS
44	2	5	5	0.00087	0.119
45	2	4	5	0.00021	0.118
44	1	5	5	0	0.099
66	2	3	5	0.00115	0.118
37	1	2	5	0	0.277
45	2	5	5	0	0.358
47	1	5	5	0.00013	0.08
38	2	4	5	0.00069	0.158
41	2	3	2	0.00039	0.31
49	2	4	5	0	0.105
72	2	5	5	0	0.073
45	2	1	5	0.046	0.832
53	1	5	5	0.0194	0.517
86	2	5	5	0.137	2.252
8	2	5	5	0.0214	0.851
32	2	5	5	0.0175	0.269
44	1	5	5	0.0764	0.433
63	2	5	5	0	0.141
42	1	5	5	0.0165	0.275
62	1	5	5	0.00012	0.135
36	1	5	5	0.0041	0.175

Ordinamento e suddivisione (Sort & subset)

```
# Sort & Merge
# Lettura file csvLarc<-read.csv("EserSM.csv", header =
TRUE,row.names=1, sep =";")names(Larc)
# Ordinamento dei record del file secondo i valori ascendenti della variabile
"Semilavorati"
Larc<-Larc[order(Larc[,3],decreasing=FALSE),];Larc
# Ordinamento dei record del file secondo i valori ascendenti delle etichette
in row.names
Larc<-Larc[order(rownames(Larc),decreasing=FALSE),];Lar
# Suddivisione verticale del data set (2 variabili per blocco)
LarcLeft<-Larc[,1:2];LarcLeft
LarcRight<-Larc[,3:4];LarcRight
# Suddivisione orizzontale del data set (Anni minori di 2000 e gli altri)
LarcUp<-subset(Larc, subset=rownames(Larc)<2000);LarcUp
LarcDown<-subset(Larc, subset=rownames(Larc)>=2000);LarcDown
# Riquadri (selezione di righe e colonne)
J<-seq(1,nrow(Larc),by=2)
LarcMix<-subset(Larc[J,],select=c(1,3));LarcMix
```

Fusione di due data sets

```
d1
 id sex tc
 1 Nam 4.0
 2  Nu 3.5
 3  Nu 4.7
 4 Nam 7.7
 5 Nam 5.0
 6  Nu 4.2
 7 Nam 5.9
 8 Nam 6.1
 9 Nam 5.9
10  Nu 4.0
```

```
d2
 id sex tg
 1 Nam 1.1
 2  Nu 2.1
 3  Nu 0.8
 4 Nam 1.1
 5 Nam 2.1
 6  Nu 1.5
 7 Nam 2.6
 8 Nam 1.5
 9 Nam 5.4
10  Nu 1.9
11  Nu 1.7
```

```
d <- merge(d1, d2, by="id",all=TRUE)
d
   id sex.x  tc sex.y  tg
1   1   Nam 4.0   Nam 1.1
2   2    Nu 3.5    Nu 2.1
3   3    Nu 4.7    Nu 0.8
4   4   Nam 7.7   Nam 1.1
5   5   Nam 5.0   Nam 2.1
6   6    Nu 4.2    Nu 1.5
7   7   Nam 5.9   Nam 2.6
8   8   Nam 6.1   Nam 1.5
9   9   Nam 5.9   Nam 5.4
10 10    Nu 4.0    Nu 1.9
11 11  <NA>  NA    Nu 1.7
```

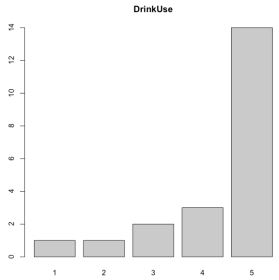
```
# Merge file# Lettura di due file di testo
Family1<-read.table("family.txt", header = TRUE, sep ="\t")
Family2<-read.table("familyBis.txt", header = TRUE, sep ="\t")
# Fusione dei due data set
Family<-merge(Family1,Family2,sort = T,all=T)
```

Esempio

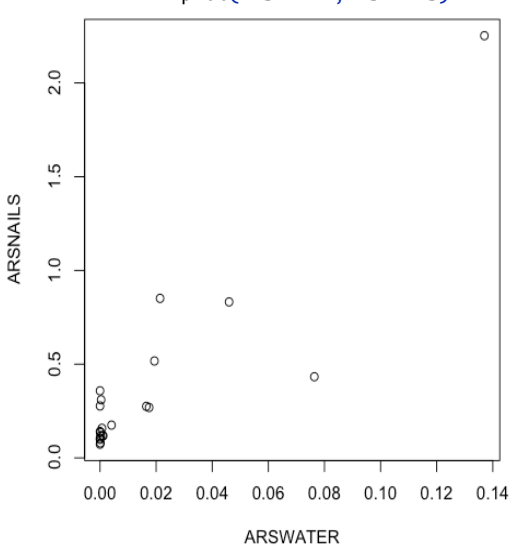
```
Ars<-Read.table("Arsenic.csv",sep=",",header=TRUE
attach(Ars)
```

```
# header=TRUE indica che
il file dati contiene i
nomi delle variabili, se
FALSE o assente, si
presume che i nomi non
siano indicati (R userà
V1,V2, etc.)
```

```
barplot(table(DRINKUS
E),main="DrinkUse")
```




```
plot(ARSWATER,ARSNAILS)
```



Esempio

- **Lettura di un file testo:**

```
> family <-read.table("family.txt",header=TRUE)
> attach(family)
```

- **Calcolo della media:**

```
> mean(age)
[1] 24.95
```

	sex	age	mother	father	siblings
1	m	29	58	61	1
2	w	26	53	54	2
3	m	24	49	55	1
4	w	25	56	63	3
5	w	25	49	53	0
6	w	23	55	55	2
7	m	23	48	54	2
8	m	27	56	58	1
9	m	25	57	59	1
10	m	24	50	54	1
11	w	26	61	65	1
12	m	24	50	52	1
13	m	29	54	56	1
14	m	28	48	51	2
15	w	23	52	52	1
16	m	24	45	57	1
17	w	24	59	63	0
18	w	23	52	55	1
19	m	24	54	61	2
20	w	23	54	55	1

- Sommario dei dati:

```
> summary(family)
 sex         age             mother          father          siblings
 m:11   Min.   :23.00   Min.   :45.00   Min.   :51.00   Min.   :0.00
 w: 9   1st Qu.:23.75   1st Qu.:49.75   1st Qu.:54.00   1st Qu.:1.00
        Median :24.00   Median :53.50   Median :55.00   Median :1.00
        Mean   :24.95   Mean   :53.00   Mean   :56.65   Mean   :1.25
        3rd Qu.:26.00   3rd Qu.:56.00   3rd Qu.:59.50   3rd Qu.:2.00
        Max.   :29.00   Max.   :61.00   Max.   :65.00   Max.   :3.00
```

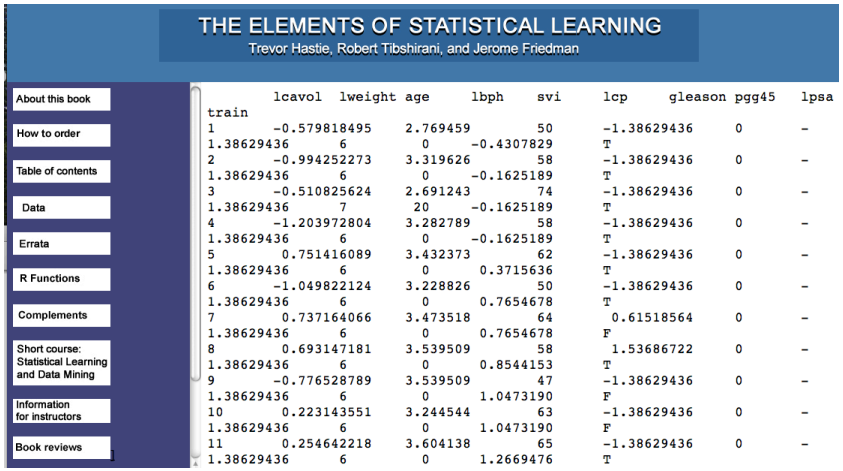
Operatività di R/4

Possibilità 4) Acquisizione dei dati dalla rete

Analisi del dataset Prostate cancer disponibile su

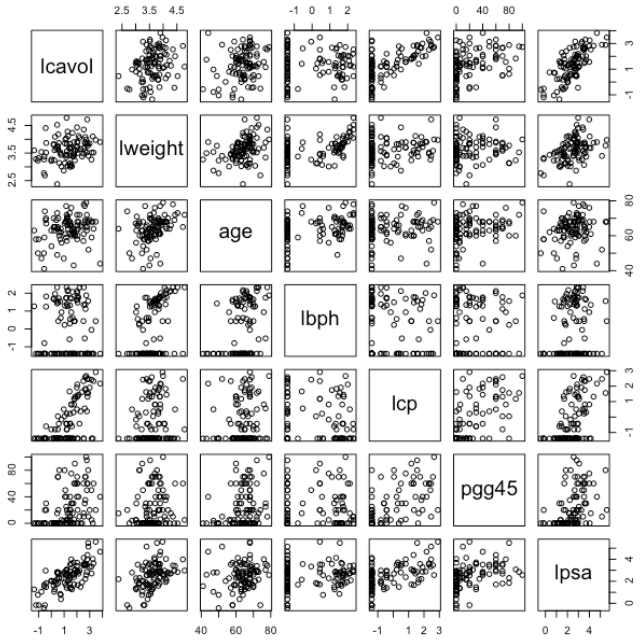
http://www-stat.stanford.edu/~tibs/ElemStatLearn/

Selezionate il data set, copiatelo ed incollatelo in un foglio di lavoro di excel.
Salvate poi in formato csv



Esempio

```
DataMat<-
read.table("Prostat
e.csv",
Sep="",dec=".",head
er=TRUE,
row.names=1)
names(DataMat)
attach(DataMat)
plot(DataMat[,c(1:4
,6,8:9)])
```



Il comando names esplicita I nomi delle variabili della matrice dei dati.

Parentesi e numeri nel comando plot individuano le variabili metriche del data set

Lettura sul sito

Alcuni siti sono predisposti per il caricamento diretto in R

```
LAozone = read.table("http://www-stat.stanford.edu/~tibs/
ElemStatLearn/datasets/LAozone.data",sep=",",head=T)
```

```
> head(LAozone,5) # visualizziamo le prime 5 righe del data frame
  ozone   vh wind humidity temp  ibh dpg ibt vis doy
1     3 5710    4       28   40 2693 -25  87 250   3
2     5 5700    3       37   45  590 -24 128 100   4
3     5 5760    3       51   54 1450  25 139  60   5
4     6 5720    4       69   35 1568  15 121  60   6
5     4 5790    6       19   45 2631 -33 123 100   7
```

Scrittura di un data set

```
## To write a CSV file for input to Excel one might use
x <- data.frame(a = I("a\" quote"), b = pi)
write.table(x, file = "foo.csv", sep = ",", col.names = NA,qmethod =
"double")
## and to read this file back into R one needs
read.table("foo.csv", header = TRUE, sep = ",", row.names = 1)
## NB: you do need to specify a separator if qmethod = "double".
### Alternatively
write.csv(x, file = "foo.csv")
read.csv("foo.csv", row.names = 1)
## or without row names
write.csv(x, file = "foo.csv", row.names = FALSE)
read.csv("foo.csv")## End(Not run)
```

Data set interni

Example, the famous data set Iris per l'analisi multivariata

```
data(iris)
iris
```

	Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species
2	4.9	3.0	1.4	0.2	setosa
3	4.7	3.2	1.3	0.2	setosa
1	5.1	3.5	1.4	0.2	setosa
4	4.6	3.1	1.5	0.2	setosa

To create objects with each column:

```
lengthS<-iris[,1]
widthS<-iris[,2]
nrow(iris)
ncol(iris)
```

Data sets disponibili in R

```
Data sets in package 'datasets':

AirPassengers               Monthly Airline Passenger Numbers 1949-1960
BJsales                     Sales Data with Leading Indicator
BJsales.lead (BJsales)      Sales Data with Leading Indicator
BOD                         Biochemical Oxygen Demand
CO2                         Carbon Dioxide uptake in grass plants
ChickWeight                 Weight versus age of chicks on different diets
DNase                       Elisa assay of DNase
EuStockMarkets              Daily Closing Prices of Major European Stock Indices, 1991-1998
Formaldehyde                Determination of Formaldehyde
HairEyeColor                Hair and Eye Color of Statistics Students
Harman23.cor                Harman Example 2.3
Harman74.cor                Harman Example 7.4
Indometh                    Pharmacokinetics of Indomethicin
InsectSprays                Effectiveness of Insect Sprays
JohnsonJohnson              Quarterly Earnings per Johnson & Johnson Share
LakeHuron                   Level of Lake Huron 1875-1972
LifeCycleSavings            Intercountry Life-Cycle Savings Data
Loblolly                    Growth of Loblolly pine trees
Nile                        Flow of the River Nile
Orange                      Growth of Orange Trees
OrchardSprays               Potency of Orchard Sprays
PlantGrowth                 Results from an Experiment on Plant Growth
Puromycin                   Reaction velocity of an enzymatic reaction
Seatbelts                   Road Casualties in Great Britain 1969-84
Theoph                      Pharmacokinetics of theophylline
Titanic                     Survival of passengers on the Titanic
ToothGrowth                 The Effect of Vitamin C on Tooth Growth in Guinea Pigs
UCBAdmissions               Student Admissions at UC Berkeley
UKDriverDeaths              Road Casualties in Great Britain 1969-84
UKgas                       UK Quarterly Gas Consumption
```

Ogni pacchetto ha la propria dotazioe di data set interni

Per richiamare questi data sets bisogna inserirne il nome tra parentesi tonde precedute dal comando data:

Esempio:

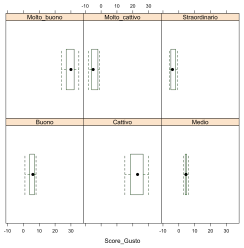
data(islands)

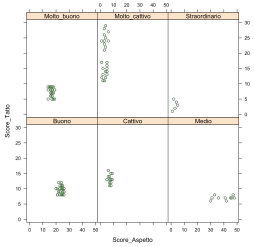
Per visualizzare I dati in esso contenuti basta scrivere

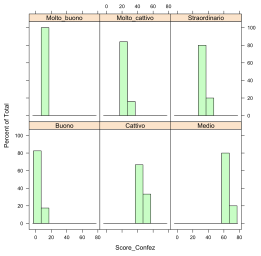
islands

```
> islands
     Africa  Antarctica        Asia   Australia
      11506        5500       16988        2968
Axel Heiberg      Baffin       Banks      Borneo
         16         184          23         280
    Britain     Celebes       Celon        Cuba
         84          73          25          43
      Devon    Ellesmere      Europe   Greenland
         21          82        3745         840
     Hainan   Hispaniola    Hokkaido     Honshu
         13          30          30          89
    Iceland     Ireland        Java      Kyushu
         40          33          49          14
     Luzon  Madagascar    Melville    Mindanao
         42         227          16          36
  Moluccas  New Britain  New Guinea New Zealand (N)
         29          15         306          44
New Zealand (S) Newfoundland North America  Novaya Zemlya
         58          43        9390          32
Prince of Wales     Sakhalin South America  Southampton
         13          29        6795          16
   Spitsbergen     Sumatra      Taiwan     Tasmania
         15         183          14          26
Tierra del Fuego      Timor   Vancouver     Victoria
         19          13          12          82
```

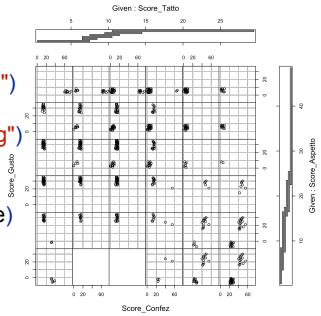
Grafici per dati raggruppati








```
# Grafici per dati raggruppati
Base<-read.table(file="Tryprodotto.csv",header=T,sep=";")
names(Base);attach(Base)
library(lattice);lattice.options(default.theme = "col.whitebg")
bwplot(~Score_Gusto| Target, data = Base)
histogram(~Score_Confez| Target, data = Base)
xyplot(Score_Tatto ~ Score_Aspetto| Target, data = Base)
coplot(Score_Gusto ~ Score_Confez | Score_Tatto *
Score_Aspetto, data = Base)
```



Calcoli ripetuti: ciclo di for

Possiamo ripetere dei segmenti di calcolo senza dover ripetere la scrittura dei comandi.

Per visualizzare i numeri da uno a 10 ed i loro logaritmi naturali possiamo scrivere

```
for (i in 1:10) {cat(i,log(i),"\n")}
```

```
for (indice del ciclo)
  {
   comandi
  }
```

```
> for (i in 1:10) {cat(i,log(i),"\n")}
1 0
2 0.6931472
3 1.098612
4 1.386294
5 1.609438
6 1.791759
7 1.94591
8 2.079442
9 2.197225
10 2.302585
```

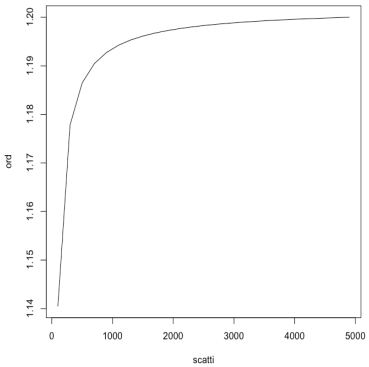
Ripeti i comandi tra la prima e l'ultima parentesi a graffe nel tanto che l'indice i scorre dal valore iniziale della sequenza al valore finale

Ciclo di for e concetto di limite

$$\kappa = \sum_{k=2}^{\infty} \frac{1}{k^2} \sum_{j=1}^{k-1} \frac{1}{j} \quad (\approx 1.201)$$

```
scatti<-seq(100,5000,by=200)
conta<-0
m<-length(scatti)
ord<-matrix(0,m)
for (n in scatti)
{
kappa <- 0;conta<-conta+1
for (k in 2:n)
{ j <- 1:(k-1)
kappa <- kappa + sum(1/j)/k^2
}
ord[conta]<-kappa
cat(n,kappa,"\n")
}
plot(scatti,ord,type="l")
```

```
100 1.140516
300 1.177825
500 1.186488
700 1.190453
900 1.192751
1100 1.19426
1300 1.195331
1500 1.196132
1700 1.196755
1900 1.197255
2100 1.197664
2300 1.198006
2500 1.198297
2700 1.198547
2900 1.198764
3100 1.198955
3300 1.199124
3500 1.199275
3700 1.199410
3900 1.199533
4100 1.199644
4300 1.199745
4500 1.199837
4700 1.199923
4900 1.200001
```



Cicli annidati

I cicli possono essere annidati (uno interno all'altro, ma mai incrociati)

Un ciclo deve essere interamente interno ad un altro oppure avviarsi solo dopo che l'altro è finito

```
A=matrix(0,3,3);
for (row in 1:3)
   {
   for (col in 1:3)
      {
       A[row,col]=row*col
      }
   }
A;
```

Il risultato dovrebbe essere

```
[,1] [,2] [,3]
[1,] 1 2 3
[2,] 2 4 6
[3,] 3 6 9
```

Cicli annidati/2

```
p=rep(0,5)
for (init in c(1,5,9))
   {
   p[1]=init;
   for (n in 2:5)
      {
       p[n]=2*p[n-1]
       cat(init,n,p[n],"\n");
       }
    }
```

```
1 2 2
1 3 4
1 4 8
1 5 16
5 2 10
5 3 20
5 4 40
5 5 80
9 2 18
9 3 36
9 4 72
9 5 144
```

```
for (i in 1:10)
   {
    i1<-i+1
    for (j in i1:15)
       {
       cat(letters[i],LETTERS[j],"\n")
            }
}
```

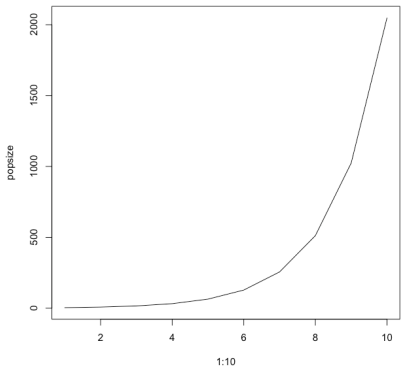
Esempio di ciclo di for

L'ipotesi è che la popolazione si raddoppi ogni anno

```
# Popolazione al livello iniziale
initsize=4;
# Creamo un vettore per memorizzare gli acrescimenti
popsize=rep(0,10); popsize[1]=initsize;
# Calcoliamo il livello della popolazione ai tempi da 2 e fino a 10
for (n in 2:10)
   {
    popsize[n]=2*popsize[n-1];
    x=log(popsize[n]);    cat(n,x,"\n");
   }
plot(1:10,popsize,type="l");
```

```
2 2.079442
3 2.772589
4 3.465736
5 4.158883
6 4.85203
7 5.545177
8 6.238325
9 6.931472
10 7.624619
```

N.B. le ordinate sono in scala logaritmica



Funzioni

Alcune elaborazioni debbono essere ripetute con dati diversi o con parametri diversi.

E' possibile scrivere più volte le stesse istruzioni, ma non è necessario dato che si possono compattare le istruzioni da reiterare in un blocco che si attiva su chiamata.

Il segmento di programma che contiene le istruzioni parametetrate è la function

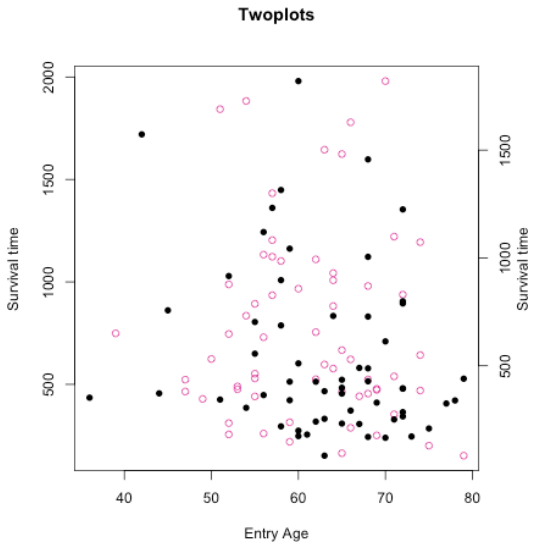
W<-function(x,y,z){}

- **W è il nome con cui il blocco verrà richiamato**
- **x, y e z sono gli arogmenti attraverso I quali saranno veicolati I valori su cui il blocco dovrà operre**
- **Tutte le istruzioni e gli oggetti comprese tra le due parentesi graffe fanno parte della funzione**

Esempio_1: funzioni

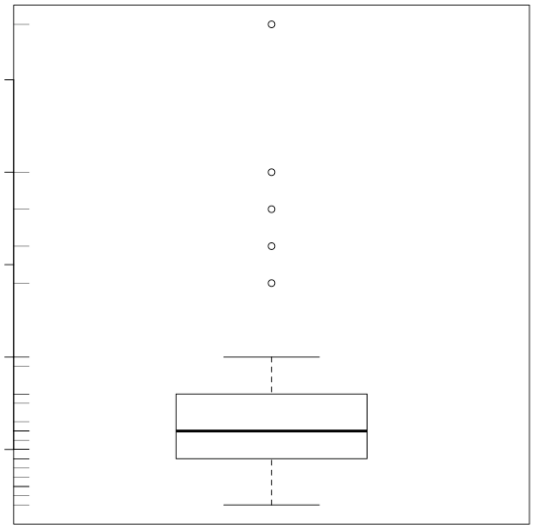
```
Twoplots<-
function(x1, y1, x2, y2, type = "l",xlim=NULL,ptitle="Twoplots",xlab
="x",ylab1="y1",ylab2 = "y2", ...)# Gli argomenti non debbono essere tutti
indicati. In mancanza, la routine usa i valori di default
{# Written by AE York Sept. 1996
# Plots y1 vs x1 and y2 vs x2 on the same plot
# Labels for y1 are on the left and labels for y2 on the right
        par(mar = rep(6, 4))    # margini del grafico
        if(missing(xlim))
                xlim <- range(pretty(range(c(x1, x2))))
        plot(x1, y1, lty = 1, pch = 1, type = type, xlim = xlim, xlab =
                xlab, ylab = ylab1, ...)
        par(new = T)
        plot(x2, y2, lty = 2, pch = 16, type = type, axes = F, xlim = xlim,
                xlab = "", ylab = "")
        axis(side = 4) # aggiunge l'asse a destra
        mtext(ylab2, side = 4, line = 2, outer = F)
        title(ptitle)}
Dat<-read.table("YJW.csv",sep=",",header=TRUE);attach(Dat);head(Dat)
J<-which(DummyAB==0) # Individuzione delle posizioni che hanno lo "0"
Asc1<-Entry.Age[J];Ord1<- Survtime[J]
Asc2<-Entry.Age[-J];Ord2<- Survtime[-J]
Twoplots(Asc1,Ord1,Asc2,Ord2,"p",xlim=c(min(min(Asc1,Asc2)),max(max(Asc1,Asc2)
)),xlab="Entry Age",ylab1="Survival time",ylab2="Survival time")
```

Esempio_1: funzioni/2



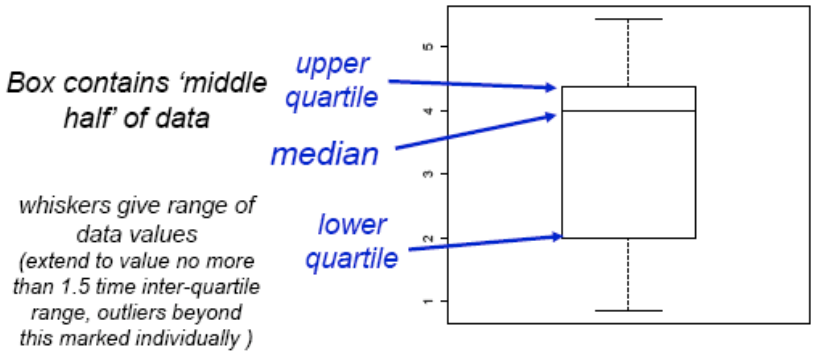
Grafica esplorativa/3

```
data(hills)
attach(hills)
summary(hills)
par(mfrow=c(1,1),
mar=c(4,4,2,2))
boxplot(dist,sub="distan
ce",notch=T,varwidth =
TRUE)
boxplot(climb,sub="cum
ulative height")
boxplot(dist,sub="distan
ce")
rug(dist,side=2)
```



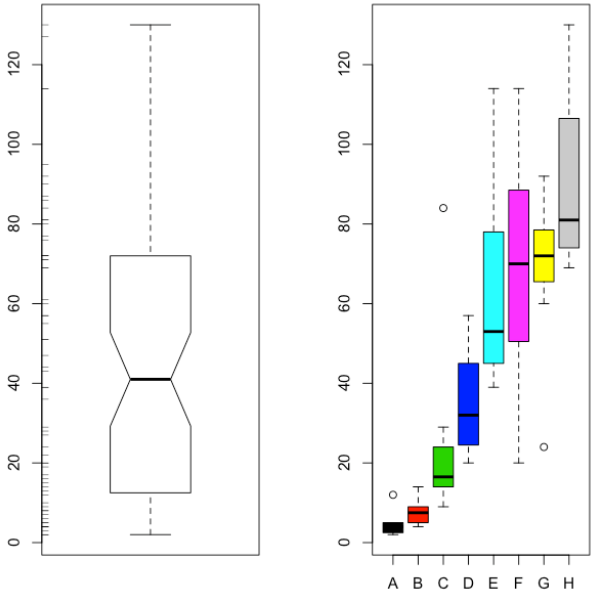
Boxplots

```
> library (MASS)
> attach(geyser)
> boxplot(duration,sub="duration")
```



Grafica esplorativa/4

```
data(OrchardSprays)
attach(OrchardSprays)
summary(OrchardSprays)
par(mfrow=c(1,2))
boxplot(decrease,
sub="decrease in
counts",notch=T)
rug(decrease,side=2)
boxplot(decrease~treatment,
col=1:20)
```



Esempio_1. Grafici ben fatti

Grafica di ottima qualità facilmente importabile in tesi, tesine e relazioni in qualsiasi formato e dimensione.

```
boxplot(faithful[,
  1],horizontal=T,range=0,notch=TRUE,col="springgreen"
  ,pars =list(boxwex=0.5,staplewex=0.5,outwex = 0.5))

hist(faithful[,1],main="Istogramma dei valori
  osservati",ylab="Frequenze
  relative",xlab="Modalità",breaks="sturges",freq=FALS
  E,right=TRUE,col="lightgreen")
```

Faitfhful è un dataset intrinseco ad R disponibile al semplice richiamo. E' riferito alla durata e gettito di un geyser delllo Yellostowne Park (Wy-Usa)

Multiple Boxplot

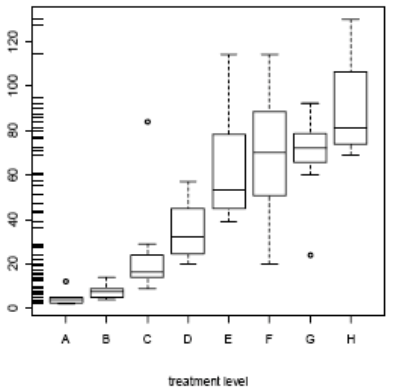
```
> boxplot(decrease~treatment)
> rug(decrease, side=2)
```

Effective for showing several data sets together

Counts increase with treatment level and variance also increases

`decrease~treatment`

"relate decrease to treatment"



Ortogrammi a colonna ed a barre

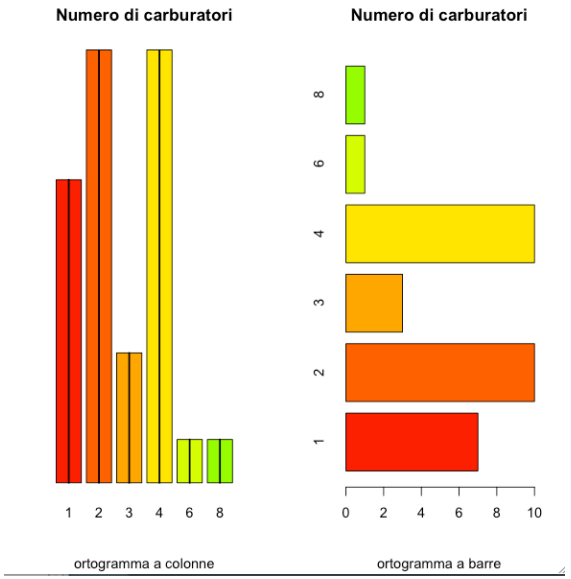
E' utile per variabili discrete ordinali e nominali

```
> data(mtcars) # carica il data set
> attach(mtcars) # integra Il data set nello spazio di lavoro
> mtcars # Visualizza I dati
```

length() conta il numero di elementi del suo argomento

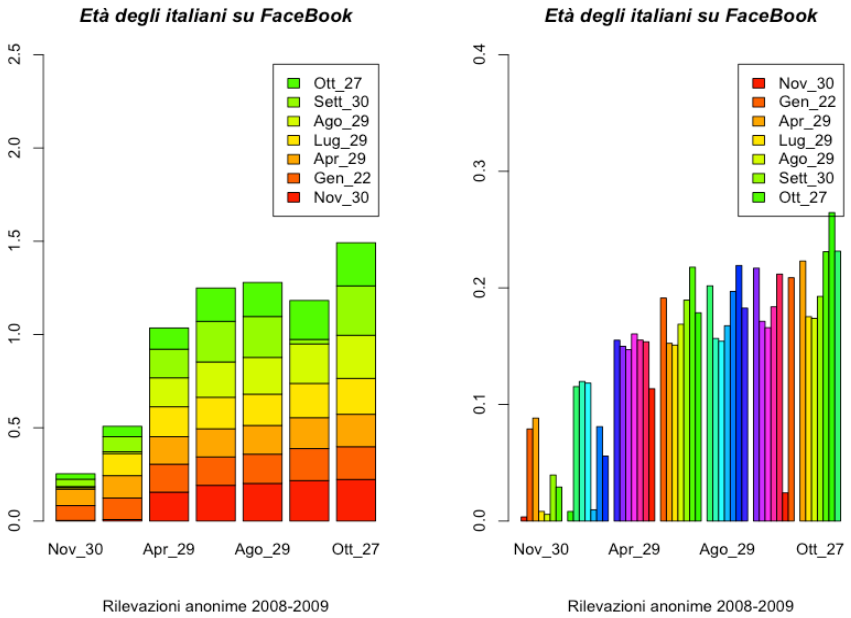
```
> table(cyl)    # Frequenze assolute

> table(cyl)/length(cyl)  # Frequenze relative

> barplot(table(cyl)/length(cyl)) # ortogramma
```

```
par(mfrow=c(1,2))
tN <- table(carb)
r <- barplot(tN, col=rainbow(20),horiz=FALSE,main = "Numero di
carburatori",sub="ortogramma a colonne",axes=FALSE)
lines(r, tN, type='h', col='black', lwd=2)r <- barplot(tN,
col=rainbow(20),horiz=TRUE,main = "Numero di
carburatori",sub="ortogramma a barre")
```



Ortogrammi multipli

```
par(mfrow=c(1,2))
Etain<-
read.table("EtaFaceB.csv",sep=",",header=TRUE,row.names=1)
Etain<-as.matrix(Etain)    # Riconscimento come matrice
TotRig<-apply(Etain,1,sum) # Totali di riga
Etain<-diag(1/TotRig) %*% Etain # Divisione per il totale
#
mp <- barplot(Etain, beside = FALSE,        col
=rainbow(20),        legend = colnames(Etain), ylim=
c(0,2.5),        main = "Et‡ degli italiani su FaceBook",
font.main = 4,         sub = "Rilevazioni anonime
2008-2009",         cex.axis = par("cex.axis"), cex.names =
par("cex.axis"))
#
mp <- barplot(Etain, beside = TRUE,        col
=rainbow(20),        legend = colnames(Etain), ylim=
c(0,0.4),        main = "Et‡ degli italiani su FaceBook",
font.main = 4,         sub = "Rilevazioni anonime
2008-2009",         cex.axis = par("cex.axis"), cex.names =
par("cex.axis"))
```



Ortogrammi a punti

```
par(mfrow=c(1,1))
par(mar=c(4.2,4.8,0.5,1.0))
#c(5, 4, 4, 2)
x<-seq(3,12)
Ab<-
c("3","4","5","6","7","8","9","1(
","11","12")
z<-rep(0,10)
f<-c(3,3,6,12,13,19,26,5,3,2)
f<-f/92
plot(x,f,frame.plot=T,
xlab="x",ylab=expression(f[n]
(x)))
points(x,f, bg = "limegreen", pc
= 21,cex=1.25)
f=f-0.005
segments(x, z, x,
f,lty="dotted",lwd=2)
```

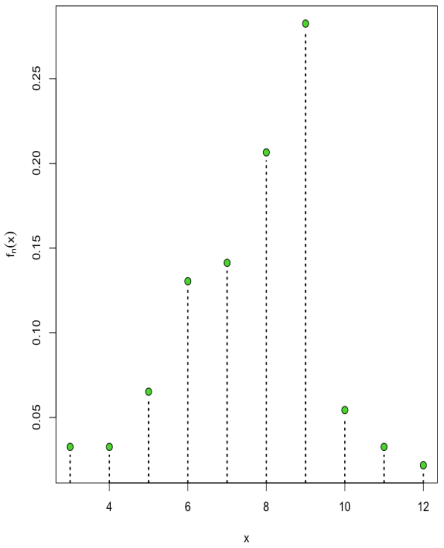


Diagramma a torta

```
par(mar=c(0, 2, 1, 2), xpd=FALSE, cex=0.5)
par(mfrow=c(1,1))
pie.sales <- c(0.12, 0.3, 0.26, 0.16, 0.04, 0.12)
names(pie.sales)<- c("Blueberry", "Cherry",
"Apple", "Boston Cream", "Other", "Vanilla")
pie(pie.sales, col = rainbow(6),cex=1.25)
```

Traferire il grafico in un editor di testo (ad esempio Word)

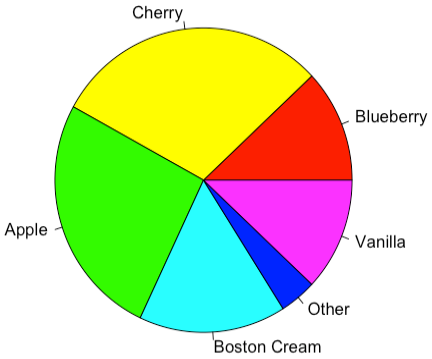
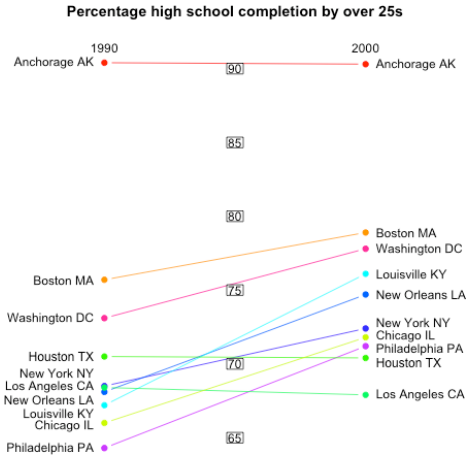


Diagramma barometrico

```
library(plotrix)
# percentage of those over 25 years having completed high school# in 10 cities in the USA in 1990 and 2000
educattn<-matrix(c(90.4,90.3,75.7,78.9,66,71.8,70.5,70.4,68.4,67.9,67.2,76.1,68.1,74.7,68.5,72.4,64.3,71.2,73.1,77.8),ncol=2,byrow=TRUE)
rownames(educattn)<-c("Anchorage AK","Boston MA","Chicago IL","Houston TX","Los Angeles CA","Louisville KY","New Orleans LA","New York
NY","Philadelphia PA","Washington DC")
colnames(educattn)<-c(1990,2000)
bumpchart(educattn,main="Rank for high school completion by over 25s")
# now show the raw percentages and add central ticks
bumpchart(educattn,rank=FALSE,main="Percentage high school completion by over 25s",col=rainbow(10))
# margins have been reset, so use
par(xpd=TRUE)
boxed.labels(1.5,seq(65,90,by=5),seq(65,90,by=5))
par(xpd=FALSE)
```



E' una tecnica di rappresentazione essenziale ed efficace, ma di portata limitata può essere invocata se si dispone di due blocchi di informazioni sulle medesime unità in due circostanze funzionalmente legate.

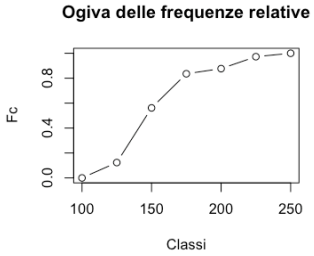
Funzione di ripartizione

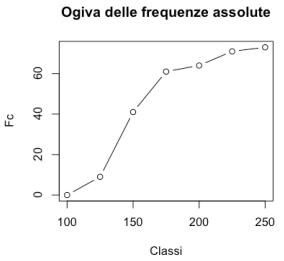
```
Fc<-cumsum(table(cut(WWWusage,breaks=c(100,125,150,175,200,225,250))))
```

```
(100,125] (125,150] (150,175] (175,200] (200,225] (225,250]
        9        41        61        64        71        73
```

```
> Fc<-c(0,Fc) # aggiunta del punto (0,0) per uniformare i punti
> Classi<-c(100,125,150,175,200,225,250)
> plot(Classi,Fc,type="b",main="Ogiva delle frequenze assolute")
```

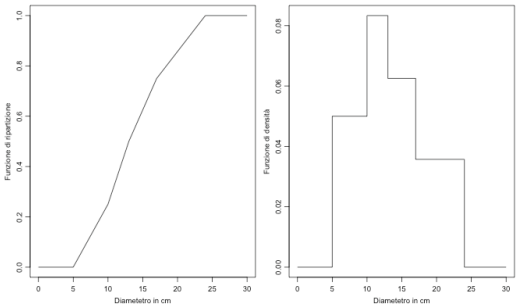
```
> Fc<-Fc/73
> Fc<-c(0,Fc)
plot(Classi,Fc,type="b",main="Ogiva delle frequenze relative")
```





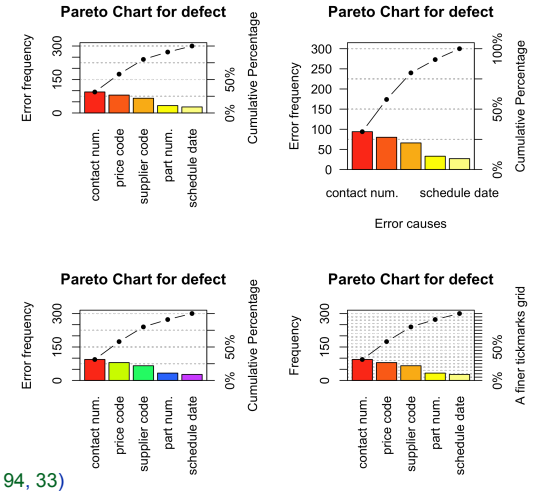
Funzione di ripartizione/2

$$F(x) = \begin{cases} 0 & x < 5 \\ -0.25 + 0.050x & 5 \le x < 10 \\ -0.58 + 0.083x & 10 \le x < 13 \\ -0.31 + 0.063x & 13 \le x < 17 \\ 0.14 + 0.036x & 17 \le x < 24 \\ 1 & x \ge 24 \end{cases}$$



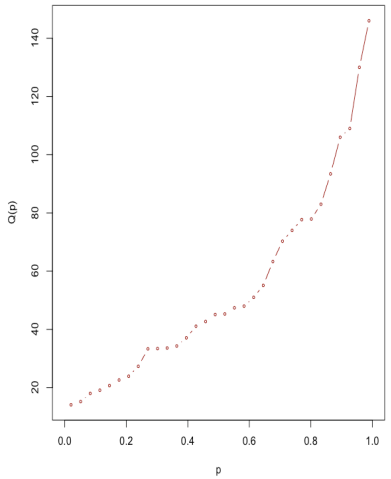

```
par(mfcol=c(1,2),mai=c(0.6,0.5,0.1,0.1),mgp=c(2,0.7,0),cex=0.8)
d<-c(5,10,13,17,24)
p<-c(0,0.25,0.5,0.75,1)
a<-(p[-1]-p[-5])/(d[-1]-d[-5])
b<-p[-5]-a*d[-5]
plot(c(0,d,30),c(0,p,1),type="l",ylab="Funzione di ripartizione",
xlab="Diametro in cm")
plot(c(0,rep(d,each=2),30),c(0,0,rep(a,each=2),0,0),type="l",
ylab="Funzione di densità", xlab="Diametro in cm")
```

Ortogramma Paretiano



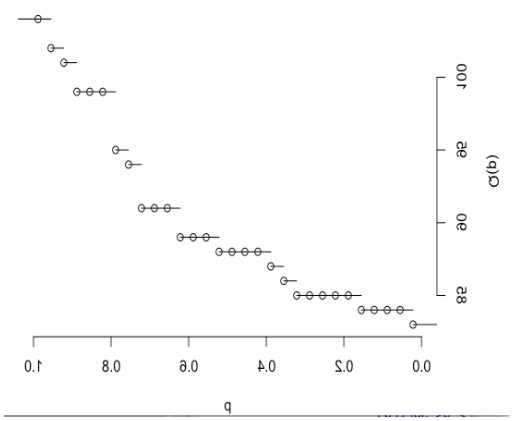

```
library(qcc)defect <- c(80, 27, 66, 94, 33)
names(defect) <- c("price code", "schedule date", "supplier code", "contact num.", "part num.")
par(mfrow = c(2,2))
pareto.chart(defect, ylab = "Error frequency")
pareto.chart(defect, ylab = "Error frequency", xlab = "Error causes", las=1)
pareto.chart(defect, ylab = "Error frequency", col=rainbow(length(defect)))
pareto.chart(defect, cumperc = seq(0, 100, by = 5), ylab2 = "A finer tickmarks grid")
```

Funzione Quantile




```
par(mar=c(4.5,4.5,1,2))
River<-read.table("Ghosh.csv",sep=",",dec=".",header=T)
attach(River)
plot(River,main=NULL,xlab="p",ylab="Q(p)",xlim=c(0,1),type
="b",cex =0.5,col="dark red")
```

Funzione Quantile discreta




```
par(mar=c(4.0,4.5,1,2))
B<-WWWusage
B<-sort(B)
n<-30
n1<-n+1
p<-seq(1:n)
p<-(p-0.35)/n
y<-matrix(0,n1)
for(i in 1:n)
   {y[i]<-B[i]}
y[n1]=B[n]
Gradf<-stepfun(p,y,f=1,right=T)
plot(Gradf,verticals=F,main=NULL,
xlab="p",ylab="Q(p)",xlim=c(0,1),
frame.plot=F)
```

Uso dei quantili

Sono delle statistiche robuste che guardano ai dati nel piano (p, Xp) e non in quello [x, F(x)]. Offrono interessanti spunti di analisi

```
> # Quantili
> #           Decili
> QD<-quantile(Quotazione, probs = seq(0, 1, 0.1),names = TRUE, type = 5)
> QD
    0%    10%    20%    30%    40%    50%    60%    70%    80%    90%   100%
 86.00  93.40  94.95  96.50  97.95  98.30  98.65 101.70 103.80 105.40 109.00
> #           Quartili
> QD<-quantile(Quotazione, probs = seq(0, 1, 0.25),names = TRUE, type = 5)
> QD
     0%     25%     50%     75%    100%
 86.000  95.375  98.300 102.375 109.000
> #           Quintili
> QD<-quantile(Quotazione, probs = seq(0, 1, 0.20),names = TRUE, type = 5)
> QD
    0%    20%    40%    60%    80%   100%
 86.00  94.95  97.95  98.65 103.80 109.00
> #           Ventili
> QD<-quantile(Quotazione, probs = seq(0, 1, 0.05),names = TRUE, type = 5)
> QD
     0%      5%     10%     15%     20%     25%     30%     35%     40%     45%     50%     55%
 86.000  90.050  93.400  94.525  94.950  95.375  96.500  97.375  97.950  98.225  98.300  98.450
    60%     65%     70%     75%     80%     85%     90%     95%    100%
 98.650 100.575 101.700 102.375 103.800 105.075 105.400 106.825 109.000
```

Formula per i quantili (type=)

Continuous sample quantile types 4 through 9

Type 4

p(k) = k / n. That is, linear interpolation of the empirical cdf.

Type 5

p(k) = (k - 0.5) / n. That is a piecewise linear function where the knots are the values midway through the steps of the empirical cdf. This is popular amongst hydrologists.

Type 6

p(k) = k / (n + 1). Thus *p(k) = E[F(x[k])]*. This is used by Minitab and by SPSS.

Type 7

p(k) = (k - 1) / (n - 1). In this case, *p(k) = mode[F(x[k])]*. This is used by S.

Type 8

p(k) = (k - 1/3) / (n + 1/3). Then *p(k) =~ median[F(x[k])]*. The resulting quantile estimates are approximately median-unbiased regardless of the distribution of `x`.

Type 9

p(k) = (k - 3/8) / (n + 1/4). The resulting quantile estimates are approximately unbiased for the expected order statistics if `x` is normally distributed.

Hyndman and Fan (1996) recommend type 8. The default method is type 7, as used by S and by R < 2.0.0.

Individuazione dei valori anomali

```
set.seed(3141593)
n1=900;n2<-100;n<-n1+n2
x1<-rnorm(n1, mean=0, sd=1);
x2<-rnorm(n2, mean=5, sd=1)
x<-c(x1,x2)
plot(x,ylab="Norm. Stand.",xlab="Posizione nel campione")
std<-mean(x)+3*sd(x)
abline(h=std,lwd=2,lty=2,col="red")
text(120,6.5,"μ +3sigma")
k1=floor(n/4)+1;k2=n-k1+1
a<-rank(x); q1<-which(a==k1);q2<-which(a==k2)
cat(q1,q2,"\n")
a1<-x[q1];a2<-x[q2]
cat(k1,a1,k2,a2,"\n")
std<-median(x)+3*(a2-a1)
abline(h=std,lwd=2,lty=2,col="blue")
text(150,5.2,"Me+3IQ")
std<-median(x)+3.5*mad(x, center = median(x), constant = 1.4826,
na.rm = FALSE, low = FALSE, high = FALSE)
abline(h=std,lwd=2,lty=2,col="orange")
text(120,3.8,"Me+3Mad")
```

Esempio

Sono indicate tre diverse soglie più o meno robuste. La scelt è soggettiva

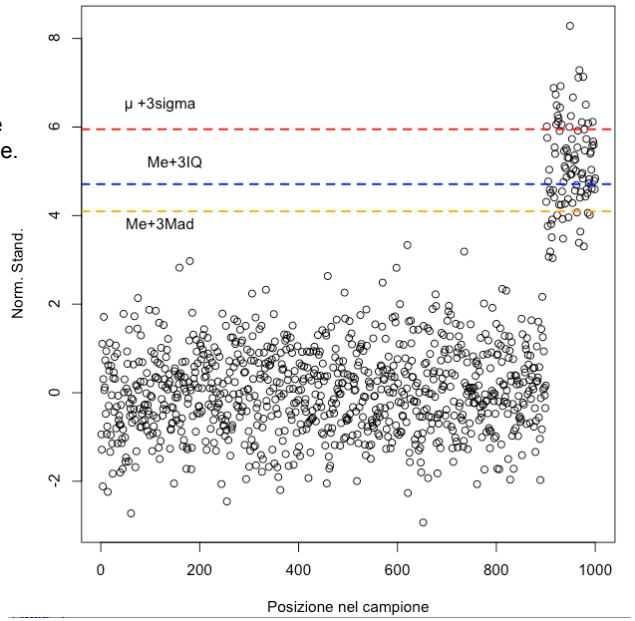


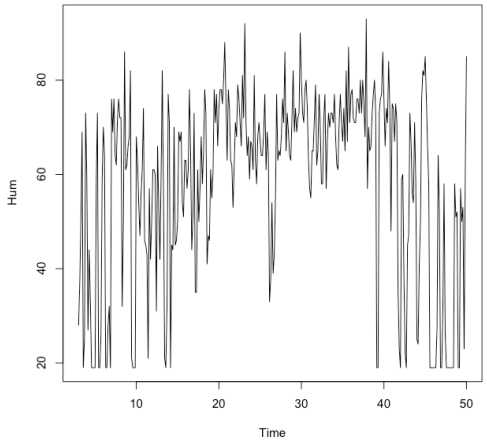
Grafico di una serie storica

Si adora il comando plot che riconosce e si adatta all'oggetto una volta che questo sia stato configurato come una serie storica.

```
Hum<-ts(LAozone$humidity,start=c(3,1),end=c(50,1),frequency=7)
plot(Hum)
```

start ed **end** indicano priodo e subperiodo di inizio e di fine del flusso di dati.

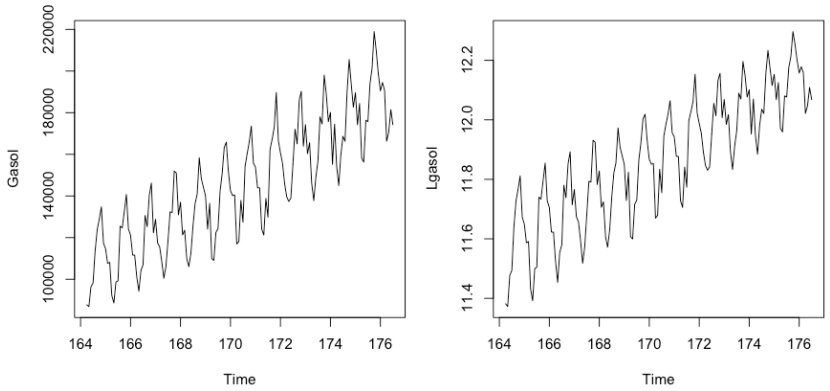
frequency indica la periodicià



Esempio

Monthly gasoline demand Ontario gallon millions 1960 - 1975.

```
Gasol <-scan("Gasol.txt",sep="")
Gasol<-ts(Gasol,start=c(1,1960),end=c(12,1975),frequency=12)
Lgasol<-log(Gasol)
par(mfrow=c(1,2));par(mar=c(5,4,2.0,1))
plot(Gasol);plot(Lgasol)
```

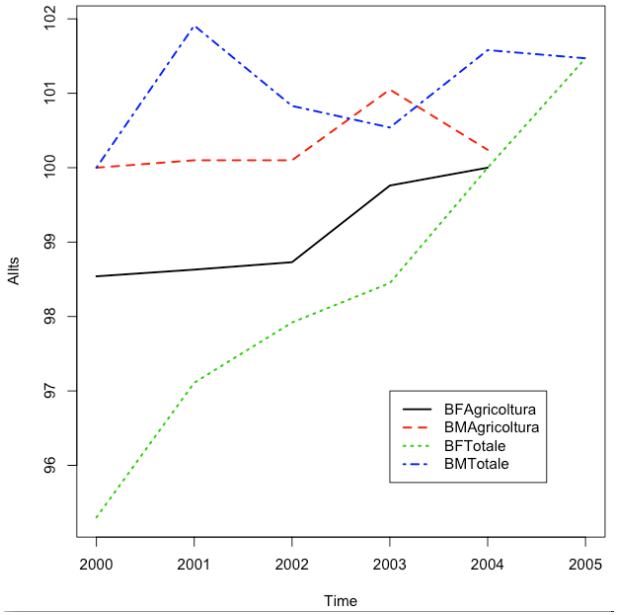


Grafici di serie storiche multiple

```
Acs<-c(2090,2092,2094,2116,2121)
Tot<-c(12903,13149,13258,13330,13540,13739)
Acs<-ts(Acs,start=2000,frequency=1)
Tot<-ts(Tot,start=2000,frequency=1)
plot(Acs,type="b",frame.plot=FALSE,col="gold4")
text(2001,2110,label="Imprenditrici per attività")
text(2001,2108,label="economica")
BFB04Agr<-round(Acs*100/Acs[5],2)
BFB04Tot<-round(Tot*100/Tot[5],2)
Temp<-c(Acs[1],lag(Acs))
Temp<-ts(Temp,start=2000,frequency=1)
BMAgr<-round(Acs*100/Temp,2)
BMAgr<-ts(BMAgr,start=2000,frequency=1)
Temp<-c(Tot[1],lag(Tot))
Temp<-ts(Temp,start=2000,frequency=1)
BMTot<-round(Tot*100/Temp,2);BMTot<-ts(BMTot,start=2000,frequency=1)
Allts<-cbind(BFB04Agr,BMAgr,BFB04Tot,BMTot);plot(Allts)
plot(Allts,plot.type="single",lwd=2,lty=1:4,col=1:4)
legend(2003,97,legend=c("BFAgricoltura","BMAgricoltura","BFTotale","BMTotale"),
col=1:4,lwd=2,lty=1:4)
```

Esempio

Perché il totale ha un andamento diverso dalle sue compnenti?



Uso del comando matplot

Monthly CO2-Concentration from 1960 – 1997

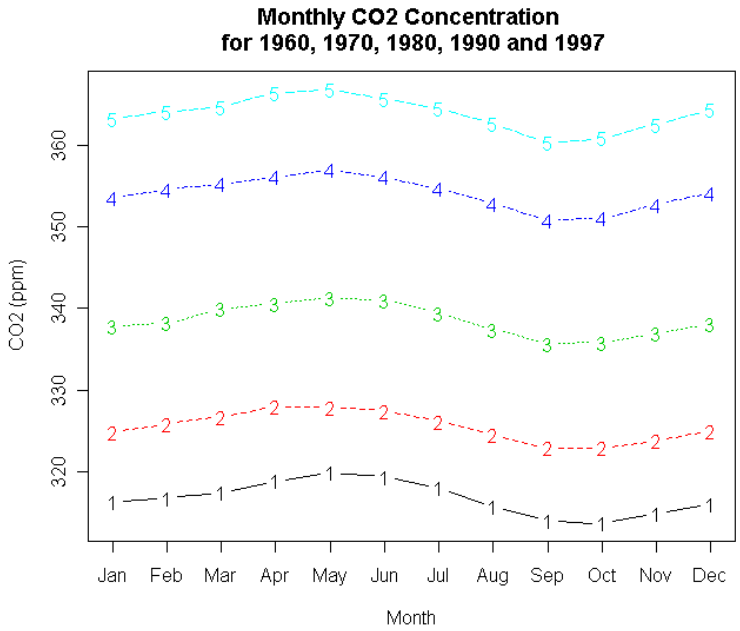
Lettura in 5 distinti vettori dellle serie storiche mensili di vari anni

```
> y60<-c(316.27, 316.81, 317.42, 318.87, 319.87, 319.43, 318.01, 315.74, 314.00, 313.68, 314.84, 316.03)
> y70<-c(324.89, 325.82, 326.77, 327.97, 327.91, 327.50, 326.18, 324.53, 322.93, 322.90, 323.85, 324.96)
> y80<-c(337.84, 338.19, 339.91, 340.60, 341.29, 341.00, 339.39, 337.43, 335.72, 335.84, 336.93, 338.04)
> y90<-c(353.50, 354.55, 355.23, 356.04, 357.00, 356.07, 354.67, 352.76, 350.82, 351.04, 352.69, 354.07)
> y97<-c(363.23, 364.06, 364.61, 366.40, 366.84, 365.68, 364.52, 362.57, 360.24, 360.83, 362.49, 364.34)
> CO2<-data.frame(y60, y70, y80, y90, y97)
> row.names(CO2)<-c("Jan", "Feb", "Mar","Apr","May","Jun","Jul","Aug","Sep","Oct","Nov","Dec")
> CO2
```

CO2<-read.table("CO2m.csv",header=TRUE, sep=",",dec=".")

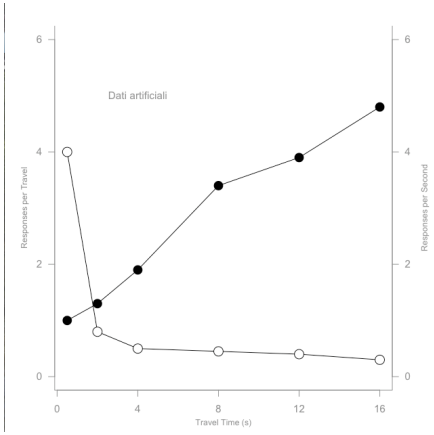
Rappresentazione grafica multipla con aggiunta del titoo

```
> matplot(CO2,axes=F,frame=T,type='b',ylab="")
> help("matplot")
> axis(2)
> axis(1, 1:12, row.names(CO2))
> title(xlab="Month")
> title(ylab="CO2 (ppm)")
> title("Monthly CO2 Concentration \n for 1960, 1970, 1980, 1990 and 1997")
```



Serie storiche con doppia scala

```
x <- c(0.5, 2, 4, 8, 12, 16)
y1 <- c(1, 1.3, 1.9, 3.4, 3.9, 4.8)
y2 <- c(4, .8, .5, .45, .4, .3)
par(las=1, mar=c(4, 4, 2, 4))
plot.new()
plot.window(range(x), c(0, 6))
lines(x, y1)
lines(x, y2)
points(x, y1, pch=16, cex=2)
points(x, y2, pch=21, bg="white", cex=2)
par(col="grey50", fg="grey50",
col.axis="grey50")
axis(1, at=seq(0, 16, 4))
axis(2, at=seq(0, 6, 2))
axis(4, at=seq(0, 6, 2))
box(bty="u")
mtext("Travel Time (s)", side=1, line=2, cex=0.8)
mtext("Responses per Travel", side=2, line=2, las=0, cex=0.8)
mtext("Responses per Second", side=4, line=2, las=0, cex=0.8)
text(4, 5, "Dati artificiali")
par(mar=c(5.1, 4.1, 4.1, 2.1), col="black", fg="black", col.axis="black")
```



Serie storiche con doppia scala

```
x <- c(0.5, 2, 4, 8, 12, 16)
y1 <- c(1, 1.3, 1.9, 3.4, 3.9, 4.8)
y2 <- c(4, .8, .5, .45, .4, .3)
par(las=1, mar=c(4, 4, 2, 4))
plot.new()
plot.window(range(x), c(0, 6))
lines(x, y1)
lines(x, y2)
points(x, y1, pch=16, cex=2)
points(x, y2, pch=21, bg="white", cex=2)
par(col="grey50", fg="grey50",
col.axis="grey50")
axis(1, at=seq(0, 16, 4))
axis(2, at=seq(0, 6, 2))
axis(4, at=seq(0, 6, 2))
box(bty="u")
mtext("Travel Time (s)", side=1, line=2, cex=0.8)
mtext("Responses per Travel", side=2, line=2, las=0, cex=0.8)
mtext("Responses per Second", side=4, line=2, las=0, cex=0.8)
text(4, 5, "Dati artificiali")
par(mar=c(5.1, 4.1, 4.1, 2.1), col="black", fg="black", col.axis="black")
```

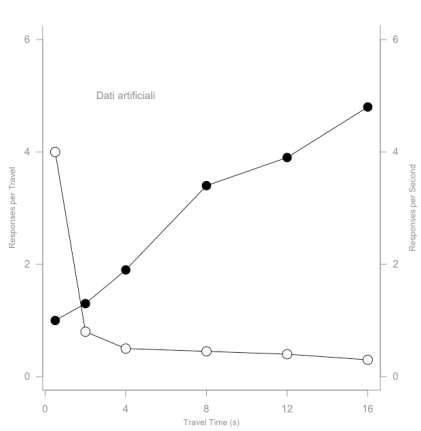
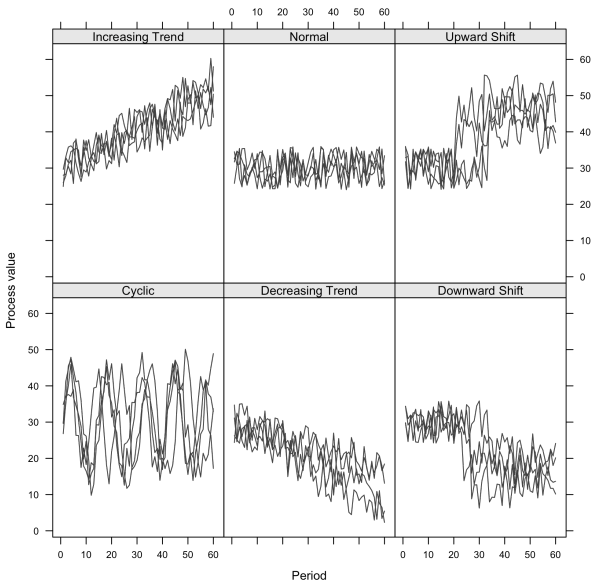


Grafico con lattice e latticeExtra

```
library(latticeExtra)
#
Hawk<-function(kclus,p,size,Typek,Aldat)
{Matr<-matrix(0,p,60);jpos<-matrix(0,kclus,size)
for (i in 1:kclus)  {m<-Typek[i];S1<-1+(i-1)*100;S2<-i*100;Pop<-S1:S2
jpos[i,]<-sample(Pop,size,replace=FALSE)
 if (i==1) kpos<-jpos[1,] else kpos<-c(kpos,jpos[i,]) }
Matr<-Aldat[kpos,] ;return(Matr)}
#
Titol<-"Synthetic Control Chart Time Series"
Aldat<-read.table(file="Alcock.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE,row.names=1)
set.seed(820731);p<-24;kclus<-6;Typek<-1:6; Nper<-60;s<-p/kclus; Scaling<-FALSE
Az<-Hawk(kclus,p,s,Typek,Aldat)
rownames(Az)<-rownames(Az, do.NULL = FALSE, prefix = "Un.");Ay<-t(Az)
Group<-c(rep("Normal",60),rep("Cyclic",60),rep("Increasing Trend",60),rep("Decreasing Trend",
60),rep("Upward Shift",60),rep("Downward Shift",60))
Cluster<-factor(Group,levels=c("Normal","Cyclic","Increasing Trend","Decreasing Trend","Upward
Shift","Downward Shift"))
Rov<-1:60;Period<-rep(Rov,6)
costa<-rbind(Ay[,1:4],Ay[,5:8],Ay[,9:12],Ay[,13:16],Ay[,17:20],Ay[,21:24])
Datam<-cbind(costa,Period,Cluster)
colnames(Datam)<-c("PTS_01","PTS_02","PTS_03","PTS_04","Period","Cluster")
rownames(Datam)<-1:360;Datam<-data.frame(Datam)
pl <- xyplot(PTS_01+PTS_02+PTS_03+PTS_04~Period|Group,ylab ="Process value",
data=Datam,type="l",lty =1,col="black",col.line = "gray20", par.settings=list(fontsize=list(text=10,
points=8),strip.background=list(col = "grey90")));print(pl)
```

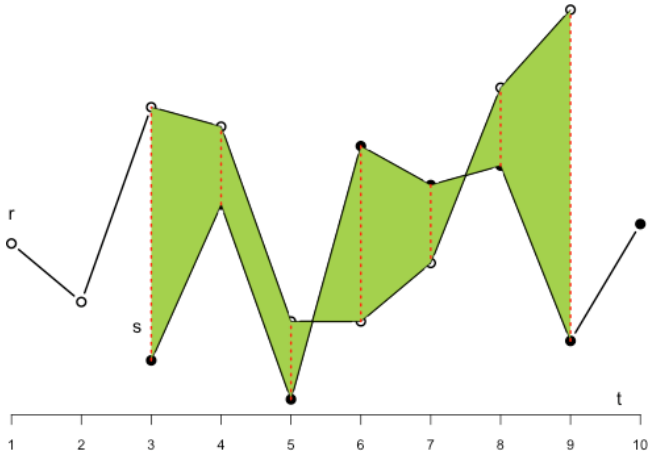
Provate a modificare la font ed i colori



Poligonali

```
x<-c(NA,NA,3,11,1,14,12,13,4,10);x<-ts(x);y<-c(9,6,16,15,5,5,8,17,21,NA)
y<-ts(y);ya<-y[3:9];xa<-x[3:9]
par(mfrow=c(1,1),pty="m")
two<-cbind(x,y)
matplot(two,type="b",lwd=2,lty=1,col="black",pch=c(19,21),cex=1.25,frame.plot=
FALSE,ylab="",axes=FALSE)
axis(1,at=1:10,cex.axis=0.9)
text(9.7,1.1,"t",cex=1.2);text(1,10.5,"r",cex=1.2);text(2.8,4.7,"s",cex=1.2)
cross <- data.frame(x1=3:9, y1 = xa, y2 = ya);attach(cross)
library(gpclib) # To be downloaded
ymin <- min(y1,y2) #vertices for area under y1
mat1 <- cbind(c(x1[1], x1, x1[length(x1)]), c(ymin, y1, ymin))
#vertices for area under y2
mat2 <- cbind(c(x1[1], x1, x1[length(x1)]), c(ymin, y2, ymin))
#create polygons from vertices
pp1 <- as(mat1, "gpc.poly")
pp2 <- as(mat2, "gpc.poly")
plot(setdiff(pp1,pp2), poly.args=list(col="yellowgreen", border=NA), add=TRUE)
plot(setdiff(pp2,pp1), poly.args=list(col="yellowgreen", border=NA), add=TRUE)
lines(x1, y1, col="black",lwd=1); lines(x1, y2, col="black",lwd=1)
# Vertical lines
for (i in 1:10) {arrows(i,x[i],i,y[i],length=0,lty=3,lwd=2,col="red")}
```

Applicazione della poligonale

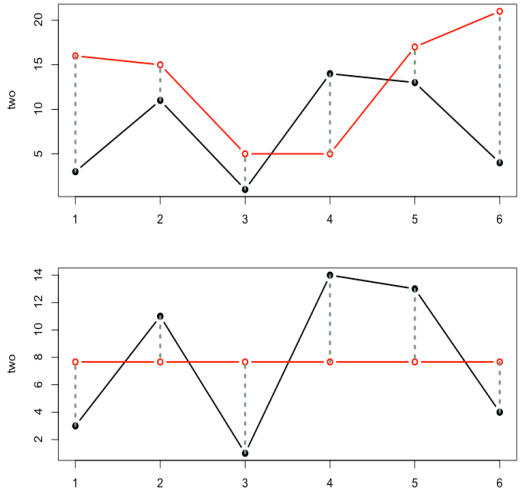


Il pacchetto gpclib offre molte altre possibilità per operare con le poligonali

Variabilità come distanza

Misura della variabilità=Somma degli spostamenti da fare per sovrapporre una serie all'altra

```
x<-c(3,11,1,14,13,4);x<-ts(x);
y<-c(16,15,5,5,17,21);y<-ts(y);
par(mfrow=c(2,1),pty="m")
two<-cbind(x,y)
matplot(two,type="b",lwd=2,lty=1
,col=1:2,pch=c(19,21))
for (i in 1:6)

{arrows(i,x[i],i,y[i],length=0,lty=3,
lwd=3,col="darkseagreen4" )}
y<-rep(mean(x),6)
two<-cbind(x,y)
matplot(two,type="b",lwd=2,lty=1
,col=1:2,pch=c(19,21))
for (i in 1:6)

{arrows(i,x[i],i,y[i],length=0,lty=3,
lwd=3,col="darkseagreen4" )}
```



Misure di variabilità

Dal confronto di due serie variabili non emerge una idea chiara della variabilità: se anche fossero sovrapposte potrebbero ancora essere tutte e due molto variabili.

Ecco perché nel secondo grafico si è eliminata una fonte della variabilità: una serie è diventata costante.

Se in una serie la variabilità è assente, la variabilità che comunque emerge è sicuramente attribuibile all'altra.

La tendenza ad assumere valori diversi dalla costante ovvero la somma delle distanze da percorrere per azzerare le differenze corrisponde all'idea di variabilità formulata da C.E. Bonferroni fin dagli anni '30 del secolo scorso.

Indici di variabilità

La misura della variabilità si avvale dell'idea di distanza: in particolare della metrica di Minkowski

$$Minkowski: \; S_\alpha = \left[\sum_{i=1}^{n} f_i \left| x_i - \theta_\alpha \right|^\alpha \right]^{\frac{1}{\alpha}}$$

Dove f_i è la frequenza relativa della modalità x_i e θ_α è il valore costante di riferimento che dipende dal tipo di metrica α. In particolare, è il valore che rende minima la somma delle distanze dalle modalità.

Se α=2 allora si ottiene la metrica euclidea e θ_α è la media aritmetica
Se α=1 allora si ottiene la metrica city-block e θ_α è la mediana

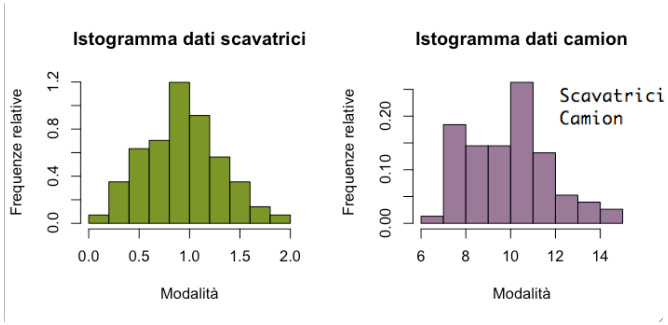
Ad ogni scelta di $\alpha \geq 1$ corrisponde una diversa misura di variabilità

Se α<1 allora S_α non è una metrica

Sessione B

```
# Dati relativi ai tempi di impiego di scavatrici e camion nei cantieri
# di un'impresa di costruzioni
library(MASS)
dataf<-
read.table("Aboudataset.csv",sep=";",dec=".",header=TRUE,na.strings =
"NA")
par(mfrow=c(1,2))
hist(dataf$Scavatrice,main="Istogramma dati scavatrici",ylab="Frequenze
relative",xlab="Modalità",breaks="sturges",freq=FALSE,right=TRUE,col="o
livedrab4",cex=0.60,)
hist(dataf$Camion,main="Istogramma dati camion",ylab="Frequenze
relative",xlab="Modalità",breaks="sturges",freq=FALSE,right=TRUE,col="p
lum4",cex=0.60)
dev.st<-c(sd(dataf$Scavatrice,na.rm=TRUE),sd(dataf$Camion,na.rm=TRUE))
dev.ab1<-sum(abs(dataf$Scavatrice-median(dataf
$Scavatrice,na.rm=TRUE)),na.rm=TRUE)
dev.ab2<-sum(abs(dataf$Camion-median(dataf
$Camion,na.rm=TRUE)),na.rm=TRUE)
dev.ab<-c(dev.ab1,dev.ab2)
varm<-cbind(dev.st,dev.ab)
row.names(varm)<-c("Scavatrici","Camion")
print(varm)
```

Indici di variabilità




```
            dev.st dev.ab
Scavatrici 0.3884982  22.21
Camion     1.8511144 112.20
```

La variabilità dei dati si avverte considerando l'ampiezza dei fianchi dell'istogramma, nonché l'allungamento verso i valori grandi.

Sebbene la forma degli istogrammi sia diversa, la variabilità appare dello stesso ordine di grandezza.

Tuttavia le misure di variabilità sembrano dare indicazioni diverse, nel senso che quella delle scavatrici è molto più bassa di quella dei camion. Perché?

Misure di variabilità Relativa

Sono indici che permettono il confronto della variabilità tra variabili espresse

- **Con ordini grandezza ineguali**
- **Per campi di variazioni diversi**
- **In unità di misura eterogenee**

$$\text{misura di variabilità relativa} = \frac{\text{misura di variabilità assoluta}}{\text{media}}$$

La media al denominatore deve essere positiva o in valore assoluto.

Coefficiente di Variazione

$$CV = \frac{\sigma}{|\mu|} = \sqrt{\sum_{i=1}^{k}\left(\frac{X_i - \mu_x}{\mu_x}\right)^2}$$

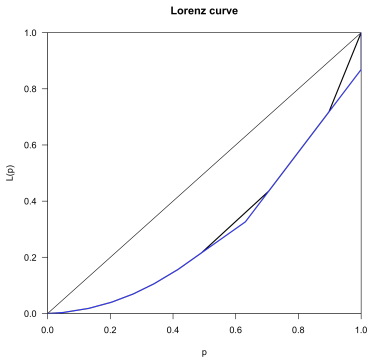
Indice di Pietra-Ricci

$$PR = \sum_{i=1}^{k}\left|\frac{X_i - \mu_x}{\mu_x}\right|$$

ESEMPIO

```
LA<-read.table("LAmer.dat", header=TRUE, row.names=1)
# Dimensioni della matrice dei dati
d<-dim(LA);print (d) # d E' un vettore di due elementi.
n<-d[1];m<-d[2] # numero di righe e di colonne
cat("Num.Paesi=",n,"Num.Variabili=",m,"\n") #visualizza le
assegnazioni
# la stringa: "\n" serve a cambiare linea alla prossima
scrittura.
print(Birth_R.) # Non funziona. Perché?
print(LA$Birth_R.)
Tasso.Nat<-LA[,1];print(Tasso.Nat) # Variabili con nomi
nuovi
summary(Tasso.Nat) # Riassunto numerico di una variabile
summary(LA) # Riassunto numerico di una matrice di dati
Paese.medio<- MedieLA.new<-rbind(LA,Paese.medio) # Crea una
unità
Temp<-c(rownames(LA),"Paese.medio");rownames(LA.new)<-
Temp;LA.new
# Alcune statistiche di uso frequente
Medie<-mean(LA);Dev.St<-sd(LA); Medie;Dev.St
# Variabilità relativa
CV<-Dev.St/abs(Medie);CV # Senza controllo errori
# individuazione delle variabili con eventuale media nulla.
J<-which(Medie !=0);CV<-Dev.St[J]/abs(Medie[J]);CV
PR<-matrix(0,3)for (i in 1:3){PR[i]<-sum(abs(LA[,i]-
mean(LA[,i])))/abs(mean(LA[,i]))}
cat("Indice di Pietra-Ricci:",PR,"\n")
Dev.Med<-matrix(0,3)
Dev.Med[1]<-mad(LA[,1]);Dev.Med[2]<-
mad(LA[,2]);Dev.Med[3]<-mad(LA[,3])
cat("Deviazione mediana dalla mediana:",Dev.Med,"\n")
```

Curva di Lorenz

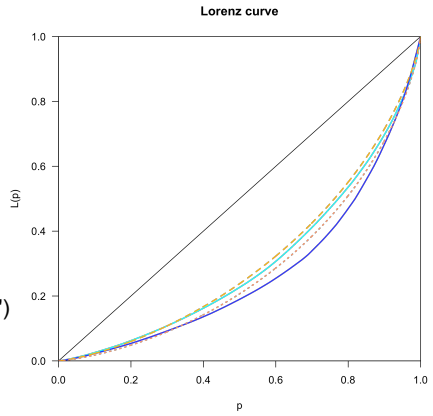



```
library(ineq)
# Distribuzione redditi USA 1968 (in 10 classi)
# x reddito medio nelle classi, f redditieri
x <- c(541, 1463, 2445, 3438, 4437, 5401,
6392, 8304, 11904, 22261)
f <- c(482, 825, 722, 690, 661, 760, 745,
2140, 1911, 1024)
# Curva di Lorenz minima (conc.nulla nelle
classi)
Lc.min <- Lc(x, n=f)
# Curva di Lorenz massima (limiti di Mehran)
Lc.max <- Lc.mehran(x,f)
# Le due curve nello stesso grafico
plot(Lc.min)
lines(Lc.max, col=4)
```

```
> # Calcola il rapporto di concentrazione
> ineq(x)
[1] 0.4620911
> # Calcola il coefficiente di Atkinson con parametro 0.5
> ineq(x, parameter=0.5, type="Atkinson")
[1] 0.1796591
```

Esempio

```
## Load and attach income (and metadata) set from Ilocos, Philippinesdata(Ilocos)
attach(Ilocos)
## extract and rescale income for the provinces "Pangasinan" and "La Union"
income.p <- income[province=="Pangasinan"]/10000
income.u <- income[province=="La Union"]/10000
## compute the Lorenz curves
Lc.p <- Lc(income.p)
Lc.u <- Lc(income.u)
## plot both Lorenz curves
plot(Lc.p,col="cyan");lines(Lc.u, col="blue")
# add the theoretic Lorenz curve of a Lognormal-distribution with an estimate of the standard
## deviation parameter
lines(Lc.lognorm, parameter=sd(log(income.p)), col="orange",lty=2)
lines(Lc.lognorm, parameter=sd(log(income.u)), col="coral",lty=3)
```



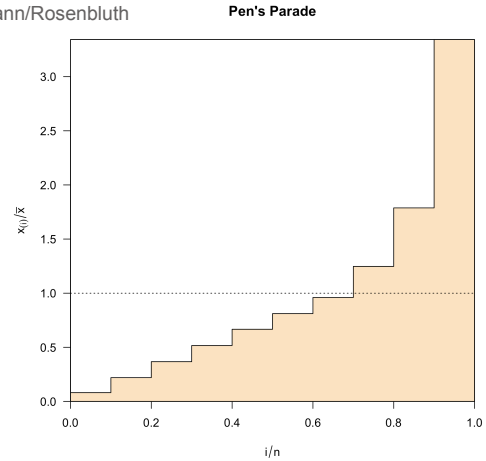
Da notare che la curva “La Union” è interna a quella di Pangasinan e quindi presenta meno concentrazione.
L’adattamento del modello Lognormale è buono per la prima, ma non per la seconda distribuzione.

Indici di concentrazione industriale

```
# X = Unità locali
x <- c(541, 1463, 2445, 3438, 4437, 5401, 6392, 8304, 11904, 22261)
# compute Herfindahl coefficient with parameter 1
conc(x)
# compute coefficient of Hall/Tiedemann/Rosenbluth
conc(x, type="Rosenbluth")
Pen(x)
Pen(x, fill = hsv(0.1, 0.3, 1))
```

[1] 0.1840812

[1] 0.1859051



Data coding

```
bmd <- c(-0.92,0.21,0.17,-3.21,-1.80,-2.60,
         -2.00,1.71,2.12,-2.11)
diagnosis <- bmd
diagnosis[bmd <= -2.5] <- 1
diagnosis[bmd > -2.5 & bmd <= 1.0] <- 2
diagnosis[bmd > -1.0] <- 3
data <- data.frame(bmd, diagnosis)
data
```

	bmd	diagnosis
1	-0.92	3
2	0.21	3
3	0.17	3
4	-3.21	1
5	-1.80	2
6	-2.60	1
7	-2.00	2
8	1.71	3
9	2.12	3
10	-2.11	2

```
diagnosis <- bmd
diagnosis <- replace(diagnosis, bmd <= -2.5, 1)
diagnosis <- replace(diagnosis, bmd > -2.5 & bmd <= 1.0, 2)
diagnosis <- replace(diagnosis, bmd > -1.0, 3)
```

Ricodifica

Alcune variabili sono state registrate con delle modalità nominali che potrebbero essere inadatte per le elaborazioni

Basso medio alto ----> 1 2 3

```
library(MASS)
data(Cars93)
A<-Cars93
print(A[,9])
A[,9]<-ifelse(A[,9]=="Driver & Passenger",3,ifelse(A[,9]=="Driver only",2,1))
print(A[,9])
A[,11]<-ifelse(A[,11]=="rotary",6,A[,11])
A[,18]<-ifelse(A[,18]==2,3,A[,18]);A[,18]<-A[,18]-2;
A[,16]<-ifelse(A[,16]=="No",0,1)
A[,26]<-ifelse(A[,26]=="USA",1,0)
print(cbind(Cars93[,c(11,18,26)],A[,c(11,18,26)]))
```

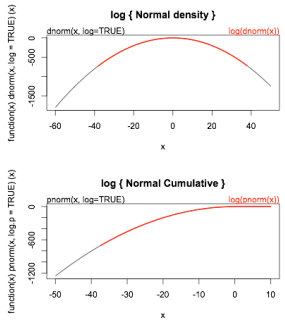
Modelli probabilistici univariati

Alcuni modelli per variabili continue o dense

Gaussiano con denominazione base “norm”

```
dnorm(x, mean = 0, sd = 1, log = FALSE)
pnorm(q, mean = 0, sd = 1, lower.tail = TRUE, log.p = FALSE)
qnorm(p, mean = 0, sd = 1, lower.tail = TRUE, log.p = FALSE)
rnorm(n, mean = 0, sd = 1)
```

```
## Using "log = TRUE" for an extended range :
par(mfrow=c(2,1))
plot(function(x) dnorm(x, log=TRUE), -60, 50,
     main = "log { Normal density }")
curve(log(dnorm(x)), add=TRUE, col="red",lwd=2)
mtext("dnorm(x, log=TRUE)", adj=0)
mtext("log(dnorm(x))", col="red", adj=1)

plot(function(x) pnorm(x, log.p=TRUE), -50, 10,
     main = "log { Normal Cumulative }")
curve(log(pnorm(x)), add=TRUE, col="red",lwd=2)
mtext("pnorm(x, log=TRUE)", adj=0)
mtext("log(pnorm(x))", col="red", adj=1)
```

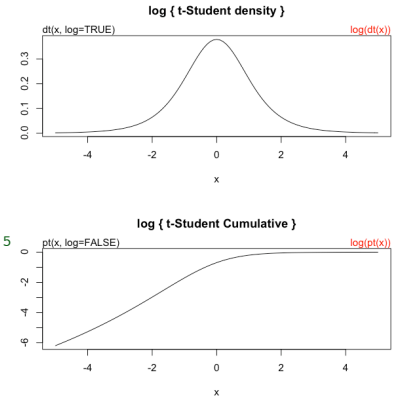


Modelli probabilistici univariati/2

t-Student con denominazione base “t”

```
dt(x, df, ncp, log = FALSE)
pt(q, df, ncp, lower.tail = TRUE, log.p = FALSE)
qt(p, df, ncp, lower.tail = TRUE, log.p = FALSE)
rt(n, df, ncp)
```

```
par(mfrow=c(2,1))
plot(function(x) dt(x, 5,0,log=FALSE),-5,5,
     main = "log { t-Student density }")
curve(log(dt(x)), add=TRUE, col="red",lwd=2)
mtext("dt(x, log=TRUE)", adj=0)
mtext("log(dt(x))", col="red", adj=1)

plot(function(x) pt(x, 5,0, log.p=TRUE), -5, 5
     main = "log { t-Student Cumulative }")
curve(log(pt(x)), add=TRUE, col="red",lwd=2)
mtext("pt(x, log=FALSE)", adj=0)
mtext("log(pt(x))", col="red", adj=1)
```

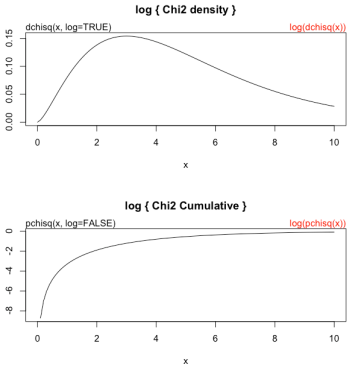


Modelli probabilistici univariati/3

chi2 con denominazione base “chisq”

```
dchisq(x, df, ncp=0, log = FALSE)
pchisq(q, df, ncp=0, lower.tail = TRUE, log.p = FALSE)
qchisq(p, df, ncp=0, lower.tail = TRUE, log.p = FALSE)
rchisq(n, df, ncp=0)
```

```
par(mfrow=c(2,1))
plot(function(x) dchisq(x, 5,0,log=FALSE),0,10,
     main = "log { Chi2 density }")
curve(log(dchisq(x)), add=TRUE, col="red",lwd=2)
mtext("dchisq(x, log=TRUE)", adj=0)
mtext("log(dchisq(x))", col="red", adj=1)

plot(function(x) pchisq(x, 5,0, log.p=TRUE), 0, 1
     main = "log { Chi2 Cumulative }")
curve(log(pchisq(x)), add=TRUE, col="red",lwd=2)
mtext("pchisq(x, log=FALSE)", adj=0)
mtext("log(pchisq(x))", col="red", adj=1)
```

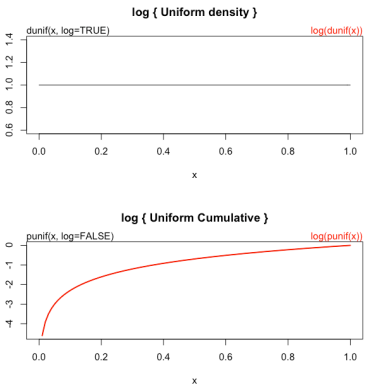


Modelli probabilistici univariati/4

Uniforme con denominazione base “unif”

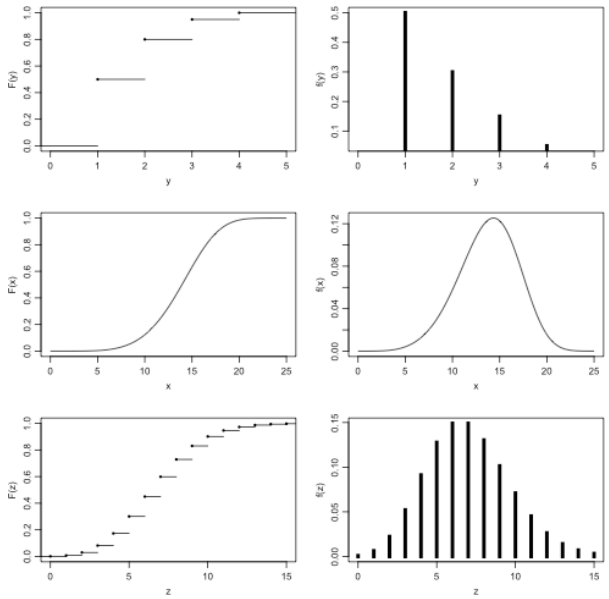
```
dunif(x, min=0, max=1, log = FALSE)
punif(q, min=0, max=1, lower.tail = TRUE, log.p = FALSE)
qunif(p, min=0, max=1, lower.tail = TRUE, log.p = FALSE)
runif(n, min=0, max=1)
```

```
par(mfrow=c(2,1))
plot(function(x) dunif(x, 0,1,log=FALSE),0,1,
     main = "log { Uniform density }")
curve(log(dunif(x)), add=TRUE, col="red",lwd=2)
mtext("dunif(x, log=TRUE)", adj=0)
mtext("log(dunif(x))", col="red", adj=1)

plot(function(x) punif(x, 0,1, log.p=TRUE), 0, 1,
     main = "log { Uniform Cumulative }")
curve(log(punif(x)), add=TRUE, col="red",lwd=2)
mtext("punif(x, log=FALSE)", adj=0)
mtext("log(punif(x))", col="red", adj=1)
```



Grafica per i modelli

```
 windows(width=6, height=7)
 par(mfcol=c(3,2),mai=c(0.6,0.5,0.1,0.1),mgp=c(2,0.7,0))
y<-c(1,2,3,4);Fy<-c(0,0.5,0.8,0.95,1.0)
plot(stepfun(y,Fy),xlab="y",ylab="F(y)",verticals=FALSE pch=16,main=NA)
# Diameter distribution, c.d.f.
 x<-seq(0,25,0.1);Fx<-pweibull(x,5,15)
plot(x, Fx, type="l", xlab="x", ylab="F(x)")
# Number of trees, c.d.f.
z<-seq(0,20,1);Fz<-ppois(z,7) # Distribuzione di Poisson
plot(stepfun(z,c(0,Fz)),xlab="z",ylab="F(z)",verticals=FALSE,pch=16,
main=NA,xlim=c(0,15))
# Tree species, density.
fy<-c(0.5,0.3,0.15,0.05)
plot(y, fy, type="n",xlim=c(0,5), xlab="y", ylab="f(y)")
sapply(1:4,function(i) lines(y[c(i,i)],c(0,fy[i]),lwd=4,lend="square"))
# Diameter distribution, density.
fx<-dweibull(x,5,15);plot(x,fx,type="l",xlab="x",ylab="f(x)")
 # Number of trees, density.
 fz<-dpois(z,7)
plot(z,fz,xlim=c(0,15),type="n",xlab="z",ylab="f(z)")
sapply(1:20,function(i) lines(z[c(i,i)],c(0,fz[i]),lwd=4,lend="square"))
```

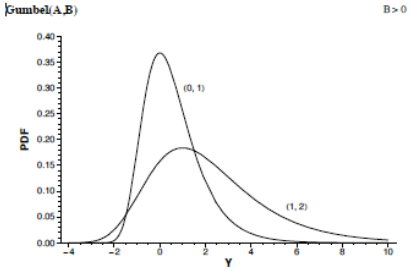


Esercizio

Effettuare lo stesso studio con I seguenti modelli

- **weibull**
- **beta**
- **Esponenziale (exp)**
- **Lognormale (lnorm)**
- **gamma**

Modelli non presenti in R



$$PDF = \frac{1}{B}\exp\left(\frac{A-\gamma}{B}\right)\exp\left(-\exp\left(\frac{A-\gamma}{B}\right)\right)$$

$$CDF = \exp\left(-\exp\left(\frac{A-\gamma}{B}\right)\right)$$

Parameters -- A (ξ): Location, B (θ): Scale

Moments, etc.

$$Mean = A + \gamma B$$

$$Variance = \frac{1}{6}(\pi B)^2$$

$$Skewness = \frac{12\sqrt{6}\,\zeta(3)}{\pi^3} \approx 1.1395$$

$$Kurtosis = \frac{12}{5}$$

$$Mode = A$$

A-49

Modella l'andamento del massimo di un campione estratto da una popolazione di tipo esponenziale

```
par(mfrow=c(2,1))
dgumbel <- function(x,a,b) 1/b*exp((a-x)/b)*
exp(-exp((a-x)/b))
pgumbel <- function(q,a,b) exp(-exp((a-q)/b))
qgumbel <- function(p,a,b) a-b*log(-log(p))
plot(function(x) dgumbel(x, 5,10),-10,30,
     main = "log { gumbelorm density }")
curve(log(dgumbel(x)), add=TRUE, col="red",lwd=2)
mtext("dgumbel(x, log=TRUE)", adj=0)
mtext("log(dgumbel(x))", col="red", adj=1)

plot(function(x) pgumbel(x, 5,10), -10, 30,
     main = "log { gumbelorm Cumulative }")
curve(log(pgumbel(x)), add=TRUE, col="red",lwd=2)
mtext("pgumbel(x, log=FALSE)", adj=0)
mtext("log(pgumbel(x))", col="red", adj=1)
```

Modelli probabilistici univariati/5

Alcuni modelli per variabili discrete

binom	Binomial (size, prob)
hyper	hypergeometric (m, n, k)
nbinom	negative binomial (size, prob)
pois	Poisson (lamda)
geom	geometric (prob)

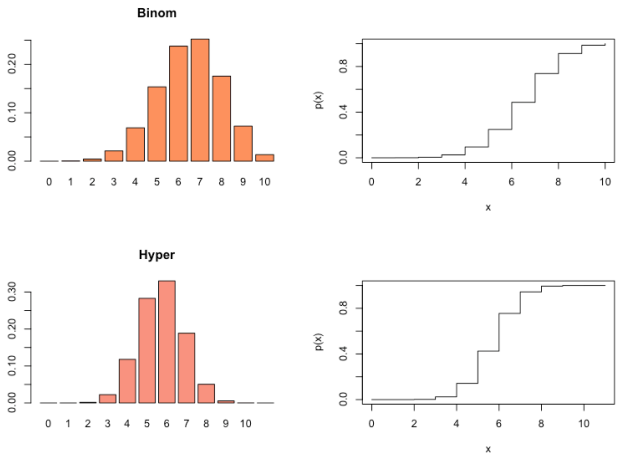
four all discrete distributions you can use the 4 functionspxxxx CDFdxxxx pmf (d for discrete)qxxxx quantilerxxxx random variates

Binomiale

```
plot(0:100,pbinom(0:100,size=100,prob=0.22))
#look at the figure and guess binomial distribution
dbinom(3,size=20,prob=0.4) #pmf(3) Binomial distribution, n=20 p=0.4
dbinom(3,20,0.4) #short version of the above command
dbinom(3.5,20,0.4)

pbinom(3,20,0.4) #CDF(x) Binomial distribution, n=20 p=0.4
sum(dbinom(1:3,20,0.4))
#these commands also work for vectors! why is it not the same as pbinom above??
sum(dbinom(0:3,20,0.4))# now it is the same

qbinom(0.93,20,0.4)#quantile (inverse CDF)
pbinom(11,20,0.4)
pbinom(10,20,0.4)
rbinom(100,20,0.4)#random vector of length 100 of binomial distribution

hist(rbinom(100,20,0.4))#show the histogram with frequencies
hist(rbinom(10000,20,0.4),freq=FALSE)#show the histogram with relative frequencies
plot(0:20,dbinom(0:20,20,0.6),type="s")#plot of the pmf; "s" stands dor stairs

# Calculate  Porb(X>=10) by simulation
 mean(runif(1000000)>0.8)
# calculates the empirical probability that uniform 0,1 variate larger than 0.8
```

ESEMPIO

```
par(mfrow=c(2,2))
barplot(dbinom(0:10,10,0.65), col="coral", names.arg=0:10,main="Binom")
plot(0:10, pbinom(0:10, 10, 0.65), type="s", xlab="x", ylab="p(x)")

barplot(dhyper(0:11,12,9,10), col="salmon", names.arg=0:11,main="Hyper")
plot(0:11, phyper(0:11, 12, 9,10), type="s", xlab="x", ylab="p(x)")
```



Istogramma con curva

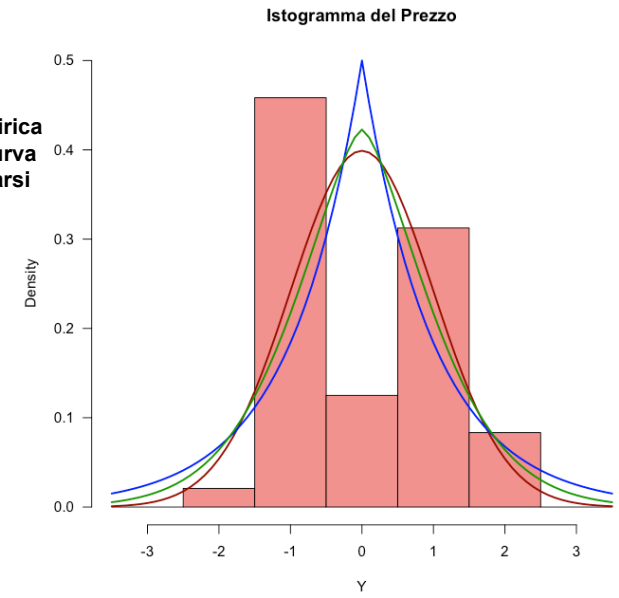
Prezzo medio per carato in dollari di un anello con diamanti sul mercato di Singapore.

```
library(normalp)
Y<-scan("PMKarat.txt")
Y<-scale(Y) # sottrazione della media e divisione per lo scarto
Y[Y < -3.5 | Y > 3.5] <- NA # Esclusione dei valori troppo grandi
x <- seq(-3.5, 3.5, .1)
dn <- dnorm(x)
par(mar=c(4.5, 4.1, 3.1, 0))
hist(Y, breaks=seq(-3.5, 3.5), ylim=c(0, 0.5), col="lightcoral", freq=FALSE,
main="Istogramma del Prezzo")
lines(x, dnorm(x), lwd=2,col="red4")
lines(x,dnormp(x,p=1),lwd=2,col="blue")
lines(x,dnormp(x,p=1.5),lwd=2,col="green4")
par(mar=c(5.1, 4.1, 4.1, 2.1))
```

Si tenta di modellare I dati con varie curve di tipo gaussiano esponenziale

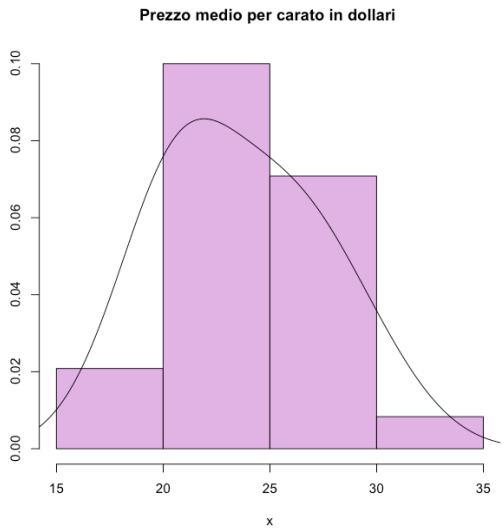
Esempio

Se la distributione empirica è bimodale, nessuna curva teorica potrà mai adattarsi ad essa in modo soddisfacente



Comando density

```
x<-scan("PMKarat.txt")
idq<-summary(x)[5]-
summary(x)[2]
truehist(x,probability=
TRUE,col="plum",main=
"Prezzo medio per carato in
dollari ")
lines(density(x,width=2
*idq))
```



Esempio/1

```
#Istogramma delle frequenze e spline interpolante
par(mfrow=c(1,1),mar=c(4,4,2,2))
attach(attitude)
hist(rating,breaks="sturges",freq=FALSE,main="Istogramma
delle frequenze",xlab="Modalità osservate",ylab="Densità di
frequenza",col="lightblue",border="red")
Dens<-density(rating)
xval<-range(Dens$x);yval<-range(Dens$y)
# yval[2]<-yval[2]+0.0025
hist(rating,breaks="sturges",freq=FALSE,main="Istogramma
delle frequenze",xlab="Modalità osservate",ylab="Densità di
frequenza",col="lightblue",border="red",probability=TRUE,xlim
=xval,ylim=yval)
lines(Dens,col="blue",lwd=2,lty=2)
```

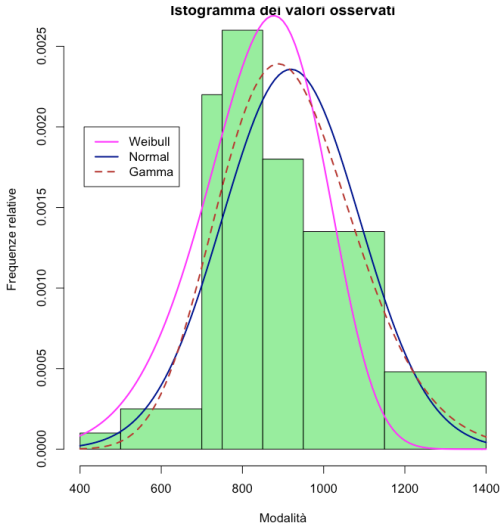
```
density(x, bw = "nrd0", adjust = 1,
        kernel = c("gaussian", "epanechnikov", "rectangular",
                   "triangular", "biweight",
                   "cosine", "optcosine"),
        weights = NULL, window = kernel, width,
        give.Rkern = FALSE,
        n = 512, from, to, cut = 3, na.rm = FALSE, ...)
```

Esempio: Adattamento di una distribuzione teorica

```
hist(Nile,main="Istogramma dei valori
osservati",ylab="Frequenze
relative",xlab="Modalità",breaks=c(400,500,700,750,850,950,115
0,1400 ),freq=FALSE,right=TRUE,col="lightgreen",prob=TRUE)
sdn<-sd(Nile);xdn<-mean(Nile)
curve(dnorm(x,mean=xdn,sd=sdn),add=TRUE,lwd=2,col="navy")
cvn<-xdn/sdn^2;hdn<-xdn^2/sdn^2
curve(dweibull(x,shape=6.5,scale=900),from=400,
to=1400,add=TRUE,lwd=2,col="magenta")
curve(dgamma(x,rate=cvn,shape=hdn,),add=TRUE,lwd=2,lty=2,col="
brown")
legend(410,0.0020,legend=c("Weibull","Normal","Gamma"),col=c("
magenta","navy","brown"),lwd=c(2,2,2),lty=c(1,1,2))
```

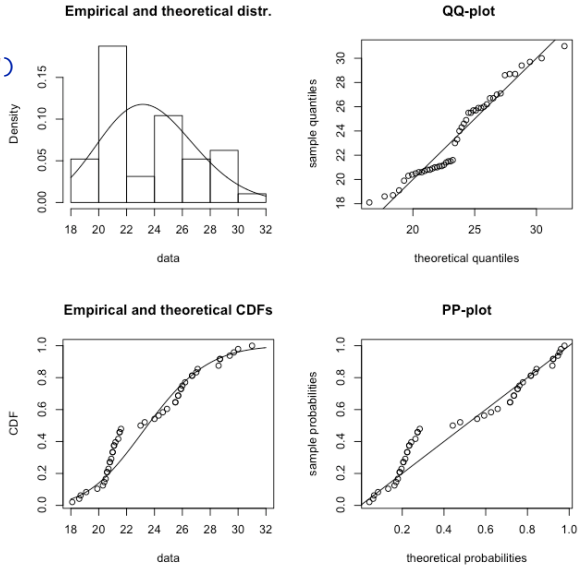
Esempio (continua)

Si può notare la unimodalità dell'istogramma che viene in effetti colta dai modelli. Nessuno di essi sembra però individuare la asimmetria verso i valori grandi



Adattamento di una distribuzione/2

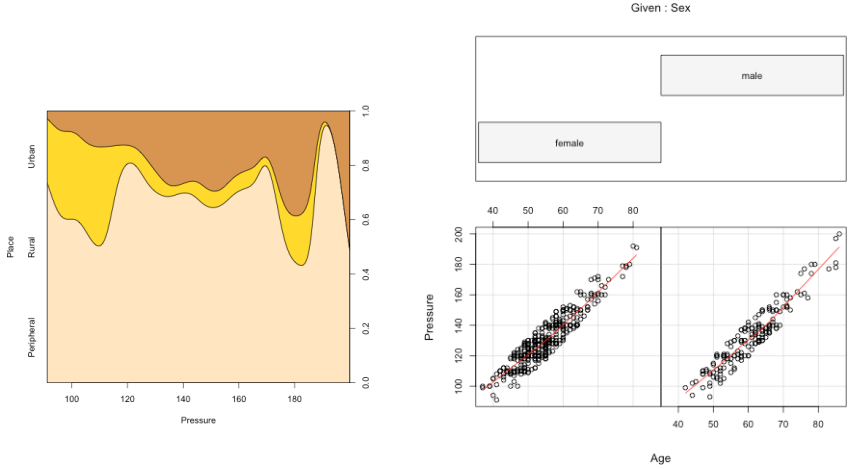
```
library(fitdistrplus)
x<-scan("PMKarat.txt")
f1c <- fitdist(x,"gamma")
print(f1c)
plot(f1c)
```



Se l'adattamento fosse buono, gli scarti nei grafici PP e QQ sarebbero piccoli

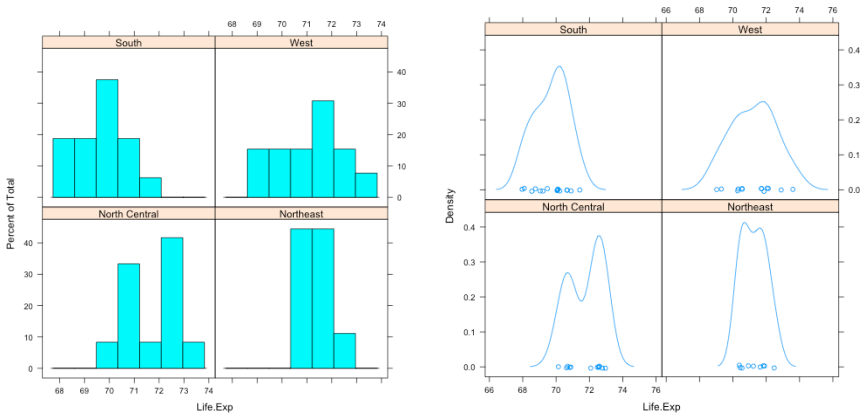
Densità condizionate

```
Older<-read.table("UrbGen.csv",header=T,sep=",")
attach(Older)
graphics.off()      # reset/close all graphical devices
cdplot(Place~Pressure,bw="nrd0",col=c("moccasin","gold","peru"))
coplot(Pressure ~ Age | Sex, panel=panel.smooth)
```



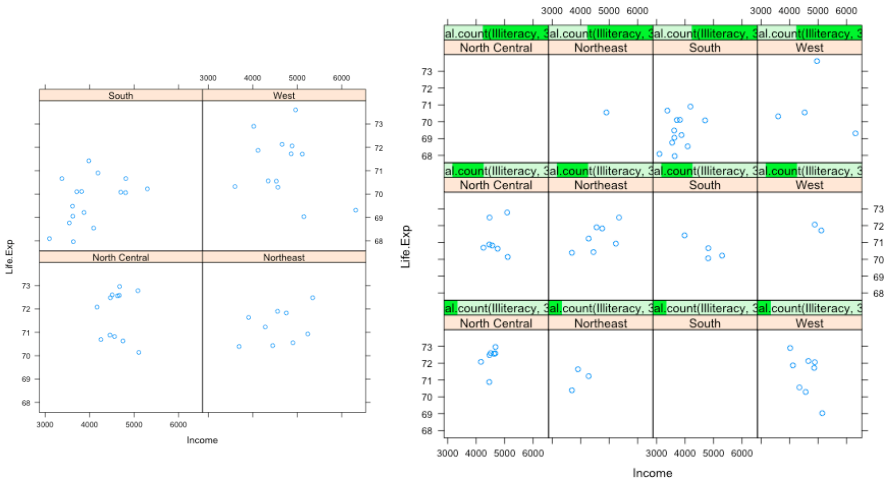
Confronto di ditribuzioni

```
USstates <- read.table("USstates.txt",header=T,sep=",")
attach(USstates)
summary(USstates)  # summary stats
library(lattice)                  # enhanced plotting environment
histogram(~ Life.Exp | Region)  # Life.exp split in 3 classes
densityplot(~ Life.Exp | Region)
```



Confronto di relazioni

```
xyplot(Life.Exp ~ Income| Region)
xyplot(Life.Exp ~ Income| Region*equal.count(Illiteracy,3,0))
```



Campionamento

```
Population<-
c(3,4,12,5,11,35,24,21,29,38,11,17,34,6,22,13,19,24,38,2,17,
+ 15,28,31,29,11,23,34,3,12,4,28,39,16,22,31,37,19)
N<-length(Population);n<-floor(0.20*N)
set.seed(262657)
Sam1<-sample(Population,n,replace=TRUE)
print(Sam1)
Sam2<-sample(Population,n,replace=FALSE)
print(Sam2)
Sam3<-sample(Population,n,replace=TRUE,prob=1/(Population^2))
print(Sam3)
Sam4<-sample(Population,n,replace=FALSE,prob=1/(Population^2))
print(Sam4)
Sam5<-sample(Population,n,replace=TRUE,prob=1/(Population^0.1))
print(Sam5)
Music<-
c("Puccini","Rossini","Verdi","Mascagni","Paisiello","Rendano","Doniz
etti","Bellini","Leoncavallo","Monteverdi")
Best<-sample(Music,4,replace=FALSE)
print(Best)
```

Integrazione Numerica

Per calcolare il valore di un integrale definito di una certa funzione in un dato intrervallo si usa il comando **integrate**

```
integrate(f, lower, upper, ..., subdivisions=100,
rel.tol = .Machine$double.eps^0.25, abs.tol = rel.tol,
stop.on.error = TRUE, keep.xy = FALSE, aux = NULL)
```

$$\int_0^{\pi/2} 4\sin(2x)\exp(-x^2)dx$$

```
integrand<-function(x) 4*sin(2*x)*exp(-x^2)
print(Area<-integrate(integrand,0,pi/2))
```

2.190752 with absolute error < 2.4e-14

```
integrand<-function(x) 4*sin(2*x)*exp(-x^2)
print(Area<-integrate(integrand,0,Inf))
```

2.152318 with absolute error < 2.7e-05

Spiegate il risultato inferiore

Generazione di numeri pseudo casuali

La simulazione di numeri casuali si basa su sequenze di numeri che nascono da ben definite relazioni matematiche e per questo si parla di numeri pseudocasuali.

Pur conservando un precipuo carattere deterministico si comportano come una successione di variabili casuali.

L'evoluzione dei generatori di numeri ha una sua pietra miliare nei generatori congruenziali lineari introdotti da Lehmer (1949).

La loro formula è

$$X_n = (aX_{n-1} + c)\ Mod\ m; \quad n=1,2,\ldots,m$$

$$p \equiv q\ Mod\ m \text{ significa che } \quad p = q - \left\lfloor \frac{q}{m} \right\rfloor m$$

ovvero *p è il resto intero della divisione di q per m*

Generazione di numeri pseudo casuali/2

Le sequenze ottenute dalla sono deterministiche: dato un certo termine è possibile calcolarne qualsiasi altro che interverrà in successione,

La conseguenza è che ogni successione è riproducibile: per ripeterla tutta è sufficiente conservarne il valore iniziale.

Il comando in R è

RNGkind(kind = NULL, normal.kind = NULL)

Esistono diversi algoritmi per ottenere numeri pseudo casuali di qualità.
In particolare

kind="Wichmann-Hill" (da me sperimentato con successo in molte occasioni)

kind="Mersenne-Twister" (scelta di default) che ha un periodo molto elevato (2^19937)-1 e si mantiene efficace anche nel caso di generazioni multivariate.

Generazione di numeri pseudo casuali/3

Dal generatore si ottengono valori pseudo casuali nell'intervallo unitario

Per ottenere valori da altre distribuzioni ci si può basare sul seguente risultato teorico

Teorema
Se la variabile casuale X ha funzione di densità f(x) allora la variabile casuale

$$u = \int_{-\infty}^{x} f(t)dt$$

ha densità uniforme sull'intervallo [0,1].

Ad esempio, per i modelli che rientrano nella famiglia Burr

$$F(x) = \frac{1}{1+e^{\{-g(x)\}}} \qquad x = g^{-1}\left[Ln\left(u/(1-u) \right) \right]$$

Per ottenere una x con distribuzione F si usa una una uniforme u e la si trasforma

Esempio: distribuzione logistica

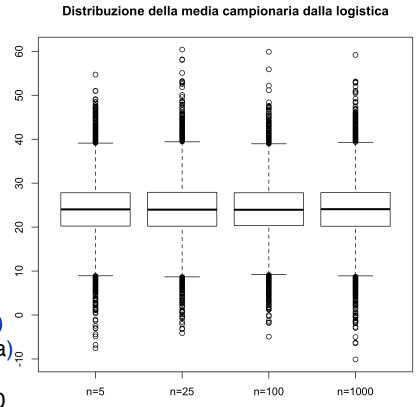
$$F(x;\mu,\sigma) = \frac{1}{1+\exp\left[-\left(\frac{x-\mu}{\sigma}\right)\right]}; \qquad \sigma > 0$$

$$x = \mu + \sigma \log\left(\frac{u}{1-u}\right) \qquad u \sim uniform\ [0,1]$$

```
Rlogis <- function(n,mu, sigma)
 {u <- rep(runif(1),n)
  return(mu + sigma* log(u/(1-u)))}
```

Simulazione della distribuzione di una media campionaria

```
Rlogis <- function(n,mu, sigma)
{u <- rep(runif(1),n)
 return(mu + sigma* log(u/(1-u)))}
set.seed(820731)
mu<-24;sigma<-3.5
Numsim<-10000
mean5<-rep(0,Numsim);mean25<-mean5
mean100<-mean5;mean1000<-mean5
for (i in 1:Numsim)
{mean5[i]<-mean(Rlogis(5,mu,sigma))
mean25[i]<-mean(Rlogis(25,mu,sigma)
mean100[i]<-mean(Rlogis(100,mu,sigma))
mean1000[i]<mean(Rlogis(1000,mu,sigma)
)}
boxplot(mean5,mean25,mean100,mean10
00,names=c("n=5","n=25","n=100","n=100
0"))
title("Distribuzione della media campionaria
dalla logistica")
```



Integrazione Monte Carlo

Vogliamo calcolare un integrale che ha una funzione integranda complicata

$$I = \int_a^b g(x)dx$$

Generiamo n valori indipendenti da una uniforme in [a,b] e calcoliamo

$$\hat{I} = (b-a)\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} g(\mathrm{X}_i)$$

Per la legge dei grandi numeri si ha

$$\hat{I}_n \to (b-a)\mathbf{E}\left[g(\mathbf{X})\right]$$

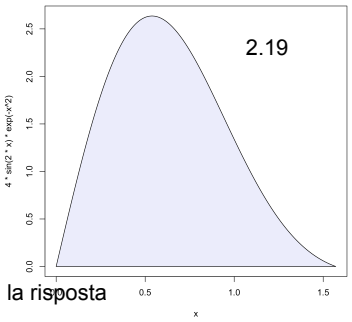
Il valore atteso di g(x) in [a,b] è dato da

$$\mathrm{E}\left[g(\mathrm{X})\right] = \int_a^b g(x)\frac{1}{b-a}dx = \left(\frac{1}{b-a}\right)I$$

Quindi I_n è una approssimazione di I che migliora all'aumentare di n

Esempio

$$\int_0^{\pi/2} 4\sin(2x)\exp(-x^2)dx$$




```
curve(4*sin(2*x)*exp(-x^2),0,pi/2,201)
x1<-seq(0,pi/2,length=201)
y1<-4*sin(2*x1)*exp(-x1^2)
x2<-seq(0,pi/2,length=201)
y2<-4*sin(2*x2)*exp(-x2^2)
polygon(c(x1,x2),c(y1,y2),col="lavender")
u <- runif(1000000, min=0, max=pi/2)
pi/2*mean(4*sin(2*u)*exp(-u^2))
# a=0, b=pi/2, so b–a=pi/2#
```

Se non fissa il seed del generatore di numeri casuali la risposta

```
# sarà diversa per la stessa chiamata
u <- runif(1000000, min=0, max=pi/2)
pi/2*mean(4*sin(2*u)*exp(-u^2)) # a=0, b=pi/2, so b–a=pi/2
# Fissato il seed il calcolo sarà lo stesso ad ogni call. Ad esempio
set.seed(820731)
u <- runif(1000000, min=0, max=pi/2)
pi/2*mean(4*sin(2*u)*exp(-u^2)) # a=0, b=pi/2, so b–a=pi/2
set.seed(820731)
u <- runif(1000000, min=0, max=pi/2)
pi/2*mean(4*sin(2*u)*exp(-u^2)) # a=0, b=pi/2, so b–a=pi/2
```

Verifica della normalità

Una parte considerevole delle studio inferenziale si regge sull'ipotesi di normalità delle osservazioni.

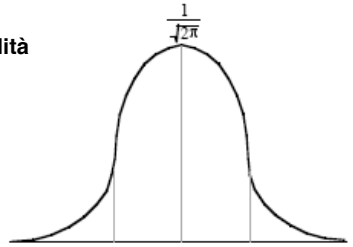
Se I valori non sono normali molte procedure conservano ancora efficienza purché

Gli errori si mostrino simmetrici

Le code si mostrino leggere

Grazie anche a queste condizioni la normalità diventa un'ipotesi plausibile per campioni moderatamente grandi.

E' quindi opportuno asseverare se i valori osservati siano riconducibili alla ipotesi di normalità



QQ_plot

Il grafico è ottenuto riportando in un sistema di assi cartesiano I valor (standardizzati ed ordinati) ed i quantili della Normale corrispondenti (da cui: grafico quantile-quantile)

In dettaglio

$$\left[Z(p_i),\ \frac{\hat{e}_{(i)}}{\hat{\sigma}_i}\right]; \qquad i = 1,2,\ \ldots,n$$

Il pedice tra parentesi indica valori ordinati in senso ascendente.

$Z(p_i)$ sono i quantili della normale standardizzata corrispondenti alla frequenza cumulata p_i associata con $e_{(i)}$ osservato.

Se il grafico somiglia molto ad una retta che passa per l'origine e con inclinazione unitaria (la bisettrice del quadrante per intenderci), l'approssimazione normale è considerata buona.

Posizioni grafiche

La scelta dei quantili cui far corrispondere $e_{(i)}$ stimato è controversa.

Scartata la soluzione $p_i=i/n$ che è inadatta per un supporto infinito (raggiunge subito l'unità per i=n), ci si è orientati sulla seguente formula generale

$$p_i(\alpha,\beta) = \frac{i-\alpha}{n+1-(\alpha+\beta)}$$

Dove α e β sono tali da assicurare valori crescenti compresi tra zero ed uno.

I valori di questi parametri cambiano da distribuzione a distribuzione.

Spesso si sceglie $\alpha=\beta$

Scelta delle posizioni grafiche

Name	α	β	$p_i(\alpha,\beta)$
0) *Hazen*	0.5	0.5	$\left(\frac{i-0.5}{n}\right)$
1) *Weibull*	0	0	$\left(\frac{i}{n+1}\right)$
2) *Blom*	0.375	0.375	$\left(\frac{i-0.375}{n+0.25}\right)$
3) *Landwehr*	0.35	0.65	$\left(\frac{i-0.35}{n}\right)$
4) *Tukey*	0.3333	0.3333	$\left(\frac{i-0.3333}{n+0.3333}\right)$
5) *Cunnane*	0.4	0.4	$\left(\frac{i-0.4}{n+0.2}\right)$
6) *Benard*	0.3	0.3	$\left(\frac{i-0.3}{n+0.4}\right)$
7) *Filliben*	0.3175	0.3175	$\left(\frac{i-0.3175}{n+0.65}\right)$
8) *Gringorten*	0.44	0.44	$\left(\frac{i-0.44}{n+0.12}\right)$
9) *Larsen*	0.567	0.567	$\left(\frac{i-0.3175}{n-0.134}\right)$

La formula di Weibull gode di una certa popolarità.

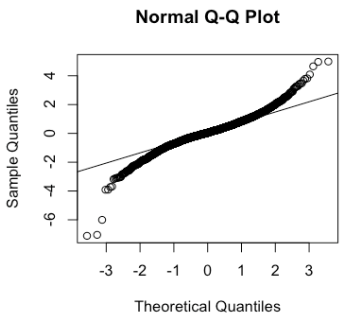
Quella che si consiglia è la Landwehr

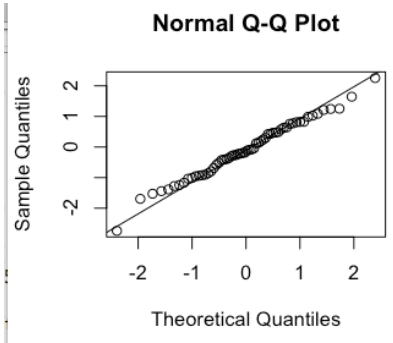
$p_i(\alpha,\beta)$ è una approssimazione dei quantili della distribuzione uniforme nell'intervallo unitario.

Grazie al teorema dell'inversione possiamo ottenere i quantili di moltissime distributioni a partire proprio da $p_i(\alpha,\beta)$

Esempio

```
x<-rnorm(60)
qqnorm(x);qqline(x)
###
library(MASS)
SP500
qqnorm(SP500)
qqline(SP500)
```



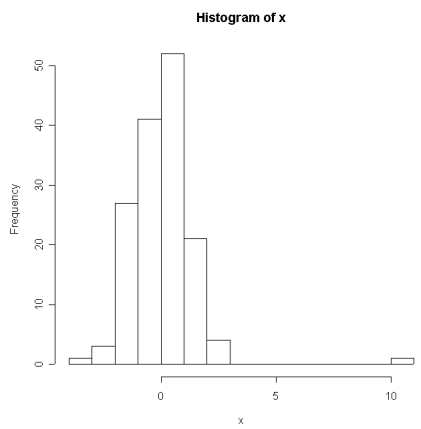


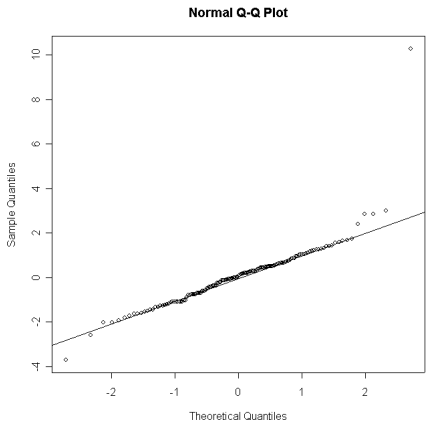
R utilizza le posizioni di Weibull

Il grafico Q-Q è un semplice ed utile ausilio per accertare l'aderenza alla Normale ovvero a qualsiasi distribuzione di cui siano noti i quantili.

Casi di disnormalità: valori remoti

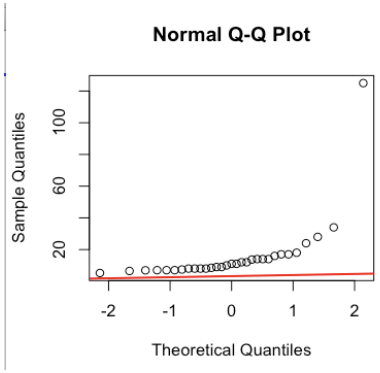
I casi di osservazioni estreme (alla luce del campione osservato) sono subito evidenti nel grafico QQ

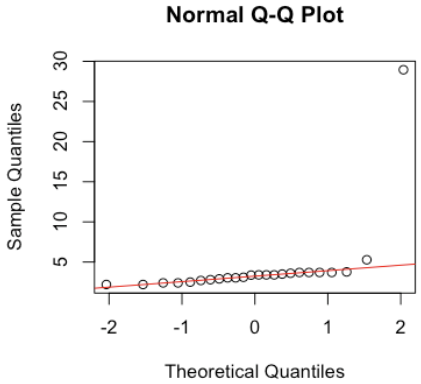




Esempio

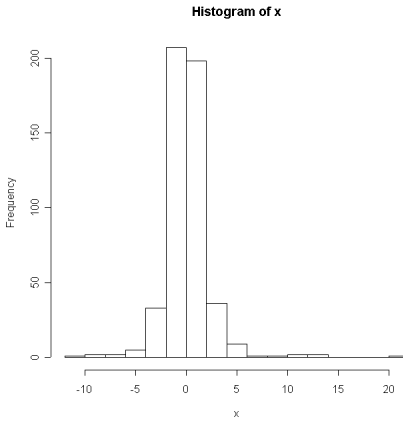
```
library(MASS)
qqnorm(chem)
qqline(chem)
###
qqnorm(abbey)
qqline(chem,col = 2,lwd=2)
```

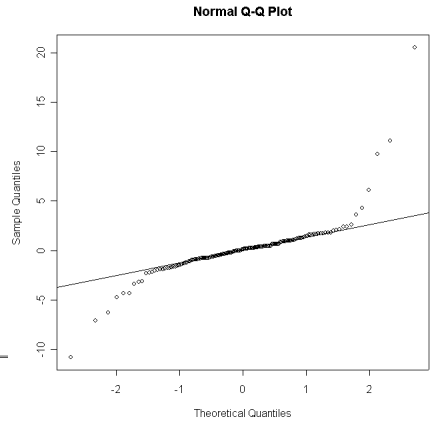




Casi di disnormalità: code pesanti

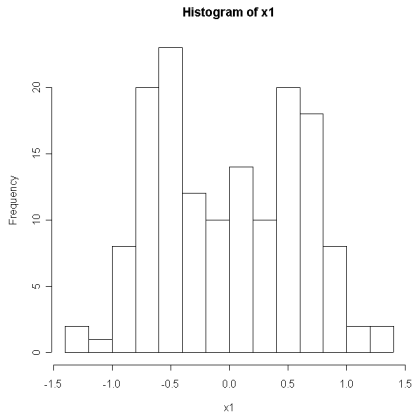
Le code pesanti si mostrano con la presenza di varie osservazioni per valori troppo bassi e/o troppo alti rispetto a ciò che ci si aspetta in un fenomeno normale

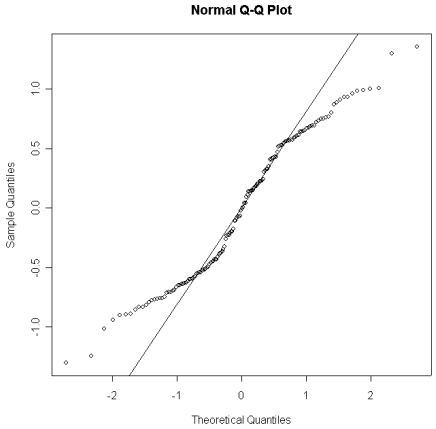




Casi di disnormalità: code smorzate

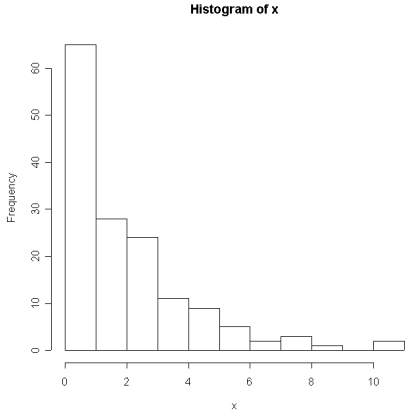
Le code smorzate si mostrano con l'assenza di osservazioni per valori bassi e/o alti laddove un fenomeno normale produrrebbe diversi valori sia pure con frequenza decrescente

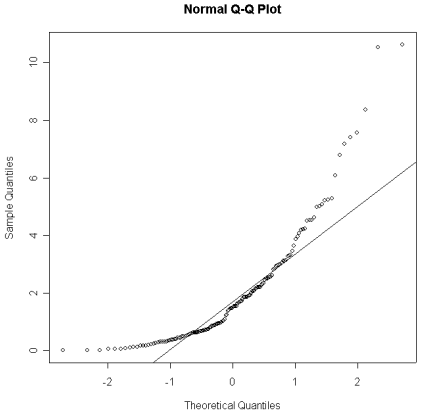




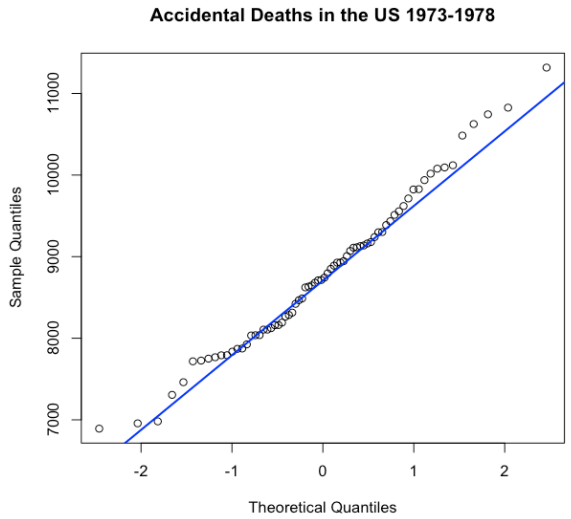
Casi di disnormalità: asimmetria

L'asimmetria della distribuzione si riscontra nella presenza di una forte curvatura del diagramma QQ.





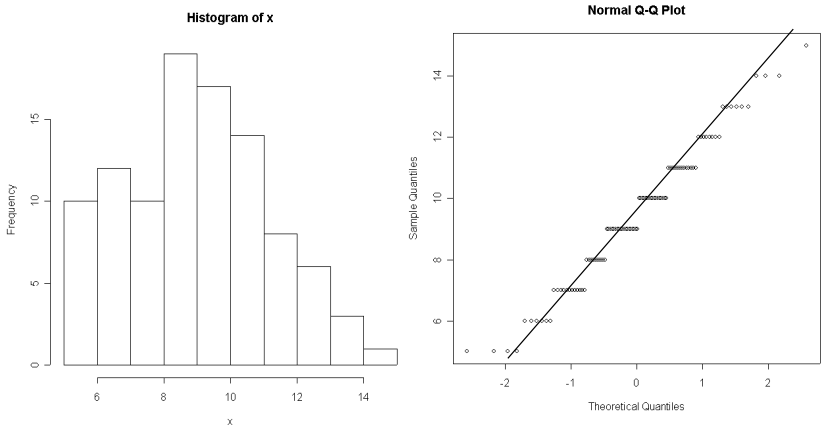
```
library(MASS)
qqnorm(accdeaths,main="Accidental Deaths in the US 1973-1978")
qqline(accdeaths,col = 4,lwd=2)
```



Casi di disnormalità: livellamenti

Il verificarsi di valori ripetuti (a causa di unità di misura troppo grezze) si traduce in una deviazione dalla normalità.

Anche la presenza di gap (vuoti) tra i valori è segno di disnormalità



Matrici

```
> x<-matrix(1:10,ncol=5) #costruisci una matrice
> x
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]    1    3    5    7    9
[2,]    2    4    6    8   10
> x[,1] #seleziona la prima colonna
[1] 1 2
> x[2,] #seleziona la seconda riga
[1]  2  4  6  8 10
> x[3,2] #seleziona l'elemento [3,2]
Error: subscript out of bounds
> x[2,3] #...e quello [2,3]
[1] 6
> x[,4:5] #seleziona solo le colonne 4 e 5
     [,1] [,2]
[1,]    7    9
[2,]    8   10
> x[,-c(2,4)] #seleziona le colonne 1, 3 e 5
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    1    5    9
[2,]    2    6   10
```

Matrici/2

Altre funzioni sono `cbind()`, `rbind()` e `diag()` che costruisce una matrice diagonale o estrae la diagonale da una matrice:

```
> cbind(1:2,c(1,-2),c(0,9)) #dipone per colonne
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    1    1    0
[2,]    2   -2    9
> rbind(1:4,c(0,5,-4,6)) #dispone per righe
     [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    1    2    3    4
[2,]    0    5   -4    6
> diag(x[,4:5]) #estrae la diagonale principale
[1]  7 10
> X<-diag(1:3) #costruisce una matrice diagonale
```

Matrici/3

Il contenuto delle matrici deve essere OMOGENEO e non necessariamente NUMERICO

```
> matrix(month.name, nrow = 6)
     [,1]        [,2]
[1,] "January"   "July"
[2,] "February"  "August"
[3,] "March"     "September"
[4,] "April"     "October"
[5,] "May"       "November"
[6,] "June"      "December"
```

Matrici/4

```
> mydata <- c(2.9, 3.4, 3.4, 3.7)
> colour <- c("red", "green", "blue")
> x1 <- 25:30
> length(mydata)
[1] 4
> mode(mydata)
[1] "numeric"
> mode(x1)
[1] "numeric"
> colour[2:3]
[1] "green" "blue"
> x1[-1]
[1] 26 27 28 29 30
> colour != "green"
[1]  TRUE FALSE  TRUE
> colour[colour != "green"]
[1] "red"  "blue"
> names(mydata) <- c('a', 'b', 'c', 'd')
> mydata
   a   b   c   d
 2.9 3.4 3.4 3.7
> letters
[1] "a" "b" "c" "d" "e" "f" "g" "h" "i" "j" "k" "l" "m" "n" "o"
"p" "q" "r" [19] "s" "t" "u" "v" "w" "x" "y" "z"
> mydata[letters[1:2]]
   a   b
 2.9 3.4
> matrix(x1, 2, 3)
     [,1] [,2] [,3]
[1,]   25   27   29
[2,]   26   28   30
> matrix(x1, 2, 3, byrow=T)
     [,1] [,2] [,3]
```

Matrici/5

E' possibile creare matrici con l'aggregazione di matrici più piccole e/o di vettori grazie agli operatori cbind (accostamento di colonne) e rbind (accostamento di righe)

```
> y <- cbind(A = 1:4, B = 5:8, C = 9:12)
> y
     A B  C
[1,] 1 5  9
[2,] 2 6 10
[3,] 3 7 11
[4,] 4 8 12
> rbind(y, 0)
     A B  C
[1,] 1 5  9
[2,] 2 6 10
[3,] 3 7 11
[4,] 4 8 12
[5,] 0 0  0
```

Note that the short vector (0) is replicated.

Matrici/6

```
x<-c(1:5,7:14,-7:-1)
A<-matrix(x, nrow = 5, ncol=4, byrow=TRUE,dimnames =
list(c("row_1", "row_2","row_3","row_4","row_5"),c("C.1",
"C.2", "C.3","C.4")))
n<-nrow(A);m<-ncol(A);d<-dim(A) # numero di righe e di colonne
cat(n,m,d,d[1],d[2],"\n")
rownames(A)<-c("Pax","Meger","Str","Vac","Lu")
colnames(A)<-c("Pz","Cs","To","Lon");A
```

```
5 4 5 4 5 4
> rownames(A)<-c("Pax","Meger","Str","Vac","Lu")
> colnames(A)<-c("Pz","Cs","To","Lon")
> A
      Pz Cs To Lon
Pax    1  2  3   4
Meger  5  7  8   9
Str   10 11 12  13
Vac   14 -7 -6  -5
Lu    -4 -3 -2  -1
```

Indici di una matrice

```
#Data una matrice si intende richiamarne alcune parti
x<-c(1:5,7:14,-7:-1)
A<-matrix(x, nrow = 5, ncol=4, byrow=TRUE,dimnames =
list(c("row_1", "row_2","row_3","row_4","row_5"),
c("C.1", "C.2", "C.3","C.4")))
A
A[,3]; ##### Terza colonna
A[4,]; ##### Quarta riga
A[,,]; #### Tutto
A[5,2]
 #### Elemento in posizione
di riga 5 e colonna 2
```

```
> A
      C.1 C.2 C.3 C.4
row_1   1   2   3   4
row_2   5   7   8   9
row_3  10  11  12  13
row_4  14  -7  -6  -5
row_5  -4  -3  -2  -1
> A[,3]; ##### Terza colonna
row_1 row_2 row_3 row_4 row_5
    3     8    12    -6    -2
> A[4,]; ##### Quarta riga
C.1 C.2 C.3 C.4
 14  -7  -6  -5
> A[,]; #### Tutto
      C.1 C.2 C.3 C.4
row_1   1   2   3   4
row_2   5   7   8   9
row_3  10  11  12  13
row_4  14  -7  -6  -5
row_5  -4  -3  -2  -1
> A[5,2] #### Elemento in posizione di riga 5 e colonna 2
[1] -3
```

Vettorizzazione

```
#vettorizzazione della matrice C di n righe e m colonne
C<-c(1,2,3,10,11,12)
C<-matrix(C,nrow=2,ncol=3,byrow=TRUE)
n<-2;m<-3
A<-matrix(0,n*m) # n righe,m colonne
A<-matrix(C,nrow=n*m,ncol=1);A
#
## Matrice di vettori
X<-matrix(c(-3,0,-1,2,0,-1,1,-1),4,2)
Y<-matrix(c(1,2,3,4,4,3,2,1),4,2)
Z<-matrix(c(-4,2,-3,1,2,0,0,1),4,2)
print(X);print(Y);print(Z)
x<-matrix(X,nrow=8,ncol=1)
y<-matrix(Y,nrow=8,ncol=1)
z<-matrix(Z,nrow=8,ncol=1)
D<-cbind(x,y,z);D
```

Trasposta di una matrice

E' la tabella che si ottiene ricopiando la matrice con le righe al posto delle colonne.

L'operatore è t()

A cosa è uguale
C<-t(t(A)) ?

```
> A<-matrix(1:12,3,4,byrow=TRUE)
> A
     [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]    1    2    3    4
[2,]    5    6    7    8
[3,]    9   10   11   12
> B<-t(A)
> B
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    1    5    9
[2,]    2    6   10
[3,]    3    7   11
[4,]    4    8   12
```

Uso dell'operatore diag()

La diagonale delle matrici quadrate ha sempre un ruolo speciale nelle applicazioni pratiche dell'algebra lineare

Matrice identità

$$I = \begin{pmatrix} 1 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & 1 & \dots & 0 \\ \vdots & & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \dots & 1 \end{pmatrix}$$

```
> A<-matrix(0,5,5);diag(A)<-1
> A
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]    1    0    0    0    0
[2,]    0    1    0    0    0
[3,]    0    0    1    0    0
[4,]    0    0    0    1    0
[5,]    0    0    0    0    1
```

A<-diag(5)

Recupero della diagonale

```
> A<-matrix(c(1,-17,4,pi,0,8,2,-3/4,-exp(1)),3,3,byrow=TRUE)
> A
          [,1]   [,2]      [,3]
[1,] 1.000000 -17.00  4.000000
[2,] 3.141593   0.00  8.000000
[3,] 2.000000  -0.75 -2.718282
> D<-diag(A)
> D
[1]  1.000000  0.000000 -2.718282
```

$$A = \begin{pmatrix} 1 & -17 & 4 \\ \pi & 0 & 8 \\ 2 & -3/4 & -e \end{pmatrix}$$

Traccia e determinante di una matrice

La traccia è data dalla somma sugli elementi della diagonale

$$Tr(A) = \sum_{i=1}^{n} a_{i,i}$$

Il determinante di una matrice è una somma di prodotti degli elementi della matrice combinati secondo un procedimento ben preciso

A partire dalle definizioni

$$X = \begin{bmatrix} 1 & 2 & 3 \\ 0 & -1 & -2 \\ -1 & 0 & 7 \end{bmatrix} \quad Y = \begin{bmatrix} 6 & 0 & 0 \\ -3 & 4 & 0 \\ 0 & -5 & 2 \end{bmatrix}$$

Calcoliamo la traccia ed il determinante delle due matrici

- TrX<-sum(diag(X)); TrY<-sum(diag(Y));
- DtX<-det(X);DtY<-det(Y)

Prodotto (interno) di Matrici

Si realizza grazie all'operatore

% * %

Attenzione! Il solo asterisco definisce il prodotto di HADAMARD tra matrici.

E' diverso dal prodotto interno perché moltiplica le matrici elemento per elemento corrispondente

```
> x
  [,1] [,2] [,3] [,4]
A    1    2    3    4
B    5    6    7    8
C    9   10   11   12
> x * x
  [,1] [,2] [,3] [,4]
A    1    4    9   16
B   25   36   49   64
C   81  100  121  144
> x %*% t(x)
    A   B   C
A  30  70 110
B  70 174 278
C 110 278 446
```

Matrici triangolari

Le matrici triangolari sono strutture che si incontrano in varie situazioni, ad esempio nella soluzione dei sistemi di equazioni

$$T_L = \begin{bmatrix} a & e & h & j \\ 0 & b & f & i \\ 0 & 0 & c & g \\ 0 & 0 & 0 & d \end{bmatrix}; \quad T_{L,d} = \begin{bmatrix} 0 & a & e & g \\ 0 & 0 & b & f \\ 0 & 0 & 0 & c \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}; \quad T_U = \begin{bmatrix} a & 0 & 0 & 0 \\ e & b & 0 & 0 \\ h & f & c & 0 \\ j & i & g & d \end{bmatrix}; \quad T_{U,d} = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 \\ a & 0 & 0 & 0 \\ e & b & 0 & 0 \\ g & f & c & 0 \end{bmatrix};$$

```
H<-matrix(c(1:5,2:6,3:7,4:8,5:9),5,5);H
#
HL<-H;HL[upper.tri(H,diag=F)]<-0HL
HLd<H;HLd[upper.tri(H,diag=T)]<-0;HLd
HU<H;HU[lower.tri(H,diag=F)]<-0;HU
HUd<-H;HUd[lower.tri(H,diag=T)]<-0;HUd
```

```
> # Hankel matrix
> H<-matrix(c(1:5,2:6,3:7,4:8,5:9),5,5);H
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]    1    2    3    4    5
[2,]    2    3    4    5    6
[3,]    3    4    5    6    7
[4,]    4    5    6    7    8
[5,]    5    6    7    8    9
```

Illustrazione

I costi unitari di trasferimento ed il numero di spedizioni da quattro magazzini per tre punti vendita sono i seguenti

Costi unitari

	M_1	M_2	M_3	M_4
V_1	10	15	9	7
V_2	14	8	12	8
V_3	6	14	22	17

Spedizioni

	M_1	M_2	M_3	M_4
V_1	4	8	7	2
V_2	1	0	2	9
V_3	0	5	3	6

Costi totali

	M_1	M_2	M_3	M_4
V_1	40	120	63	14
V_2	14	0	24	72
V_3	0	70	66	102

La matrice dei costi totali è ottenuta come prodotto di Hadamard tra la matrice dei costi unitari per la matrice del numero di spedizioni

```
CU<-matrix(c(10,15,9,
7,14,8,12,8,6,14,22,17),nrow=3,ncol=4,byrow=TRUE,dimnames=list(c("V.
1","V.2","V.3"),c("M1","M2","M3","M4")))
```

1) Costruire la Matrice
2) Realizzare il prodotto di Hadamard
3) Realizzare il prodotto t(CU) per SPE e interpretare il risultato

1) Mostrare che le due matrici

$$A = \begin{bmatrix} 1 & 5 & -5 \\ 3 & 2 & -5 \\ 6 & -2 & -5 \end{bmatrix}; \quad B = \begin{bmatrix} -3 & 2 & -6 \\ -3 & 5 & -7 \\ -2 & 3 & -4 \end{bmatrix}$$

Hanno lo stesso determinante. (-5)

2) E' plausibile che due matrici diverse abbiano lo stesso determinante?

3) Calcolare il determinante delle due trasposte e del prodotto delle due matrici

1.4 Norms

A *norm* on a vector space V over $\mathbb{C}$ is a real valued function $\|\cdot\|$ on V satisfying three axioms:

1. $\|v\| \geq 0$ for all $v \in V$ and $\|v\| = 0$ if and only if $v = 0$.
2. $\|cv\| = |c|\,\|v\|$ for all $c \in \mathbb{C}$ and $v \in V$.
3. $\|u + v\| \leq \|u\| + \|v\|$ for all $u, v \in V$ (*triangle inequality*).

$$\|x\|_1 = \sum_{i=1}^{n} |x_i|$$

$$\|x\|_2 = \left(\sum_{i=1}^{n} |x_i|^2 \right)^{1/2}$$

$$\|x\|_p = \left(\sum_{i=1}^{n} |x_i|^p \right)^{1/p}$$

$$\|x\|_\infty = \max_{1 \leq i \leq n} |x_i|$$

1) Manhattan: > N1<-sum(abs(A))
2) Euclidea
3) Minkowski
4) Thebychev

Frobenius: tr(A'A)

$$\|A\|_{\mathrm{F}} = \left(\sum_i \sum_j |a_{ij}|^2 \right)^{1/2}$$

INVERSA

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

La funzione `solve()` serve per risolvere sistemi di equazioni lineari, ma può essere utilizzata per il calcolo della matrice inversa

```
> solve(X) #l'inversa
     [,1] [,2]      [,3]
[1,]    1  0.0 0.0000000
[2,]    0  0.5 0.0000000
[3,]    0  0.0 0.3333333
> X%*%solve(X) #....verifica
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    1    0    0
[2,]    0    1    0
[3,]    0    0    1
```

essendo %*% l'operatore 'prodotto-matriciale' (riga × colonna)

In una matrice è possibile sostituire completamente una linea (riga o colonna), ammesso che le dimensioni corrispondano. Ad esempio, per la seconda riga:

```
> x[2,]<-rep(2,5)
> x
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]    1    3    5    7    9
[2,]    2    2    2    2    2
```

A differenza dei vettori, le matrici sono caratterizzate da una coppia di numeri, e la funzione `dim()` è utilizzata per restituire il numero di righe e colonne

library(MASS)
ginv(A)

Soluzione di un sistema lineare

$$\begin{cases} 5x_1 + 3x_2 + 2x_3 = 4 \\ 3x_1 + 9x_2 + 8x_3 = 6 \\ 4x_1 + 2x_2 + 2x_3 = 3 \end{cases}$$

```
A<-matrix(c(5,3,2,3,9,8,4,2,2),nrow=3, byrow=T)
b<-c(4,6,3)
print(A);print(b)
Sol<-solve(A,b)
print(round(Sol,2))
library(MASS)
A1<-ginv(A)
Sol1<-A1 %*% b
print(round(Sol1,2))
```

```
> A<-matrix(c(5,3,2,3,9,8,4,2,2),nrow=3, byrow=T)
> b<-c(4,6,3)
> print(A);print(b)
     [,1] [,2] [,3]
[1,]    5    3    2
[2,]    3    9    8
[3,]    4    2    2
[1] 4 6 3
> Sol<-solve(A,b)
> print(round(Sol,2))
[1] 0.5 0.5 0.0
```

```
> library(MASS)
> A1<-ginv(A)
> Sol1<-A1 %*% b
> print(round(Sol1,2))
     [,1]
[1,]  0.5
[2,]  0.5
[3,]  0.0
```

2.3 Array

Così come le matrici possono intendersi come estensioni dei vettori, gli *array* costituiscono una estensione delle matrici. In un *array* (multidimensionale) ogni suo elemento è individuato da un vettore di indici (si ricordi che in vettori e matrici gli elementi sono individuati da uno e due indici rispettivamente). Ad esempio, in un *array* tridimensionale, ogni elemento è caratterizzato da una terna (i_1, i_2, i_3). Sebbene in Statistica Applicata gli *array* possono trovare numerose applicazioni, in un approccio base tali elementi possono essere tralasciati. Soltanto per completezza qualche codice per la gestione degli array è riportato sotto.

```
> a<-array(1:24, dim=c(3,4,2))
> a[,,2]
     [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]   13   16   19   22
[2,]   14   17   20   23
[3,]   15   18   21   24
> a[1,,]
     [,1] [,2]
[1,]    1   13
[2,]    4   16
[3,]    7   19
[4,]   10   22
> a[1,2,1]
[1] 4
> dim(a)
[1] 3 4 2
```

Per cercare di fissare le idee, un *array* $3 \times 4 \times 2$ può essere pensato come '2 matrici 3×4 una dietro l'altra': ad esempio tali due matrici potrebbero rappresentare una distribuzione doppia in ciascuno dei livelli di un confondente. L'uso delle parentesi quadre, alla stregua di vettori e matrici, ha il fine di selezionare sotto-insiemi dell'*array*.

Gli strati

Matrici e Strati

Matrice: **Tabella riga per colonna di dati omogenei**

Example: **I costi di un servizio in alcune città e alcuni periodi.**

	Venezia	Palermo	Milano
Lunedì	114	102	104
Martedì	112	100	101
Mercoledì	109	104	106
Giovedì	109	99	100
Venerdì	110	95	103
Sabato	109	104	101
Domenica	111	98	109

Strato: **Tabella a 3, 4, … dimensioni di dati omogenei**

Example: **I costi di più servizi in alcune città e alcuni periodi**

Servizio_C	Venezia	Palermo	Milano
Lunedì	112	103	102
Martedì	105	100	104

Servizio_B	Venezia	Palermo	Milano
Lunedì	114	99	108
Martedì	107	96	108
Mercoledì	114	96	107

Servizio_A	Venezia	Palermo	Milano
Lunedì	109	99	104
Martedì	111	102	102
Mercoledì	109	104	109
Giovedì	108	101	103
Venerdì	111	102	104
Sabato	113	98	101
Domenica	109	97	109

104		
104		
108		
105		
103		
102		
100		
109		
107		
101		

Liste

- La lista è uno strumento molto potente a disposizione dell'utente di R.
- Consente di combinare oggetti di natura e tipologia diversa

```
> doe <-
  list(name="John",age=28,married=F,cars=c("bmw","Honda","Ford"
  ))
```

Gli elementi della lista si individuano premettendo il nome della lista seguita dal segnod l $ e poi dal nome del suboggetto desiderato

```
> doe$name
[1] "john“
> doe$age
[1] 28
```

- Se un suboggetto dela lista è un vettore, si potrà accedere agli elementi internic con l'indice tra parentesi quadre.

```
 > doe$car[2]
[1] "Honda"
```

Il comando apply()

Effettua una certa operazione su tutte le righe o su tutte le colonne di una matrice

```
x <- cbind(x1 = 3, x2 = c(4:1, 2:5))
rownames(x)<- letters[1:8]
apply(x, 2, mean, trim = .2)
col.sums <- apply(x, 2, sum)
row.sums <- apply(x, 1, sum)

# Effetto margini
rbind(cbind(x, Rtot = row.sums), Ctot =
c(col.sums, sum(col.sums)))
```

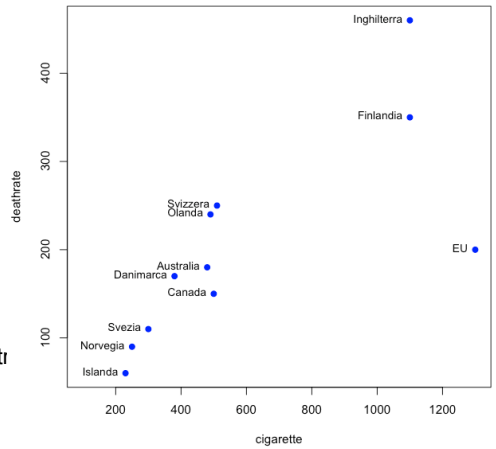
```
################################################
#Esempio sui numeri indici sintetici
datip<-matrix(0,3,5);datiq<-matrix(0,3,5)
datip[1,]<-c(5200,2800,5800,6100,9870)
datiq[1,]<-c(46224,14510,6265,2158,780)
datip[2,]<-c(5500,2950,6400,6400,10160)
datiq[2,]<-c(48128,15188,7128,2297,690)
datip[3,]<-c(6000,3150,6950,6900,11540)
datiq[3,]<-c(51053,16873,7059,2325,730)
datip85<-rbind(datip[1,],datip[1,],datip[1,])
datiq85<-rbind(datiq[1,],datiq[1,],datiq[1,])
M2<-datip85 * datiq #denominatore di Paasche
M3<-datip * datiq85 #numeratore di Laspeyres
M1<-datip * datiq # numeratori di Paasche e denominatore di Laspeyres
Npas<-apply(M1,1,sum)
Dpas<-apply(M2,1,sum)
Nlas<-apply(M3,1,sum)
Dlas<-rep(Npas[1],3)
PAS<-Npas*100/Dpas
LAS<-Nlas*100/Dlas
index<-cbind(LAS,PAS)
rownames(index)<-c(1985,1990,1995)
colnames(index)<-c("Laspeyres","Paasche")
print (round(index,2))
```

```
####################################
#Esempio sui numeri indici dell'occasione tipica
datip<-matrix(0,3,4);datiq<-matrix(0,3,4)
datip[,1]<-c(2800,3500,3900)
datiq[,1]<-c(32,40,45)
datip[,2]<-c(3000,4000,4500)
datiq[,2]<-c(150,195,184)
datip[,3]<-c(3200,4300,4700)
datiq[,3]<-c(120,130,140)
datip[,4]<-c(3500,3800,4200)
datiq[,4]<-c(25,27,31)
M1<-1/datiq
Har<-3/apply(M1,2,sum)
datis<-rbind(Har,Har,Har)
M2<-datip * datis
Numtip<-apply(M2,1,sum)
Otmh<-Numtip*100/Numtip[2]
print(Otmh)
###############
Geo<-(apply(datiq,2,prod))^(1/3)
datis<-rbind(Geo,Geo,Geo)
M2<-datip * datis
Numtip<-apply(M2,1,sum)
Otmg<-Numtip*100/Numtip[2]
print(Otmg)
index<-cbind(Otmh,Otmg)
rownames(index)<-c(1988,1989,1990)
colnames(index)<-c("Tipica:armonica","Tipica:geometrica")
print (index)
```

Scatterplot

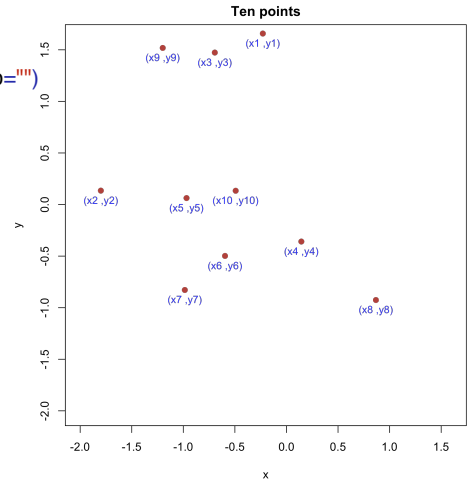
Consumo di sigarette pro-capite nel 1930 e morti di tumore al polmone nel 1950

```
country<-c("Australia" , "Canada",
"Danimarca" ,"Finlandia",
"Inghilterra" , "Islanda" , "Olanda" ,
"Norvegia", "Svezia", "Svizzera",
"EU" )
cigarette<-c(480,500,380,1100,
1100,230,490,250,300,510,1300)
deathrate<-c(180,150,170,350,
460,60,240,90,110,250,200)
plot(cigarette,deathrate,pch=19,
col="blue",xlim=c(100,1300))
text(cigarette,deathrate,label=countr
cex=0.9,pos=2)
```



Esempio

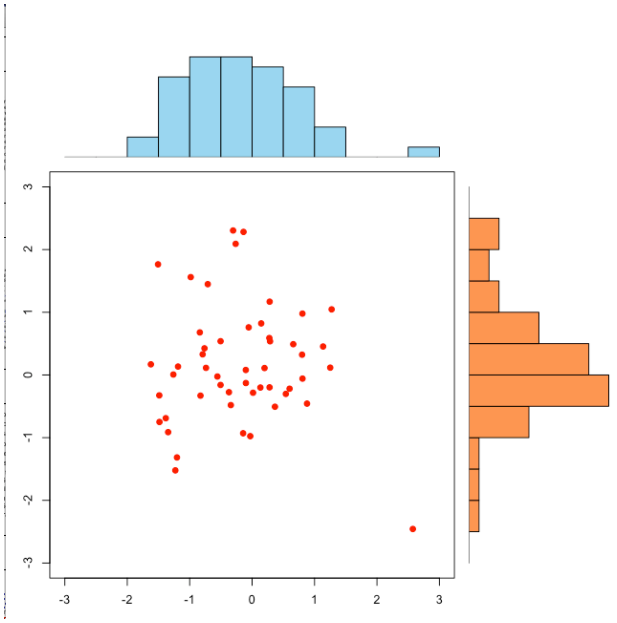
```
par(mfrow=c(1,1),mar=c(4,4,2,2))
set.seed(820731)
x <- rnorm(10)
y <- rnorm(10)
 l <- paste("(x",1:10," ,y",1:10,")", sep="")
plot(x,y,xlim=c(-2,1.6),ylim=c(-2,1.6),
pch=19,col="brown")
 text(x,y,l,pos=1,col="blue",cex=0.9)
title("Ten points")
```



Scatterplot con istogrammi a lato

```
set.seed(271828)
x <- pmin(3, pmax(-3, stats::rnorm(50)))
y <- pmin(3, pmax(-3, stats::rnorm(50)))
xhist <- hist(x, breaks=seq(-3,3,0.5), plot=FALSE)
yhist <- hist(y, breaks=seq(-3,3,0.5), plot=FALSE)
top <- max(c(xhist$counts, yhist$counts))
xrange <- c(-3,3);yrange <- c(-3,3)
nf <- layout(matrix(c(2,0,1,3),2,2,byrow=TRUE), c(3,1),
c(1,3), TRUE)
layout.show(nf)par(mar=c(3,3,1,1))
plot(x, y, xlim=xrange, ylim=yrange, xlab="",
ylab="",pch=19,col="red")
par(mar=c(0,3,1,1))barplot(xhist$counts, axes=FALSE,
ylim=c(0, top), space=0,col="skyblue")
par(mar=c(3,0,1,1))barplot(yhist$counts, axes=FALSE,
xlim=c(0, top), space=0, horiz=TRUE,col="sienna1")
par(def.par)#- reset to default
```

Notare l'impatto del valore anomalo



Esempio sulla regressione

Input the data from the cigarette example

```
cig<-c(480,500,380,1100,1100,230,490,250,300,510,1300)
 death<-c(180,150,170,350,460,60,240,90,110,250,200)
cor(cig,death)
```

will produce the correlation 0.737345

To estimate the parameters use the lm command ('linear model')

```
lm(death~cig )
```

The output is

```
Coefficients:
(Intercept)  cig
   67.5609      0.2284
```

summary(lm(death~cig)) gives a more detailed output

Aggiunta di informazioni

Adding titles. After obtaining the plot with

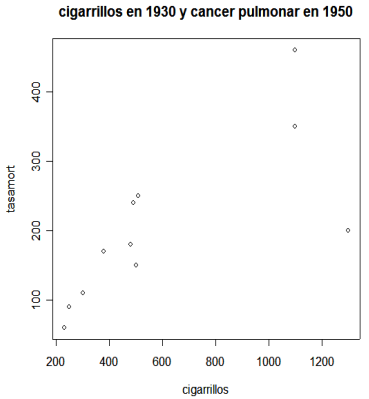
plot(cigarette,deathrate)

we write

title(main="cigarettes in 1930 and lung cancer in 1950")

b. In some plots, the title is included in the command itself.

hist(cigarette, main="percapita cigarette consumption in 1930")



Aggiunta di informazioni/2

After we have obtained the scatter plot we can use the command **abline** to add a line; we need to indicate the intercept and the slope of the line.

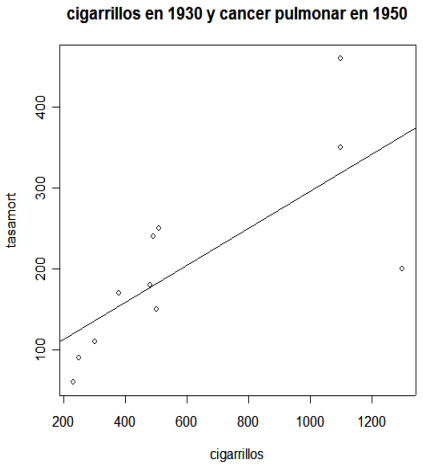
Example:

First to get the plot

```
plot(cigarette,deathrate)
```

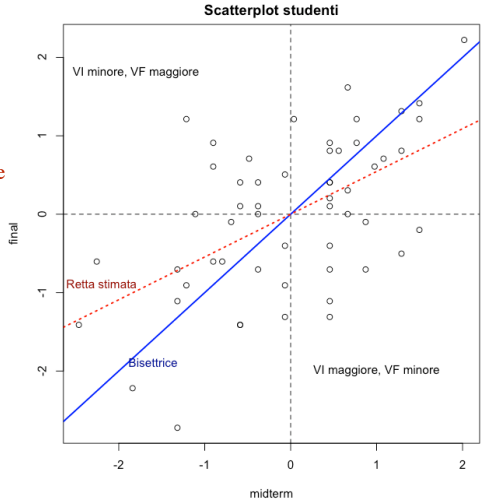
and then we write

```
abline(67.56 , 0.22844)
```



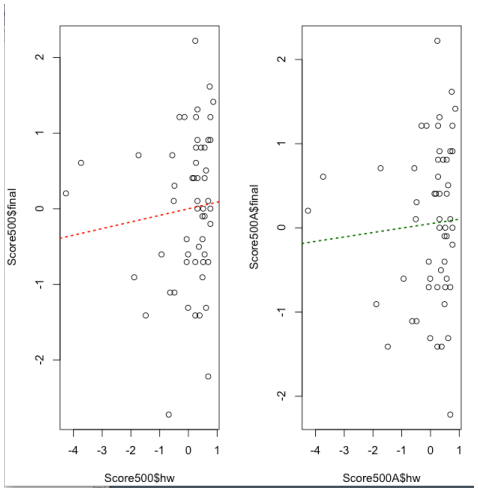
Regressione OLS

```
par(mfrow=c(1,1),mar=c(4,4,2,2))
library(faraway)
data(stat500)
Score500<-scale(stat500)
Score500<-data.frame(Score500)
names(Score500)
plot(final~midterm,Score500,main="Scatte
rplot studenti")
abline(h=0,lty=2);
abline(v=0,lty=2)
text(-1.8,1.8,"VI minore, VF maggiore")
text(1,-2,"VI maggiore, VF minore")
abline(0,1,col="blue",lwd=2)
text(-1.6,-1.9,"Bisettrice",col="navy")
Stim<-lm(final~midterm,Score500)
abline(Stim$coef,lty=3,lwd=2,col="red")
text(-2.2,-0.9,"Retta stimata",col="red4")
```



Regressione OLS/2

```
par(mfrow=c(1,2),mar=c(4,4,2,2))
cor(Score500)
plot(midterm,total)
#######################
par(mfrow=c(1,2),mar=c(4,4,2,2))
plot(Score500$hw,Score500$final)
Ols<-lm(final~hw,data=Score500)s
ummary(Ols)
abline(Ols
$coef,lty=3,lwd=2,col="red")Score500
A<-data.frame(Score500[-47,])
plot(Score500A$hw,Score500A$final)
OlsA<-lm(final~hw,data=Score500A)
summary(OlsA)
abline(OlsA
$coef,lty=3,lwd=2,col="darkgreen")
```

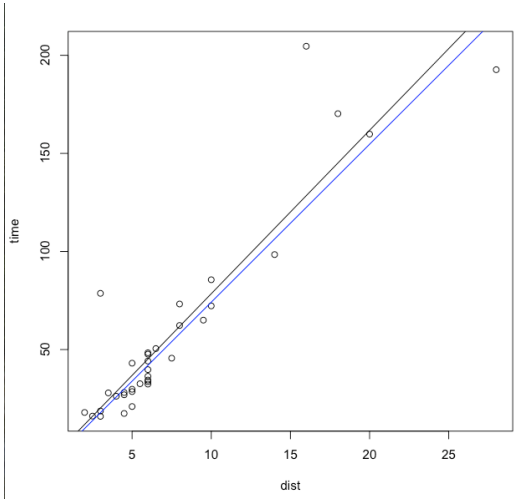



```
### ******** Lecture Code ********** ####

## Pickup data visualization
pickup <- read.csv("pickup.csv");names(pickup)

## R's summary function is pretty clever
summary(pickup)
# Histograms
par(mfrow=c(1,3)) # break the plot into 1x3 matrix (mfrow="multiframe row-wise")
hist(pickup$year, col=grey(.4), border=grey(.9))
hist(pickup$miles, col=grey(.4), border=grey(.9))
hist(pickup$price, col=grey(.4), border=grey(.9))
# Scatterplots
par(mfrow=c(1,2))
plot(price~year, col=make, data=pickup, pch=20)
plot(price~miles, col=make, data=pickup, pch=20)
legend("topright", fill=1:3, legend=levels(pickup$make), cex=.7)
# Boxplot
par(mfrow=c(1,1))
plot(log(price)~make, data=pickup, col=8)
#### Housing data: just price (in $100,000) vs size (in 1000 sq.ft.) ######
size <- c(.8,.9,1,1.1,1.4,1.4,1.5,1.6,1.8,2,2.4,2.5,2.7,3.2,3.5)
price <- c(70,83,74,93,89,58,85,114,95,100,138,111,124,161,172)
plot(size, price, pch=20)
print( n <- length(size) )

## Simple regression
reg <- lm(price ~ size)
b1 <- cor(price,size)*sd(price)/sd(size)
b0 <- mean(price) - mean(size)*b1
cbind(b0,b1)
```

```
# Labstat1. Esempi anche con regressione descrittiva
#### ******** Example 1: Rent Data ********* #####
rent <- read.csv("rent.csv")
par(mfrow=c(1,3))
boxplot(Rent ~ Bathrooms, data=rent)
boxplot(Rent ~ AC, data=rent)
boxplot(Rent ~ Parking, data=rent)
## Bathrooms looks like the most influential factor
plot(Rent ~ Rooms, data=rent, pch=20, col=as.factor(Bathrooms))
plot(Rent ~ YearBuilt, data=rent, pch=20, col=as.factor(Bathrooms))
plot(Rent ~ SqFt, data=rent, pch=20, col=as.factor(Bathrooms))
legend("topright", fill=1:3, legend=levels(as.factor(rent$Bathrooms)), title="Baths")
#
## Sq Ft looks the most influential, and it also correlates well with the # of bathrooms
par(mfrow=c(1,3))
boxplot(Rent, col=7, xlab="marginal", data=rent)
boxplot(Rent ~ Bathrooms, xlab="Bathrooms",main = "Rent Distribution", col=7, data=rent)
boxplot(Rent ~ Rooms, xlab="Rooms", col=7, data=rent)
# Looks like rent increases with the # of (bath)rooms
## There are some very high SqFt places which look like outliers
## removing these in R is very easy, but you could also just do it in excel
rent <- rent[rent$SqFt < 25]
## run the regression with 'lm'
reg <- lm(Rent ~ SqFt, data=rent)
summary(reg)
## Forecasting
yhat = reg$coef[1] + 14.8*reg$coef[2]
## clunky, but useful later with high-dimensional data
predict(reg, newdata=list(SqFt=14.8), se.fit=TRUE, interval="prediction")
```

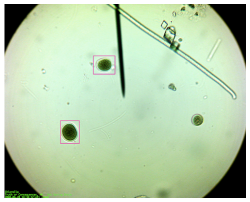
Regressione OLS e regressione robusta

```
library(MASS)
data(hills)
attach(hills)
plot(dist,time)
hillslm1<- lm(time~dist)
summary(hillslm1)
lines(abline(hillslm1))
hillslm2<- rlm(time~dist)
summary(hillslm2)
lines(abline(hillslm2,col="blue"))
```



Esempio_2: regressione lineare semplice

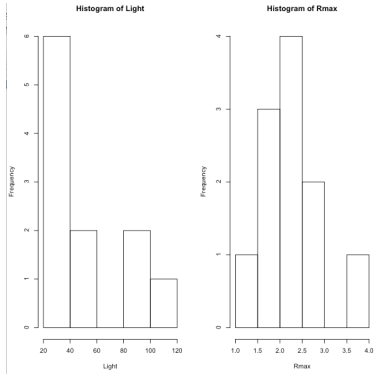
Dati sul saggio massimo di accrescimento (Rmax) di una alga *Chlorella vulgaris* in relazione alla intensità della luce (Light) misurata in µE per m^2 al secondo



```
Light<-c(20,20,20,20,21,24,44,60,90,94,101)
Rmax<-
c(1.73,1.65,2.02,1.89,2.61,1.36,2.37,2.08,2.69,2.32,3.67)
```

Primo passo di ogni indagine è l'analisi grafica. In Rmax c'è un interessante moda

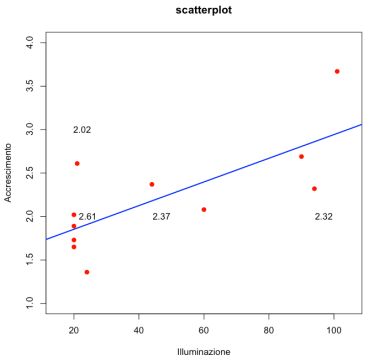
```
par(mfrow=c(1,2),cex=0.7)

# cex è un fattore di espansione/
riduzione rispetto allo standard
(minore di 1, rimpicciolisce)

hist(Light);hist(Rmax)
```



Esempio_2: continua

```
fit<-lm(Rmax~Light);summary(fit)
summary(fit)
```

lm è l'istruzione che esegue la regressione (linear model). A sinistra la dipendente, una tilde di separazione, e poi il o i regressori. Infine, c'è il sommario. L'esito del calcolo è tutto nell'oggetto fit

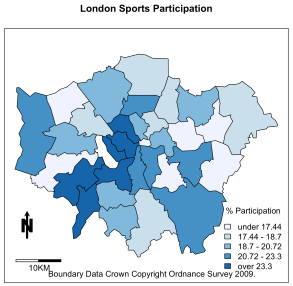



```
Call:
lm(formula = Rmax ~ Light)

Residuals:
    Min      1Q  Median      3Q     Max
-0.5478 -0.2607 -0.1166  0.1783  0.7431

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) 1.580952   0.244519   6.466 0.000116 ***
Light       0.013618   0.004317   3.154 0.011654 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.4583 on 9 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.5251, Adjusted R-squared: 0.4723
F-statistic: 9.951 on 1 and 9 DF,  p-value: 0.01165
```

Cartografia Tematica: coroplete

```
library(maptools); library(lattice);library(sp);library(RColorBrewer)
Italy<- readShapePoly("prov2001_s") # Questo è il file di tipo .shp da reperire
Dat<-read.dbf("Proclus1.dbf") # Questo è il file dei dati aggiuntivi da graficare
j<-rank(Italy$PROVINCIA) # Abbinamento dei dati poligonali
Italy$CLUSTER<-as.factor(Dat$CLUSTER[j]) # e di osservazione
# Vari tipi di campitura e colorazione
Leg<-c(0.95,0.80,0.65,0.50,0.35,0.00);Colory<-gray(Leg)
#Colory<-brewer.pal(6,"Purples")
#Colory<-c("salmon1", "salmon3", "sienna3","red3", "brown", "black")
# Imposta la legenda
levels(Italy$CLUSTER)<-list("Fragile provinces"="1", "Provinces at risk"="2",
”Robust provinces"="3","Core provinces"="4","Smart provinces"="5","Metropolitn
areas"="6")
P<-
spplot(Italy,"CLUSTER",col.regions=Colory,main="",key.color=TRUE,col="gray40"
,par.settings = list(axis.line = list(col = "transparent")))
names(P$legend) <- "inside"
P$legend$inside$x <- 0.65
P$legend$inside$y <- 0.8
plot(P)
```

Cartografia tematica/2




```
sport<- readShapePoly("london_sport.shp")
names(sport)
colours<- brewer.pal(5, "Blues")
brks<-c(10, 15, 20, 25)
brks<-classIntervals(sport$Partic_Per,
n=5,style="quantile") plot(brks,pal=colours)
summary(brks)
brks<- brks$brks
plot(sport, col=colours[findInterval(sport$Partic_Per,
 brks)], axes=F, asp=T) SpatialPolygonsRescale(layout.north.arrow(1),
offset= c(505100,160000), scale = 6000, plot.grid=F)
SpatialPolygonsRescale(layout.scale.bar(), offset= c(503800,154800),
scale= 10000, fill= c("transparent", "black"), plot.grid= F)
legend(x=548500, y=164800, legend=leglabs(brks), fill=colours, bty="n")
box()
title(paste ("London Sports Participation")) text(509000, 153500, "10KM",
cex= 1)
text(534000,152000, "Boundary Data Crown Copyright Ordnance Survey
2009.", cex= 1)
text(556500, 166000, "% Participation", cex= 1)
```