

04-gRafici

Ottavia M. Epifania, Ph.D

Lezione di Dottorato @Università Cattolica del Sacro Cuore (MI)

8-9 Giugno 2023

Table of contents

- ① Grafici tradizionali
- ② `ggplot2`
- ③ Esportare i grafici
- ④ Lavora con i dati
- ⑤ Esporta i dati

- Grafici base
- Grid graphics & ggplot2

Entrambi:

- High level functions → le funzioni che producono effettivamente il grafico
- Low level functions → Le funzioni che lo rendono più “bello”

Table of Contents

① Grafici tradizionali

② `ggplot2`

③ Esportare i grafici

④ Lavora con i dati

⑤ Esporta i dati

High level functions

```
plot()           # scatter plot, specialized plot methods
boxplot()
hist()           # histogram
qqnorm()         # quantile-quantile plot
barplot()
pie()            # pie chart
pairs()          # scatter plot matrix
persp()          # 3d plot
contour()        # contour plot
coplot()         # conditional plot
interaction.plot()
```

demo(graphics) vi fornisce un tour guidato dei grafici

Low level functions

```
points() # Aggiunge punti al grafico
lines()  # Aggiunge linee al grafico
rect()
polygon()
abline() # aggiunge una riga con intercetta a e pendenza b
arrows() # aggiunge barre d'errore
text()   # aggiunge testo nel plot
mtext()  # aggiunge testo nei margini
axis()   # personalizza gli assi
box()    # box attorno al grafico
legend() # cambia parametri della legenda
```

Plot layout

Ogni plot è composto da due regioni:

- Plotting region (dove effettivamente sta il plot)
- La regione dei margini (contiene i margini e le varie etichette degli assi)

Plot layout

Ogni plot è composto da due regioni:

- Plotting region (dove effettivamente sta il plot)
- La regione dei margini (contiene i margini e le varie etichette degli assi)

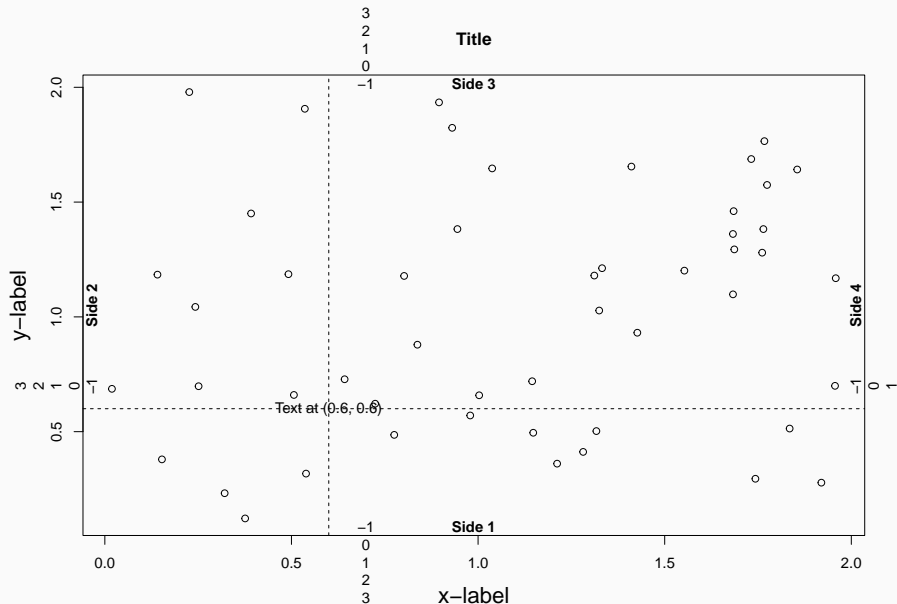
Uno scatter plot:

```
x <- runif(50, 0, 2) # 50 numeri random
y <- runif(50, 0, 2) # da una distr. uniforme
plot(x, y, main="Titolo",
      sub="Sottotitolo", xlab="x-label",
      ylab="y-label") # ecco il plot
```

Aggiunge del testo al plot

```
text(0.6, 0.6, "Testo @ (0.6, 0.6)")
abline(h=.6, v=.6, lty=2) # horizont. and vertic.
                           # lines
```


Margins region



Modificare il layout dei plot

Per ottenere 4 pannelli:

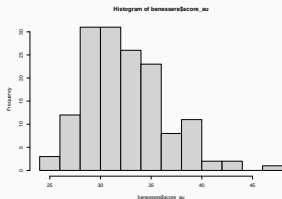
```
par(mfrow=c(2,2)) # i pannelli vengono riempiti in riga  
par(mfcol=c(2,2)) # i pannelli vengono riempiti in colonna
```

hist()

Produce un istogramma:

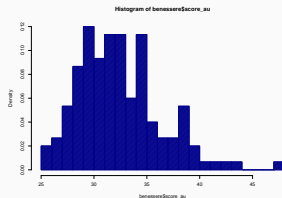
Frequenze:

```
hist(benessere$score_au)
```



Densità

```
hist(benessere$score_au,  
      density=50, breaks=20,  
      prob=TRUE, col = "darkblue")
```



Multi plot (in riga)

```
par(mfrow=c(2,2))
```

```
hist(benessere$score_au,density=50, breaks=20, prob=TRUE)
curve(dnorm(x, mean=mean(benessere$score_au),
                sd=sd(benessere$score_au)),
      col="darkblue", lwd=2, add=TRUE, yaxt="n")
```

```
hist(benessere$score_au,density=50, breaks=20, prob=TRUE)
curve(dnorm(x, mean=mean(benessere$score_au),
                sd=sd(benessere$score_au)),
      col="darkblue", lwd=2, add=TRUE, yaxt="n")
```

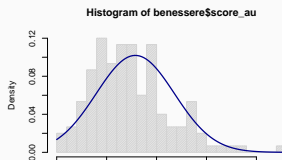
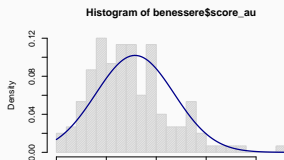


Table of Contents

① Grafici tradizionali

② ggplot2

③ Esportare i grafici

④ Lavora con i dati

⑤ Esporta i dati

Table of Contents

① Grafici tradizionali

② ggplot2

③ Esportare i grafici

④ Lavora con i dati

⑤ Esporta i dati

Esportare i grafici

```
postscript() # vector graphics
pdf()

png()        # bitmap graphics
tiff()
jpeg()
bmp()
```

Remember to run off the graphic device once you've saved the graph:

```
dev.off()
```

(You can do it also manually)

.CSV

comma separated value → i separatori di colonna sono le virgole “,”

Nonostante siano comma separated value nei computer in italiano sono “;”, cosa che ovviamente genera non poca confusione

Il comando di base per leggere i .csv:

```
read.csv(file, header = TRUE, sep = ",", quote = "\"",  
         dec = ".", ...)
```

file: Il nome del file (se serve anche la sua directory)

header = TRUE: La prima riga contiene i nomi delle variabili

sep = ",": I separatori delle colonne sono le virgole

dec = ".": Il separatore dei decimali

.csv in Italia

Due opzioni:

- ① usare la funzione `read.csv = sep()` settando `sep = ";"` e `dec=","`
- ② usare la funzione `read.csv2()` → cambiano i default per cui `sep = ";"` e `dec = ","`

read.csv() in pratica

Come si chiama il file?

```
dir("data") # elenca tutti gli oggetti che sono all'interno
```

```
[1] "babies.tab" "benessere.csv" "benessereScores.csv"
[4] "CioccoRazzaBuilt.dat" "database_benessere.xls"
"datiBenessere.xlsx"
[7] "score.tab"
```

Voglio importare il data set benessere.csv e assegnarlo all'oggetto data:

```
data = read.csv("data/benessere.csv",
                header = TRUE,
                sep = ",", dec = ".")
```

Ha funzionato?

Si!

```
head(data)
```

	benessere	stipendio	genere
1	5	1461.0983	m
2	7	1132.3637	f
3	7	1675.9004	m
4	2	328.9587	f
5	6	1370.0146	m
6	5	954.3540	f

Ha funzionato?

No

```
head(data.2)
```

```
  benessere.stipendio.genere
```

```
1      5,1461.09828023079,m
2      7,1132.36368361099,f
3      7,1675.90040479853,m
4      2,328.958701913838,f
5      6,1370.01460952768,m
6      5,954.354030915469,f
```

.tab o .dat

Il comando di base per leggere i .tab o .dat:

```
read.table(file, header = FALSE, sep = "", quote = "\"'",  
           dec = ".", ...) )
```

file: Il nome del file (se serve anche la sua directory)

header = FALSE: La prima riga contiene i nomi delle variabili (letto di default)

sep = "": I separatori delle colonne sono inferiti dal file

dec = ".": Il separatore dei decimali

read.table() in pratica I

```
tab_data = read.table("data/babies.tab")  
head(tab_data)
```

	id	genere	peso	altezza
1	baby1	f	7.424646	62.07722
2	baby2	m	7.442727	58.18877
3	baby3	f	9.512598	84.52737
4	baby4	f	11.306349	85.13573
5	baby5	m	9.345165	75.23783
6	baby6	m	5.411290	46.80163

read.table() in pratica II

```
dat_data = read.table("data/CioccoRazzaBuilt.dat",  
                      header = TRUE, sep = "\t")  
head(dat_data)
```

```
date time build subject blocknum blockcode trialnum  
1 121318 09:55 3.0.6.0 1 1 consenso 1  
2 121318 09:55 3.0.6.0 1 2 fame 1  
3 121318 09:55 3.0.6.0 1 6 BuiltLatteFondente2nd 1  
4 121318 09:55 3.0.6.0 1 6 BuiltLatteFondente2nd 2  
5 121318 09:55 3.0.6.0 1 6 BuiltLatteFondente2nd 4  
6 121318 09:55 3.0.6.0 1 6 BuiltLatteFondente2nd 6  
trialcode  
1 consenso  
2 fame  
3 reminder  
4 Builtlatterright  
5 Builtfondenteleft  
6 Builtfondenteleft  
response correct
```

File excel

Servono aiuti esterni (un pacchetto apposito):

`install.packages("readxl")` va digitato e fatto correre una volta nella console

```
library("readxl") # rende disponibile il pacchetto nell'ambiente
```

La funzione:

```
read_excel(path, sheet = NULL, range = NULL, col_names = TRUE,  
           col_types = NULL, ...)
```

`path`: Il nome del file (se serve anche la sua directory)

`sheet = NULL` dà la possibilità di specificare il foglio specifico del file excel

`range = NULL`: Il range specifico di celle da leggere (e.g., B0:B13)

`col_names = TRUE`: La prima riga contiene i nomi delle variabili

read_excel() in pratica

```
benessere = read_excel("data/datiBenessere.xlsx")  
head(benessere)
```

```
# A tibble: 6 x 19  
ID età genere frat item1 item2 item3 item4 item5 au1 au2  
au3 au4  
<dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>  
<dbl> <dbl> <dbl>  
1 1 16 1 0 1 2 4 3 4 5 4 5 2  
2 2 21 1 1 2 2 3 4 3 5 4 5 2  
3 3 28 2 4 2 3 5 1 2 4 4 4 4  
4 4 15 2 2 3 4 2 2 2 4 5 5 3  
5 5 23 1 3 4 5 1 5 2 3 2 3 2  
6 6 31 1 2 2 3 2 1 2 5 1 5 1  
# i 6 more variables: au5 <dbl>, au6 <dbl>, au7 <dbl>, au8  
<dbl>, au9 <dbl>,  
# au10 <dbl>
```

Grafici tradizionali
oooooooo

ggplot2
o

Esportare i grafici
oooooooooooo●

Lavora con i dati
oooooooooooooooooooo

Esporta i dati
oooo

File .sav

Aiuti esterni:

```
install.packages("foreign") oppure  
install.packages(foreign)
```

Table of Contents

- ① Grafici tradizionali
- ② ggplot2
- ③ Esportare i grafici
- ④ Lavora con i dati
- ⑤ Esporta i dati

Disclaimer

Presento solo le opzioni disponibili con base-R.

Si ottengono le stesse cose che si otterrebbero con tidyverse

La logica di tidyverse è un po' diversa, ma si ottiene lo stesso risultato con più codice

Sorting (Riordinare)

```
babies
```

```
      id genere      peso  altezza
1  baby1      m  9.858097 68.83238
2  baby2      f  8.128073 72.30143
3  baby3      f 11.347780 74.75981
....
```

```
order():
```

Ordine crescente

```
babies[order(babies$peso), ]
```

```
      id genere      peso  altezza
5  baby5      m  5.547482 50.95574
10 baby10      f  6.899776 71.39348
2  baby2      f  8.128073 72.30143
....
```

```
babies[order(babies$peso,
              decreasing = TRUE), ]
```

```
      id genere      peso  altezza
7  baby7      m 15.253421 89.57014
4  baby4      f 15.246266 87.40951
3  baby3      f 11.347780 74.75981
....
```

Si può ordinare anche considerando più variabili:





```
babies[order(babies$peso, babies$altezza,  
             decreasing = TRUE), ]
```

	id	genere	peso	altezza
7	baby7	m	15.253421	89.57014
4	baby4	f	15.246266	87.40951
3	baby3	f	11.347780	74.75981
6	baby6	m	10.005233	70.75147
1	baby1	m	9.858097	68.83238
9	baby9	m	8.767017	65.63333
8	baby8	f	8.638523	83.48096
2	baby2	f	8.128073	72.30143
10	baby10	f	6.899776	71.39348
5	baby5	m	5.547482	50.95574

Wide format

Siamo abituati ad avere i dati in formato wide, ovvero matrici $p \times v$ dove $p = 1, \dots, P$ partecipanti e $v = 1, \dots, V$ variabili

Il numero di righe è uguale a P (numero dei partecipanti) e il numero di colonne è uguale a V (numero di variabili):

Respondent	Condition A		Condition B	
	RT 	Accuracy 	RT 	Accuracy 
$p1$	520	1	420	0
$p2$	320	0	620	0
$p3$	720	1	520	1







Long format

I dati organizzati in long format stanno prendendo sempre più piede

I software per la somministrazione di esperimenti (e.g., Inquisit, e-prime, PsychopPy) forniscono i risultati in long format

In riga si trovano le singole osservazioni. Ogni partecipante ha tante righe quante sono le osservazioni (i.e., i trial o le domande a cui ha risposto)

Il numero totale di righe è il prodotto tra P e il numero di trial di cui è composto l'esperimento

Respondent	Condition	Stimulus	RT	Accuracy
$p1$	A		520	1
$p1$	B		420	0
$p2$	A		320	0
$p2$	B		620	0
$p3$	A		720	1
$p3$	B		520	1

Long to wide

Da qui (long format)

```
Indometh # Long format
```

```
      Subject time conc
1          1 0.25 1.50
2          1 0.50 0.94
3          1 0.75 0.78
4          1 1.00 0.48
5          1 1.25 0.37
6          1 2.00 0.19
....
```

A qui (wide format):

```
      Subject conc.0.25 conc.0.5 conc.0.75 conc.1 conc.1.25 conc.2 conc.3 conc.4
1          1      1.50      0.94      0.78  0.48      0.37  0.19  0.12  0.08
12         2      2.03      1.63      0.71  0.70      0.64  0.36  0.32  0.19
23         3      2.72      1.49      1.16  0.80      0.80  0.39  0.22  0.13
34         4      1.85      1.39      1.02  0.89      0.59  0.40  0.16  0.08
45         5      2.05      1.04      0.81  0.39      0.30  0.23  0.13  0.05
```

reshape()

Per girare il dataset si utilizza la funzione reshape

Sempre meglio sapere come sono fatti i dati per evitare sorprese:

```
levels(Indometh$Subject) # quanti soggetti ho?
```

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

```
table(Indometh$Subject) # quante osservazioni ho per soggetto?
```

```
 1  4  2  5  6  3  
11 11 11 11 11 11
```

```
nrow(Indometh) # quante righe ha il mio dataset?
```

```
[1] 66
```

Ci aspettiamo un dataframe a 6 righe e con 11 colonne + la colonna con gli id dei soggetti:

```
# From long to wide
df.w <- reshape(Indometh, v.names = "conc", timevar = "time",
  idvar = "Subject", direction = "wide")
```

Le aspettative sono rispettate?

```
nrow(df.w) == length(levels(Indometh$Subject)) # ho sei righe?
```

```
[1] TRUE
```

```
sum(grepl("conc", colnames(df.w))) # ho 11 colonne per le 11 variabili?
```

```
[1] 11
```

Facendo prima...

	Subject	conc.0.25	conc.0.5	conc.0.75	conc.1	conc.1.25	conc.2	conc.3	conc.4
1	1	1.50	0.94	0.78	0.48	0.37	0.19	0.12	0.08
12	2	2.03	1.63	0.71	0.70	0.64	0.36	0.32	0.18
23	3	2.72	1.49	1.16	0.80	0.80	0.39	0.22	0.15
34	4	1.85	1.39	1.02	0.89	0.59	0.40	0.16	0.10
45	5	2.05	1.04	0.81	0.39	0.30	0.23	0.13	0.08
56	6	2.31	1.44	1.03	0.84	0.64	0.42	0.24	0.15

conc.5 conc.6 conc.8
....

Wide to long

```
# From wide to long
df.l <- reshape(df.w, varying = list(2:12), v.names = "conc",
  idvar = "Subject", times = names(df.w)[-1], direction = "long")
```

	Subject	time	conc
1.conc.0.25	1	conc.0.25	1.50
2.conc.0.25	2	conc.0.25	2.03
3.conc.0.25	3	conc.0.25	2.72
....			

Unire dataset

Se i dataset hanno lo stesso numero di colonne **con lo stesso nome**

```
all_data = rbind(data, data1, data2, ...)
```

Se i dataset hanno lo stesso numero di righe:

```
all_data = cbind(data, data1, data2, ...)
```

Se i dataset hanno numeri diversi di righe e/o colonne, ma hanno almeno una caratteristica in comune (e.g., id) → `merge()`

```
all_data = merge(data1, data2,  
                  by = "ID")
```

All'argomento `by` si può passare anche un vettore di character che indica secondo quale variabile vogliamo che vengano uniti i dataset

merge(): Un esempio

```
babies
```

```
      id genere      peso  altezza
1  baby1      m  9.858097  68.83238
2  baby2      f  8.128073  72.30143
3  baby3      f 11.347780  74.75981
....
```


merge(): Un esempio

babies

	id	genere	peso	altezza
1	baby1	m	9.858097	68.83238
2	baby2	f	8.128073	72.30143
3	baby3	f	11.347780	74.75981
....				

baby_detail

	id	termine	apgar	genere
1	baby1	yes	8	m
2	baby2	yes	8	f
3	baby3	yes	9	f
....				

```
merge(babies, baby_detail)
```

	id	genere	peso	altezza	termine	apgar
1	baby1	m	9.858097	68.83238	yes	8
2	baby10	f	6.899776	71.39348	no	3
3	baby2	f	8.128073	72.30143	yes	8
4	baby3	f	11.347780	74.75981	yes	9
5	baby4	f	15.246266	87.40951	yes	6
6	baby5	m	5.547482	50.95574	yes	8
7	baby6	m	10.005233	70.75147	yes	5
8	baby7	m	15.253421	89.57014	yes	3
9	baby8	f	8.638523	83.48096	no	6
10	baby9	m	8.767017	65.63333	no	4

Attenzione! Dataset con id diversi

	id	termine	apgar	genere
1	baby1	yes	8	m
2	baby2	yes	8	f
3	baby3	yes	9	f
4	baby4	yes	6	f
5	baby11	yes	8	m
6	baby12	yes	5	m
7	baby13	yes	3	m
8	baby14	no	6	f
9	baby15	no	4	m
10	baby16	no	3	f

Attenzione! Dataset con id diversi

	id	termine	apgar	genere
1	baby1	yes	8	m
2	baby2	yes	8	f
3	baby3	yes	9	f
4	baby4	yes	6	f
5	baby11	yes	8	m
6	baby12	yes	5	m
7	baby13	yes	3	m
8	baby14	no	6	f
9	baby15	no	4	m
10	baby16	no	3	f

```
merge(babies, new_baby)
```

	id	genere	peso	altezza	termine	apgar
1	baby1	m	9.858097	68.83238	yes	8
2	baby2	f	8.128073	72.30143	yes	8
3	baby3	f	11.347780	74.75981	yes	9
4	baby4	f	15.246266	87.40951	yes	6

Oppure

```
merge(babies, new_baby,  
      all = T)
```

	id	genere	peso	altezza	termine	apgar
1	baby1	m	9.858097	68.83238	yes	8
2	baby10	f	6.899776	71.39348	<NA>	NA
3	baby11	m	NA	NA	yes	8
4	baby12	m	NA	NA	yes	5
5	baby13	m	NA	NA	yes	3
6	baby14	f	NA	NA	no	6
7	baby15	m	NA	NA	no	4
8	baby16	f	NA	NA	no	3
9	baby2	f	8.128073	72.30143	yes	8
10	baby3	f	11.347780	74.75981	yes	9
11	baby4	f	15.246266	87.40951	yes	6
12	baby5	m	5.547482	50.95574	<NA>	NA
13	baby6	m	10.005233	70.75147	<NA>	NA
14	baby7	m	15.253421	89.57014	<NA>	NA
15	baby8	f	8.638523	83.48096	<NA>	NA
16	baby9	m	8.767017	65.63333	<NA>	NA

Table of Contents

① Grafici tradizionali

② ggplot2

③ Esportare i grafici

④ Lavora con i dati

⑤ Esporta i dati

File (csv) o text:

```
write.table(data, # il dataframe
            file = "mydata.txt", # il nome che si vuol dare +
            header = TRUE,
            sep = "\t",
            ....)
```

L'ambiente di R:

```
save(dat, file = "exp1_data.rda") # salva un oggetto specifico
save(file = "the_earth.rda")      # save the environment
load("the_earth.rda")             # re-importa l'environment
```

Aggregating

Aggrega una variabile “dipendente” a seconda di una serie di variabili dipendenti e vi applica una funzione

Aggregate a response variable according to grouping variable(s) (e.g., averaging per experimental conditions):

```
# Una variabile dipendente (y) e pi single grouping variable  
aggregate(y ~ x, data = data, FUN, ...)
```

```
# Multiple response variables, multiple grouping variables  
aggregate(cbind(y1, y2) ~ x1 + x2, data = data, FUN, ...)
```

Aggregating: Example

ToothGrowth # Vitamin C and tooth growth (Guinea Pigs)

```
      len supp dose
1    4.2   VC  0.5
2   11.5   VC  0.5
3    7.3   VC  0.5
....
```

```
aggregate(len ~ supp + dose, data = ToothGrowth, mean)
```

```
      supp dose    len
1      OJ  0.5  13.23
2      VC  0.5   7.98
3      OJ  1.0  22.70
4      VC  1.0  16.77
5      OJ  2.0  26.06
6      VC  2.0  26.14
```