

# STATISTICA E ANALISI DEI DATI

Strutture Dati

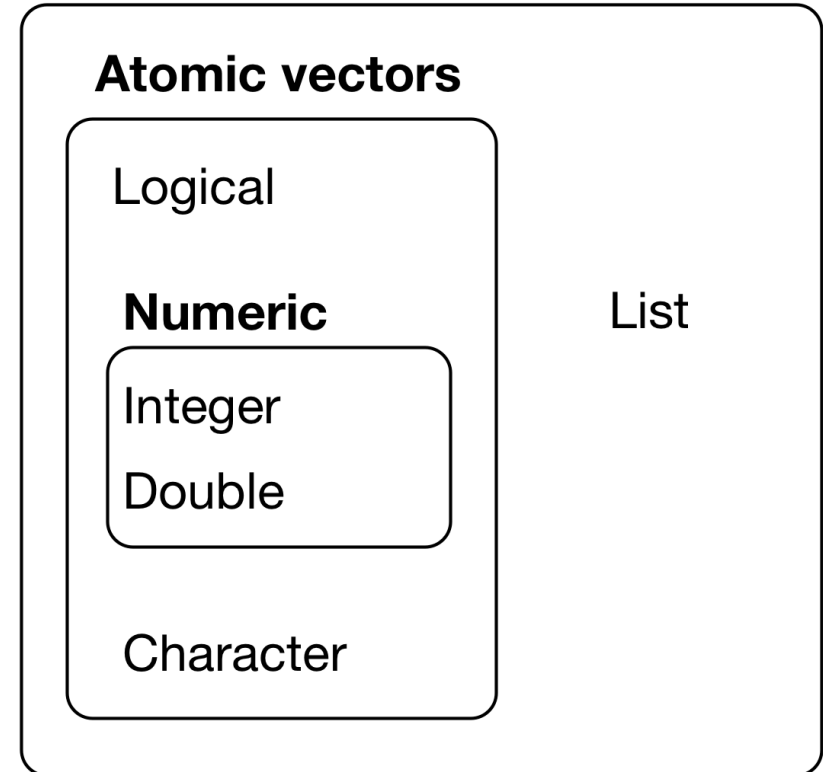
—•—  
Dott. Stefano Cirillo  
Dott. Luigi Di Biasi

a.a. 2025-2026

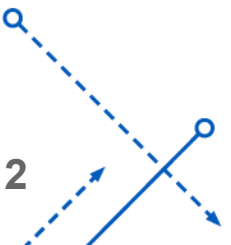
# VETTORI

- Ci sono due tipi di vettori:
  1. Vettori **Atomic**
    - I vettori interi e double sono conosciuti collettivamente come vettori **numerici**
  2. **Liste**, che a volte sono chiamate vettori ricorsivi perché le liste possono contenere altre liste
- La differenza principale tra vettori atomici e liste è che i vettori atomici sono **omogenei**, mentre le liste possono essere **eterogenee**

## Vectors



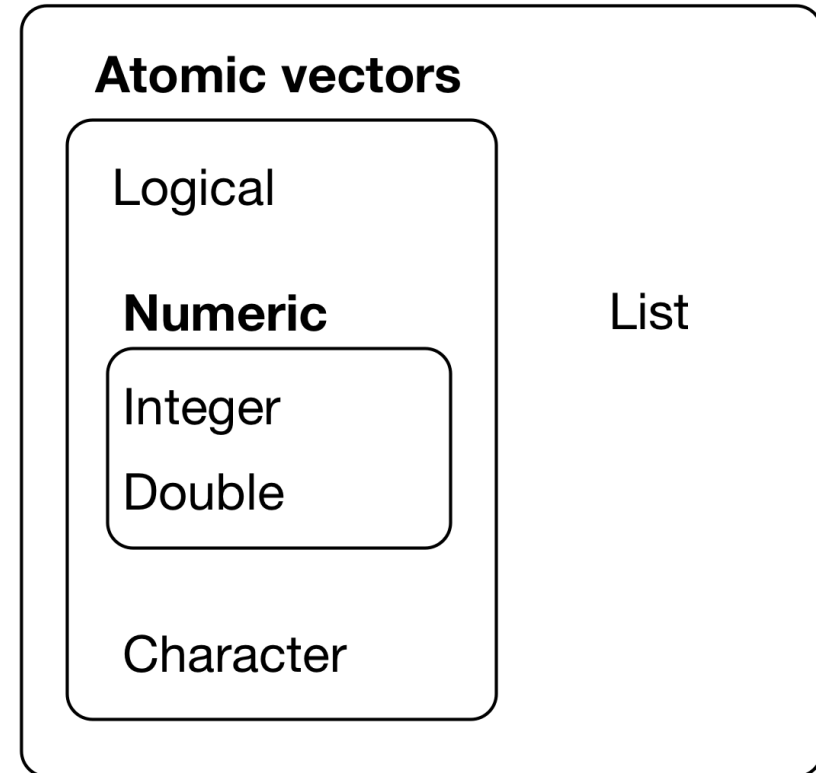
NULL



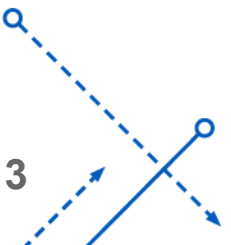
# VETTORI ATOMICI

- Il termine **atomico** significa che **ogni elemento del vettore è un singolo “atomo” indivisibile** di quel tipo:
  - un numero
  - una stringa
  - un valore logico
- Quindi:
  - un **vettore atomico** = sequenza di atomi dello stesso tipo
  - ogni elemento non può contenere altre strutture complesse

## Vectors



NULL



# VETTORI ATOMICI

- Vettori **atomic**, di cui esistono sei tipi: **logical**, **integer**, **double**, **character**, **complex** e **raw**

Tipo (class)	Descrizione	Esempio
<b>logical</b>	Valori logici TRUE / FALSE	<code>c(TRUE, FALSE, TRUE)</code>
<b>integer</b>	Numeri interi (si usa il suffisso <code>L</code> per crearli esplicitamente)	<code>c(1L, 2L, 3L)</code>
<b>double</b> o <b>numeric</b>	Numeri reali / decimali	<code>c(1.5, 2.7, 3.0)</code>
<b>character</b>	Stringhe di testo	<code>c("a", "b", "c")</code>
<b>complex</b>	Numeri complessi	<code>c(1+2i, 3-4i)</code>
<b>raw</b>	Dati grezzi in byte	<code>as.raw(c(0, 255))</code>



```
> as.raw(c(0, 255))  
[1] 00 ff
```

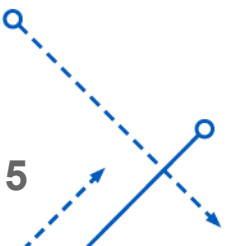
# NULL VALUES

- Ogni tipo di vettore atomico ha il suo valore mancante:

Tipo vettore atomico	Valore mancante associato	Esempio
<b>logical</b>	NA (logico)	<code>c(TRUE, NA, FALSE)</code>
<b>integer</b>	<code>NA_integer_</code>	<code>c(1L, 2L, NA_integer_)</code>
<b>double/numeric</b>	<code>NA_real_</code>	<code>c(1.5, NA_real_, 3.2)</code>
<b>character</b>	<code>NA_character_</code>	<code>c("a", NA_character_, "c")</code>
<b>complex</b>	<code>NA_complex_</code>	<code>c(1+2i, NA_complex_, 3+4i)</code>
<b>raw</b>	non esiste un <code>NA_raw_</code> (raw non ha NA)	–

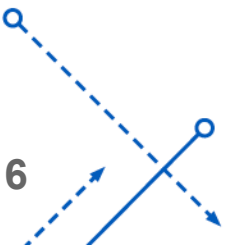
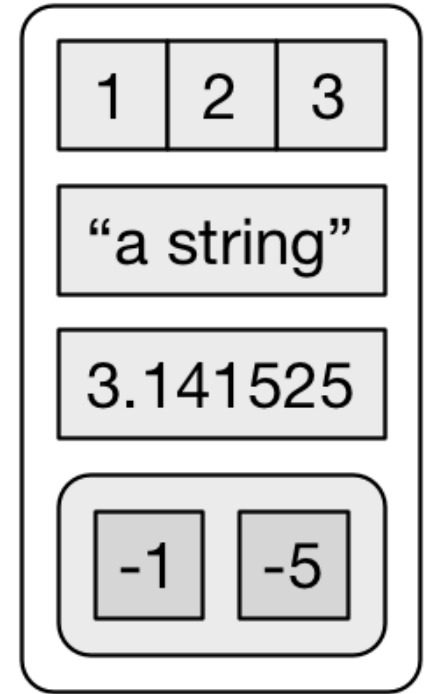
```
> NA                # logical
[1] NA
> NA_integer_       # integer
[1] NA
```

```
> NA_real_          # double
[1] NA
> NA_character_     # character
[1] NA
```



# LISTE

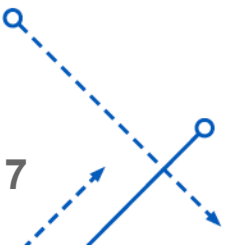
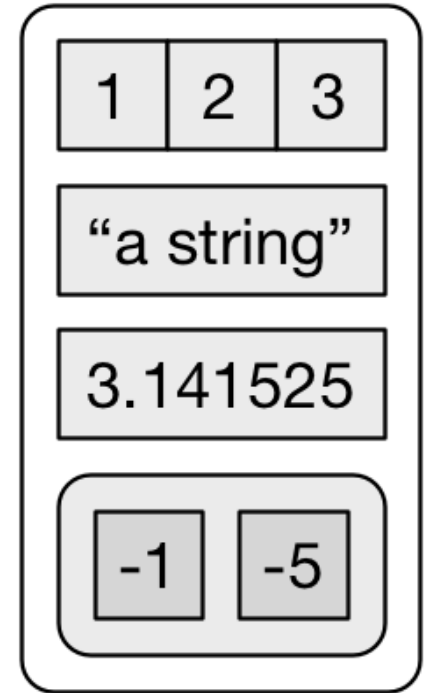
- Una lista è una struttura dati in R che può contenere **elementi eterogenei**, ossia dati di diversi tipi (numeri, stringhe, vettori, liste, matrici, ecc.)
  - A differenza di vettori e array, gli elementi di una lista non devono essere dello stesso tipo o dimensione



# LISTE

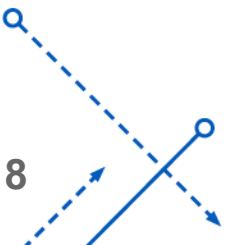
- Una lista è una struttura dati in R che può contenere **elementi eterogenei**, ossia dati di diversi tipi (numeri, stringhe, vettori, liste, matrici, ecc.)
  - A differenza di vettori e array, gli elementi di una lista non devono essere dello stesso tipo o dimensione

Caratteristica	Lista	Vettore	Array
Tipologia di dati	Può contenere dati di <b>diversi tipi</b>	Dati di un <b>solo tipo</b>	Dati di un <b>solo tipo</b>
Dimensione	Può avere elementi di <b>dimensioni diverse</b>	Tutti gli elementi hanno la <b>stessa dimensione</b>	Tutti gli elementi hanno la <b>stessa dimensione</b>
Struttura	<b>Struttura flessibile</b>	Struttura <b>monodimensionale</b>	Struttura <b>multidimensionale</b>



# LISTE

- A differenza dei vettori, degli array e delle matrici, in R una lista è un oggetto che consiste in una raccolta di altri oggetti, che possono **essere anche differenti tra loro**, detti componenti della lista.
  - Ad esempio, i risultati creati dalla funzione **eigen()** si presentano come una lista costituita da un oggetto (primo componente) di tipo vettore, che contiene gli **autovalori**, e un oggetto (secondo componente) di tipo matrice, che contiene i corrispondenti **autovettori**





# LISTE

- A differenza dei vettori, degli array e delle matrici, in R una lista è un oggetto che consiste in una raccolta di altri oggetti, che possono **essere anche differenti tra loro**, detti componenti della lista.
  - Ad esempio, i risultati creati dalla funzione **eigen()** si presentano come una lista costituita da un oggetto (primo componente) di tipo vettore, che contiene gli **autovalori**, e un oggetto (secondo componente) di tipo matrice, che contiene i corrispondenti **autovettori**

- Esempio:
  - **Accesso per nome:** `mia_lista$numero`  
accede direttamente all'elemento con il nome numero.
  - **Accesso per indice:** `mia_lista[[2]]`  
accede al secondo elemento della lista, in questo caso la stringa "R è Forte"

```
# Creazione di una lista con elementi eterogenei
mia_lista <- list(
  numero = 42,
  stringa = "R è Forte",
  vettore = c(1, 2, 3),
  matrice = matrix(1:4, nrow = 2)
)

# Accesso agli elementi della lista
print(mia_lista$numero)      # Accesso tramite nome
print(mia_lista[[2]])        # Accesso tramite indice

[1] 42
[1] "R è Forte"
```

# MANIPOLAZIONE DI LISTE

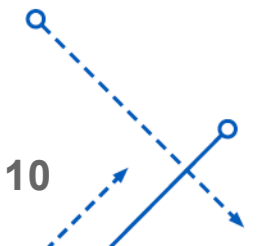
- Per **aggiungere** un elemento alla fine di una lista di  $n-1$  componenti basta utilizzare l'istruzione di assegnazione
- Ciò crea una lista di  $n+1$  componenti, con i componenti in posizione successiva a quello che inserito che vengono automaticamente spostati di una posizione

```
# Creare una lista  
mia_lista <- list(numero = 42, stringa = "R è potente")  
mia_lista
```

\$numero	42
\$stringa	'R è potente'

```
# Inserire un nuovo elemento  
mia_lista$nuovo_elemento <- c(1, 2, 3)  
mia_lista
```

\$numero	42
\$stringa	'R è potente'
\$nuovo_elemento	1 · 2 · 3



# MANIPOLAZIONE DI LISTE

- Per **aggiungere** un elemento alla fine di una lista di  $n-1$  componenti basta utilizzare l'istruzione di assegnazione
- Ciò crea una lista di  $n+1$  componenti, con i componenti in posizione successiva a quello che inserito che vengono automaticamente spostati di una posizione
- Per aggiungere un elemento in una posizione  $j$  di una lista con  $n$  componenti, basta utilizzare la funzione **append()** specificando:
  - La lista
  - L'elemento da aggiungere
  - La posizione  $j$

```
# Creare una lista  
mia_lista <- list(numero = 42, stringa = "R è potente")  
mia_lista
```

```
$numero          42  
$stringa         'R è potente'
```

```
# Inserire un nuovo elemento  
mia_lista$nuovo_elemento <- c(1, 2, 3)  
mia_lista
```

```
$numero          42  
$stringa         'R è potente'  
$nuovo_elemento  1 · 2 · 3
```

```
# Inserimento di un nuovo elemento "nuovo" in posizione 2  
mia_lista <- append(mia_lista, "nuovo Elemento", after = 1)  
  
# Visualizzazione della lista aggiornata  
mia_lista
```

```
$numero          42  
[[2]]            'nuovo Elemento'  
$stringa         'R è potente'  
$nuovo_elemento  1 · 2 · 3
```



# MANIPOLAZIONE DI LISTE

- Per **cancellare** il componente  $j$ -esimo di una lista basta invece utilizzare l'istruzione di assegnazione, passandogli l'oggetto **NULL**
- Ciò crea una lista di  $n-1$  componenti, con i componenti in posizione successiva a quello che inserito che vengono automaticamente spostati di una posizione indietro

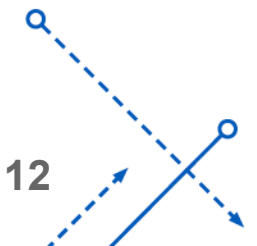
```
# Inserimento di un nuovo elemento "nuovo" in posizione 2
mia_lista <- append(mia_lista, "nuovo Elemento", after = 1)

# Visualizzazione della lista aggiornata
mia_lista
```

```
$numero          42
[[2]]             'nuovo Elemento'
$stringa          'R è potente'
$nuovo_elemento   1 · 2 · 3
```

```
# Cancellare un elemento
mia_lista$nuovo_elemento <- NULL
mia_lista
```

```
$numero          100
[[2]]             'nuovo Elemento'
$stringa          'R è potente'
```



# MANIPOLAZIONE DI LISTE

- Per **cancellare** il componente  $j$ -esimo di una lista basta invece utilizzare l'istruzione di assegnazione, passandogli l'oggetto **NULL**
- Ciò crea una lista di  $n-1$  componenti, con i componenti in posizione successiva a quello che inserito che vengono automaticamente spostati di una posizione indietro
- Per **cancellare** un elemento in una posizione  $j$  di una lista con  $n$  componenti, basta utilizzare lo **slicing** specificando:
  - La posizione  $j$

```
# Inserimento di un nuovo elemento "nuovo" in posizione 2
mia_lista <- append(mia_lista, "nuovo Elemento", after = 1)

# Visualizzazione della lista aggiornata
mia_lista
```

```
$numero          42
[[2]]            'nuovo Elemento'
$stringa         'R è potente'
$nuovo_elemento  1 · 2 · 3
```

```
# Cancellare un elemento
mia_lista$nuovo_elemento <- NULL
mia_lista
```

```
$numero          100
[[2]]            'nuovo Elemento'
$stringa         'R è potente'
```

```
# Cancellare un elemento in posizione 2
mia_lista <- mia_lista[-3]
mia_lista
```

```
$numero          42
[[2]]            'nuovo Elemento'
```



# ACCESSO ALLE LISTE

```
> lista <- list(a = 1:3, b = "a string", c = pi, d = list(-1, -5))  
> lista
```

\$a  
[1] 1 2 3

\$b  
[1] "a string"

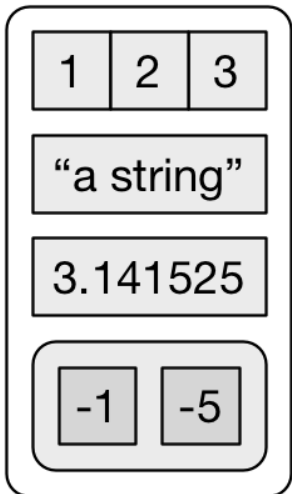
\$c  
[1] 3.141593

\$d  
\$d[[1]]  
[1] -1

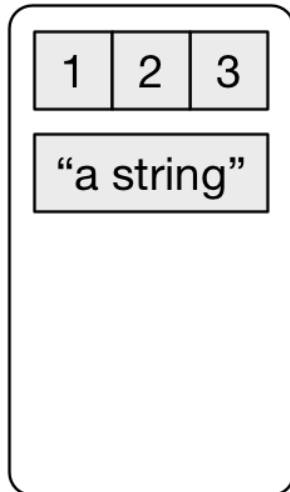
\$d[[2]]  
[1] -5

- La distinzione tra `[` e `[[` è davvero importante per le liste, perché `[[` si addentra nella lista mentre `[` restituisce una nuova lista più piccola

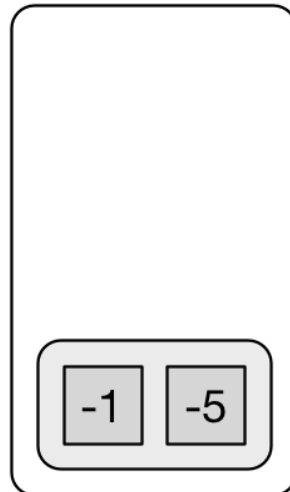
a



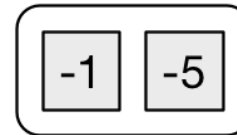
a[1:2]



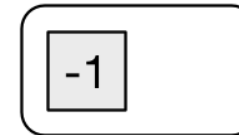
a[4]



a[[4]]



a[[4]][1]



a[[4]][[1]]



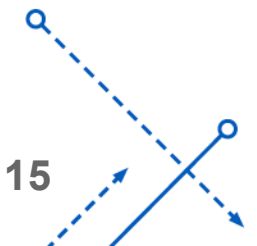
# ACCESSO ALLE LISTE (NELLA VITA REALE)

- Consideriamo una saliera  $x$ 
  - $x[1]$  è una saliera di pepe contenente un **singolo (primo)** pacchetto di pepe
  - $x[2]$  avrebbe lo stesso aspetto, ma conterrebbe il **secondo** pacchetto
  - $x[1:2]$  sarebbe una saliera per il pepe contenente **due** pacchetti di pepe

$x$



$x[1]$



# ACCESSO ALLE LISTE (NELLA VITA REALE)

- Consideriamo una saliera  $x$ 
  - $x[[1]]$  è un **singolo (primo)** pacchetto di pepe
  - Se volesse ottenere il contenuto del pacchetto pepe  $x[[1]][[1]]$

$x$



$x[1]$



$x[[1]]$



$x[[1]][[1]]$





# STATISTICA E ANALISI DEI DATI

DataFrame

—  
Dott. Stefano Cirillo  
Dott. Luigi Di Biasi

a.a. 2025-2026

# DATAFRAME

- Il dataframe è (probabilmente) l'oggetto più utilizzato di tutto l'ambiente R, almeno in una sua ottica di gestione e analisi dei dati
- Un dataframe è una matrice di dati in cui ad ogni riga corrisponde una osservazione (unità statistica) e ad ogni colonna una variabile statistica, e nell'ambiente viene trattato come una lista
- Ogni elemento di tale lista rappresenta una variabile statistica, per cui `length()` restituisce il numero delle variabili, mentre `names()` i rispettivi nomi
- Tra le diverse opzioni disponibili, è possibile costruire un dataframe direttamente con la funzione `data.frame()`

The diagram illustrates the structure of a dataframe. At the top, the word "Columns" is written in blue, with three arrows pointing down to the column headers: "Name", "Team", and "Number". To the left of the table, the word "Rows" is written in orange, with three arrows pointing to the row indices 0, 1, and 2. A pink box labeled "Data" is positioned at the bottom right, with a line pointing to the data cells of the table. The table itself has a light green background and contains the following data:

	<i>Name</i>	<i>Team</i>	<i>Number</i>	<i>Position</i>	<i>Age</i>
0	Avery Bradley	Boston Celtics	0.0	PG	25.0
1	John Holland	Boston Celtics	30.0	SG	27.0
2	Jonas Jerebko	Boston Celtics	8.0	PF	29.0
3	Jordan Mickey	Boston Celtics	NaN	PF	21.0
4	Terry Rozier	Boston Celtics	12.0	PG	22.0
5	Jared Sullinger	Boston Celtics	7.0	C	NaN
6	Evan Turner	Boston Celtics	11.0	SG	27.0

In the bottom right corner of the diagram, there is a small green logo consisting of two interlocking circles.

# DATAFRAME

- In R un data frame è un oggetto di tipo lista che si presenta in forma di tabella (matrice di dati) ed è costituito da righe e colonne.
  - Ogni riga del data frame individua un'osservazione e ad ogni colonna **corrisponde una variabile**
- Come per le matrici, le colonne di un data frame hanno tutte la stessa lunghezza e i valori contenuti in ogni singola colonna sono omogenei (numeri, caratteri, valori logici, . . .).
  - Invece, a differenza delle matrici, un data frame può avere colonne di tipo diverso
- Le righe e le colonne possono avere delle etichette costituite da nomi o da valori numerici
  - Il numero di colonne è individuato da **length(nomeDataFrame)**, mentre **dim(nomeDataFrame)** fornisce un vettore contenente il numero di righe e di colonne del data frame

The diagram illustrates a data frame structure. At the top, the word "Columns" is written in blue, with arrows pointing to the column headers: "Name", "Team", "Number", "Position", and "Age". On the left, the word "Rows" is written in orange, with arrows pointing to the row indices: 0, 1, 2, 3, 4, 5, and 6. The data is presented in a table with green alternating row colors. A pink box labeled "Data" highlights a subset of the table, specifically rows 2 through 6 and columns "Number", "Position", and "Age".

	Name	Team	Number	Position	Age
0	Avery Bradley	Boston Celtics	0.0	PG	25.0
1	John Holland	Boston Celtics	30.0	SG	27.0
2	Jonas Jerebko	Boston Celtics	8.0	PF	29.0
3	Jordan Mickey	Boston Celtics	NaN	PF	21.0
4	Terry Rozier	Boston Celtics	12.0	PG	22.0
5	Jared Sullinger	Boston Celtics	7.0	C	NaN
6	Evan Turner	Boston Celtics	11.0	SG	27.0

# DATAFRAME

- Il comando **names**(nomeDataFrame) restituisce i nomi delle etichette delle colonne
  - I nomi delle righe (**indici di riga**) possono essere modificati attraverso il comando:
- I nomi delle colonne (**feature/attributi**) possono essere modificati attraverso il comando:

**rownames**(nomeDataFrame) <- c("riga1", "riga2", "riga3")

**colnames**(nomeDataFrame) <- c("colonna1", "colonna2", "colonna3")

```
# Creare un dataframe di esempio
df <- data.frame(
  x = c(1, 2, 3),
  y = c(4, 5, 6),
  z = c(7, 8, 9)
)
```

df

A data.frame: 3 × 3

	x	y	z
<dbl>	<dbl>	<dbl>	<dbl>
1	1	4	7
2	2	5	8
3	3	6	9

```
# Modificare i nomi delle righe
rownames(df) <- c("riga1", "riga2", "riga3")
colnames(df) <- c("colonna1", "colonna2", "colonna3")

# Visualizzare i nuovi nomi delle righe
df
```

A data.frame: 3 × 3

	colonna1	colonna2	colonna3
	<dbl>	<dbl>	<dbl>
riga1	1	4	7
riga2	2	5	8
riga3	3	6	9



# DATAFRAME

```
# crea un dataframe
```

```
> df <- data.frame(a = 1:3, sesso = c("F", "M", "F"))  
> df
```

```
##   a sesso  
## 1 1     F  
## 2 2     M  
## 3 3     F
```

```
> length(df) # n. variabili
```

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

```
> names(df) # nome delle variabili
```

```
## [1] "a"      "sesso"
```

```
> dim(df) # restituisce la dimensione (n. osservazioni e n. variabili)
```

```
## [1] 3 2
```



# DATAFRAME

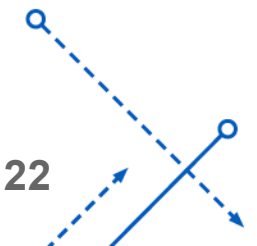
```
> str(df)  # restituisce informazioni circa la struttura di df
```

```
## 'data.frame':    3 obs. of  2 variables:  
## $ a      : int  1 2 3  
## $ sesso: chr  "F" "M" "F"
```

- Possiamo **aggiungere** altre variabili (colonne) al dataframe assegnando direttamente un nome alla variabile

```
> df$eta <- c(21, 19, 20) # aggiunge una variabile di nome 'eta'  
> df
```

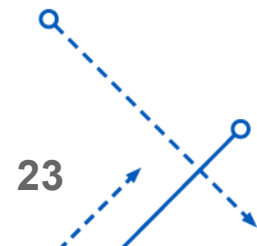
```
##   a sesso eta  
## 1 1     F  21  
## 2 2     M  19  
## 3 3     F  20
```



# SUBSETTING DI DATAFRAME

---

- Il dataframe creato è definito da 3 casi e 3 variabili (due numeriche ed una categoriale) che possono essere selezionate in modi diversi utilizzando il nome della variabile:
  - `df$eta`
  - `df[, "eta"]`
- Utilizzando il numero di colonna che la variabile occupa:
  - `df[,2]`
- Il risultato è comunque un vettore
- Nelle applicazioni è utile selezionare soltanto una parte del dataframe iniziale, ad es. solo alcune variabili o soltanto alcuni casi che soddisfano determinati criteri



# FILTERING AND SELECTION

```
> # selezione dell'età delle sole femmine  
> df[df$ sesso == "F", "eta"]
```

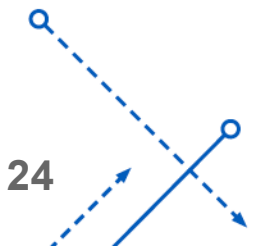
```
## [1] 21 20
```

```
> # selezione delle sole femmine con eta<=20 (si fa  
> # notare l'uso dell'operatore logico '&' affinché  
> # siano soddisfatte entrambe le condizioni)  
> df[df$ sesso == "F" & df$ eta <= 20, ]
```

```
##   a sesso eta  
## 3 3      F 20
```

```
> # selezione dei valori di 'sesso' con eta<20 o  
> # eta>20 (si fa notare l'uso dell'operatore  
> # logico '|' affinché siano soddisfatte  
> # alternativamente le due condizioni)  
> df[df$ eta < 20 | df$ eta > 20, "sesso"]
```

```
## [1] "F" "M"
```





# FILTERING AND SELECTION

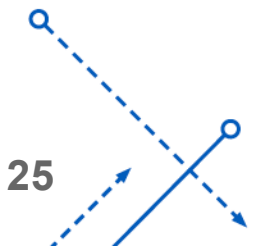
Alternativamente è possibile selezionare sottoinsiemi di dati utilizzando la funzione `subset(data,condizione,selezione)`

```
> # selezione dei casi con età <=20  
> subset(df, eta <= 20)
```

```
##   a sesso eta  
## 2 2      M 19  
## 3 3      F 20
```

```
> # selezione dei casi con 19 e 21 anni (si fa  
> # notare l'uso dell'operatore logico %in% che  
> # permette di specificare una lista di valori  
> # come clausole di ricerca in un'unica query)  
> subset(df, eta %in% c(19, 21))
```

```
##   a sesso eta  
## 1 1      F 21  
## 2 2      M 19
```



# DATAFRAME

- La funzione `data.frame()` vista in precedenza non esaurisce le diverse possibilità per affrontare il problema dell'inserimento e gestione di dati
- Ad es. la funzione `as.data.frame()` può essere utilizzata per forzare una matrice di dati ad un dataframe

```
> # Richiamiamo la matrice X1  
> str(X1)
```

```
## int [1:4, 1:3] 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...
```

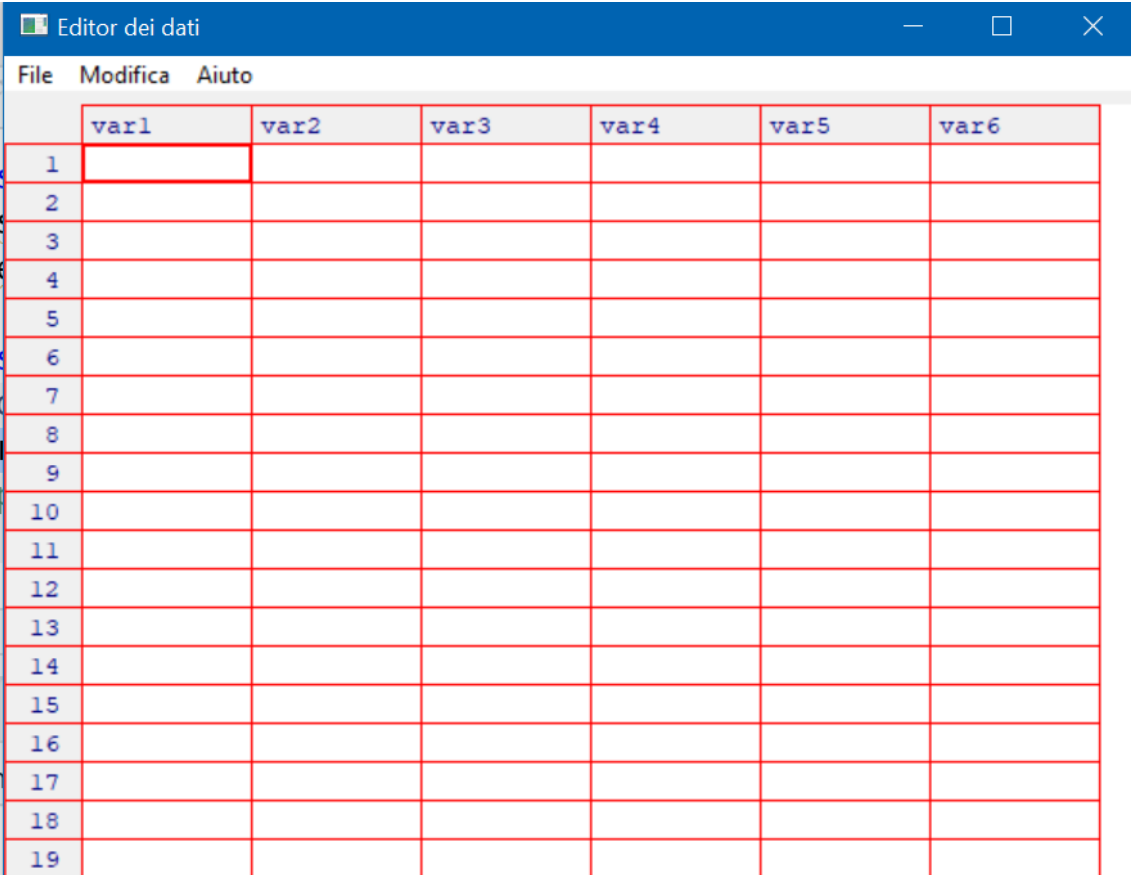
```
> df1 <- as.data.frame(X1)  
> str(df1)
```

```
## 'data.frame':    4 obs. of  3 variables:  
## $ V1: int  1 2 3 4  
## $ V2: int  5 6 7 8  
## $ V3: int  9 10 1 2
```

# DATAFRAME

- I dati possono essere passati ad R anche attraverso l'inserimento manualmente utilizzando un foglio elettronico
- Si può utilizzare il comando **fix()**

```
> X <- data.frame()  
> fix(X)  # apre un Editor di dati  
> # che permette l'inserimento dei dati cella per  
+ # cella
```



	var1	var2	var3	var4	var5	var6
1						
2						
3						
4						
5						
6						
7						
8						
9						
10						
11						
12						
13						
14						
15						
16						
17						
18						
19						

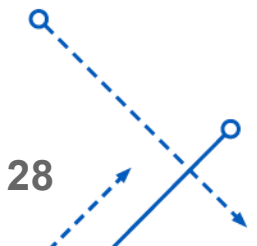
# CARICAMENTO DI FILE

- Un'altra possibilità (probabilmente la più frequente nelle applicazioni), è quella di importare i dati da un file ASCII (.txt, .asc o .csv)
- A tale scopo viene utilizzata la funzione **read.table()** o **read.delim()**

```
> stud <- read.table(file.choose(), header = TRUE, sep = "\t",  
                      na.strings = "NA", dec = ",")
```

```
> str(stud)
```

```
## 'data.frame':  20 obs. of  7 variables:  
## $ id      : int  1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 ...  
## $ Sex     : chr  "Female" "Male" "Male" "Male" ...  
## $ Age     : num  18.2 17.6 16.9 20.3 23.7 ...  
## $ Height: num  173 178 NA 160 165 ...  
## $ WHnd   : chr  "Right" "Left" "Right" "Right" ...  
## $ Pulse  : int  92 104 87 NA 35 64 83 74 72 90 ...  
## $ Smoke  : chr  "Never" "Regul" "Occas" "Never" ...
```



# CARICAMENTO DI FILE

---

- In questo caso, il file *"Iris.txt"* viene importato e automaticamente convertito nel dataframe *stud*
- Alcuni argomenti della funzione sono
  - Il path (o percorso del file)
    - può essere specificato e scritto come negli ambienti Unix (o Linux) con "/" (ad es. *"C:/Data/Iris.txt"*)
    - il percorso viene dinamicamente scelto attraverso la funzione `file.choose()` che apre la finestra di navigazione
  - `header=TRUE` specifica che la prima linea del file contiene le intestazioni delle colonne
  - `sep="\t"` indica che i diversi campi sono separati da un tab (altre opzioni posso essere ad es. *","*, *","*)
  - `na.strings="NA"` è utile se nel file sono presenti valori mancanti, in questo caso individuati con NA
  - `dec=","` specifica il tipo di carattere utilizzato nel file per separare i decimali, in questo caso la virgola



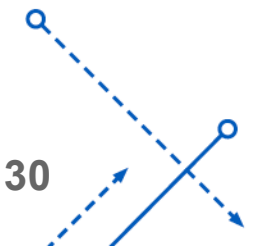
# CARICAMENTO DI FILE

Se il file di input è in formato “.csv” si utilizza la funzione `read.csv()` con la stessa logica vista in precedenza

```
> salary <- read.csv(file.choose(), header = TRUE, sep = ",")
```

```
> str(salary)
```

```
## 'data.frame':      8 obs. of  5 variables:
## $ id          : int  1 2 3 4 5 6 7 8
## $ name        : chr  "Rick" "Dan" "Michelle" "Ryan" ...
## $ salary      : num  623 515 611 729 843 ...
## $ start_date: chr   "2012-01-01" "2013-09-23" "2014-11-15" "2014-05-11" ...
## $ dept        : chr  "IT" "Operations" "IT" "HR" ...
```



# L'AMBIENTE INTEGRATO R

## Principali funzioni su data frame

- **Numero di colonne del dataframe df**  
> length(df)
- **Numero di righe e colonne (osservazioni e variabili) del data frame df**  
> dim(df)
- **Nomi delle etichette delle colonne del data frame df**  
> names(df)
- **Assegna/modifica le etichette delle righe del data frame df**  
> row.names(df)
- **Individua l'elemento in posizione (i, j) nel data frame df**  
> df[i, j]
- **Seleziona nella k-esima colonna gli elementi da i a j**  
> df[i:j, k]
- **Seleziona una parte del data frame df avente le righe da i a j e le colonne da k a r**  
> df[i : j, k : r]
- **Seleziona la parte del data frame df costituita dalla i-esima riga**  
> df[i, ]
- **Seleziona la parte del data frame df costituita dalla j-esima colonna**  
> df[, j]



# STATISTICA E ANALISI DEI DATI

Fattori ed Intervalli

---

Dott. Stefano Cirillo  
Dott. Luigi Di Biasi

a.a. 2025-2026



# VARIABILI QUANTITATIVE E QUALITATIVE

## QUANTITATIVI

I dati quantitativi sono rappresentati tramite valori numerici.

## QUALITATIVI

I dati qualitativi sono rappresentati attraverso stringhe di caratteri oppure mediante opportune classi (sottointervalli numerici).

una variabile quantitativa continua (per scala di rapporti)

una variabile qualitativa nominale

nomi di variabili

un'osservazione

un numero di riga

	Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species
1	5.1	3.5	1.4	0.2	setosa
2	4.9	3.0	1.4	0.2	setosa
3	4.7	3.2	1.3	0.2	setosa
4	4.6	3.1	1.5	0.2	setosa
5	5.0	3.6	1.4	0.2	setosa
6	5.4	3.9	1.7	0.4	setosa
7	4.6	3.4	1.4	0.3	setosa
8	5.0	3.4	1.5	0.2	setosa
9	4.4	2.9	1.4	0.2	setosa
10	4.9	3.1	1.5	0.1	setosa
11	5.4	3.7	1.5	0.2	setosa
12	4.8	3.4	1.6	0.2	setosa
13	4.8	3.0	1.4	0.1	setosa
14	4.3	3.0	1.1	0.1	setosa
15	5.8	4.0	1.2	0.2	setosa
16	5.7	4.4	1.5	0.4	setosa
17	5.4	3.9	1.3	0.4	setosa
18	5.1	3.5	1.4	0.3	setosa
19	5.7	3.8	1.7	0.3	setosa
20	5.1	3.8	1.5	0.3	setosa
21	5.4	3.4	1.7	0.2	setosa
22	5.1	3.7	1.5	0.4	setosa
23	4.6	3.6	1.0	0.2	setosa
24	5.1	3.3	1.7	0.5	setosa
25	4.8	3.4	1.9	0.2	setosa

Showing 1 to 26 of 150 entries, 5 total columns

# VARIABILI QUANTITATIVE E QUALITATIVE

- *Iris* Dataset ha quattro **variabili quantitative continue**, per **scala di rapporti**:

- Lunghezza e larghezza dei petali
- Lunghezza e larghezza dei sepali

- una **variabile qualitativa nominale**:

- il **nome** delle tre specie del genere *Iris* messe a confronto
- Questa variabile può assumere un **numero finito di valori** o **categorie** che non hanno nessun ordine ovvio
- In R questo tipo di variabile è chiamata “**fattore**”

una variabile quantitativa continua (per scala di rapporti)

una variabile qualitativa nominale

nomi di variabili

un'osservazione

un numero di riga

	Sepal.Length	Sepal.Width	Petal.Length	Petal.Width	Species
1	5.1	3.5	1.4	0.2	setosa
2	4.9	3.0	1.4	0.2	setosa
3	4.7	3.2	1.3	0.2	setosa
4	4.6	3.1	1.5	0.2	setosa
5	5.0	3.6	1.4	0.2	setosa
6	5.4	3.9	1.7	0.4	setosa
7	4.6	3.4	1.4	0.3	setosa
8	5.0	3.4	1.5	0.2	setosa
9	4.4	2.9	1.4	0.2	setosa
10	4.9	3.1	1.5	0.1	setosa
11	5.4	3.7	1.5	0.2	setosa
12	4.8	3.4	1.6	0.2	setosa
13	4.8	3.0	1.4	0.1	setosa
14	4.3	3.0	1.1	0.1	setosa
15	5.8	4.0	1.2	0.2	setosa
16	5.7	4.4	1.5	0.4	setosa
17	5.4	3.9	1.3	0.4	setosa
18	5.1	3.5	1.4	0.3	setosa
19	5.7	3.8	1.7	0.3	setosa
20	5.1	3.8	1.5	0.3	setosa
21	5.4	3.4	1.7	0.2	setosa
22	5.1	3.7	1.5	0.4	setosa
23	4.6	3.6	1.0	0.2	setosa
24	5.1	3.3	1.7	0.5	setosa
25	4.8	3.4	1.9	0.2	setosa

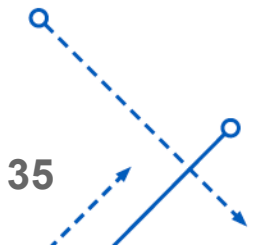
Showing 1 to 26 of 150 entries, 5 total columns

# FATTORI

- In R, i **fattori** sono una struttura di dati utilizzata per rappresentare dati categoriali, cioè variabili che possono assumere un numero finito e fisso di valori distinti, chiamati **livelli** (levels)
  - I fattori sono particolarmente utili per gestire dati che rappresentano categorie o classi, come sesso, giorno della settimana, o risposte in un sondaggio.
- Possono rappresentare dati qualitativi, come:
  - Generi: 'Uomo', 'Donna', 'Non Binario', ...
  - Colori: "Rosso", "Blu", "Verde", ...
- I fattori sono utili per:
  - Analisi statistiche che richiedono categorie distinte
  - Costruire modelli statistici con variabili categoriali
  - Visualizzazione grafica di dati categoriali (es. grafici a barre)

```
# Esempio di creazione di un fattore  
genere <- factor(c("Rosso", "Blu", "Verde", "Arancione"))  
genere
```

```
[1] Rosso      Blu         Verde      Arancione  
Levels: Arancione Blu Rosso Verde
```



# FATTORI

```
> individuo <-c( "bambino" ,"giovane" ,"adulto" ,"anziano" ,"bambino" ,"giovane")
> individuo
[1] "bambino" "giovane" "adulto"  "anziano" "bambino" "giovane"
> persona <- factor(individuo)
> persona
[1] bambino giovane adulto  anziano bambino giovane
Levels: adulto anziano bambino giovane
>
> str(individuo)
chr [1:6] "bambino" "giovane" "adulto" "anziano" "bambino" "giovane"
> str(persona)
Factor w/ 4 levels "adulto","anziano",..: 3 4 1 2 3 4
>
>
> persona1 <- ordered(individuo, levels=c("bambino", "giovane", "adulto", "anziano"))
> str(persona1)
ord.factor w/ 4 levels "bambino"<"giovane"<..: 1 2 3 4 1 2
> persona1
[1] bambino giovane adulto  anziano bambino giovane
Levels: bambino < giovane < adulto < anziano
>
> persona <- factor(individuo)
> ordered(persona, levels=c("bambino","giovane", "adulto", "anziano"))
[1] bambino giovane adulto  anziano bambino giovane
Levels: bambino < giovane < adulto < anziano
```

} Metodo 1

# FATTORI

```
> individuo <-c( "bambino" ,"giovane" ,"adulto" ,"anziano" ,"bambino" ,"giovane")
> individuo
[1] "bambino" "giovane" "adulto"  "anziano" "bambino" "giovane"
> persona <- factor(individuo)
> persona
[1] bambino giovane adulto  anziano bambino giovane
Levels: adulto anziano bambino giovane
>
> str(individuo)
chr [1:6] "bambino" "giovane" "adulto" "anziano" "bambino" "giovane"
> str(persona)
Factor w/ 4 levels "adulto","anziano",..: 3 4 1 2 3 4
>
>
> persona1 <- ordered(individuo, levels=c("bambino", "giovane", "adulto", "anziano"))
> str(persona1)
ord.factor w/ 4 levels "bambino"<"giovane"<..: 1 2 3 4 1 2
> persona1
[1] bambino giovane adulto  anziano bambino giovane
Levels: bambino < giovane < adulto < anziano
>
> persona <- factor(individuo)
> ordered(persona, levels=c("bambino","giovane", "adulto", "anziano"))
[1] bambino giovane adulto  anziano bambino giovane
Levels: bambino < giovane < adulto < anziano
```

Metodo 1

Metodo 2

# FATTORI

- Perché usare i fattori?
  - **Analisi:** Molte funzioni in R per l'analisi statistica e la modellizzazione richiedono fattori per gestire correttamente le variabili categoriali.
  - **Definizione di Grafici:** Quando si creano grafici, i fattori assicurano che le categorie siano gestite correttamente e rappresentate con l'ordinamento desiderato.
- Per convertire un fattore in un vettore di caratteri:  
`as.character(fattore)`
- Per convertire un fattore in un vettore di numerico:  
`as.numeric(fattore)`
- I fattori sono strumenti potenti per gestire dati categoriali e ordinali in R, e vengono utilizzati per rappresentare variabili con un insieme fisso e finito di valori

```
grado <- factor(c("alto", "basso", "medio", "basso", "alto"),  
               levels = c("basso", "medio", "alto"),  
               ordered = TRUE)
```

```
print(grado)
```

```
[1] alto  basso medio basso alto  
Levels: basso < medio < alto
```

```
as.character(grado)
```

```
'alto' 'basso' 'medio' 'basso' 'alto'
```

```
as.numeric(grado)
```

```
3 · 1 · 2 · 1 · 3
```

# INTERVALLI - CUT

- In R si utilizza la funzione `cut()` per trasformare dati numerici in dati qualitativi mediante la loro collocazione in opportune classi:

`cut(X, breaks, labels = NULL, include.lowest = FALSE, right = TRUE)`

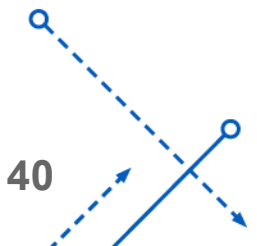
- X: il vettore numerico da suddividere
  - `breaks`: specifica il numero di intervalli o un vettore con i limiti degli intervalli
  - labels: etichette opzionali per i livelli.
  - `include.lowest`: se TRUE, include il valore più basso nel primo intervallo.
  - `right`: se TRUE, l'intervallo include l'estremo destro.
- Nel parametro `breaks` si inseriscono gli estremi degli intervalli che sono aperti a sinistra e chiusi a destra.
  - Se si desidera ottenere intervalli chiusi a sinistra e aperti a destra occorre specificare in `cut()` l'opzione aggiuntiva `right = FALSE`



# INTERVALLI - CUT

- Nell'esempio seguente si considera un vettore numerico contenente i voti di 8 studenti e si considerano le seguenti classi: (17, 21], (21, 24], (24, 27], (27, 31]

```
> votiStudenti <- c(18,21,25,28,30,25,24,25)
> votiStudenti
[1] 18 21 25 28 30 25 24 25
>
> voti <- cut(votiStudenti, breaks=c(17,21,24,27,31))
> voti
[1] (17,21] (17,21] (24,27] (27,31] (27,31] (24,27] (21,24] (24,27]
Levels: (17,21] (21,24] (24,27] (27,31]
```





# INTERVALLI - CUT

- Nell'esempio seguente si considera un vettore numerico contenente i voti di 8 studenti e si considerano le seguenti classi: (17, 21], (21, 24], (24, 27], (27, 31]

```
> votiStudenti <- c(18,21,25,28,30,25,24,25)
> votiStudenti
[1] 18 21 25 28 30 25 24 25
>
> voti <- cut(votiStudenti, breaks=c(17,21,24,27,31))
> voti
[1] (17,21] (17,21] (24,27] (27,31] (27,31] (24,27] (21,24] (24,27]
Levels: (17,21] (21,24] (24,27] (27,31]
```

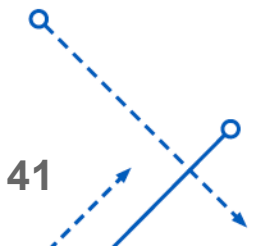
- Nell'esempio seguente i valori numerici sono suddivisi in 4 categorie: "Giovane", "Adulto", "Mezza Età" e "Anziano".

```
# Esempio: Suddividere un vettore di età in categorie
eta <- c(15, 22, 37, 45, 52, 63, 80)
categorie_eta <- cut(eta, breaks = c(0, 18, 35, 50, 100),
                    labels = c("Giovane", "Adulto", "Mezza Età", "Anziano"))
categorie_eta
```

Giovane · Adulto · Mezza Età · Mezza Età · Anziano · Anziano · Anziano

## ▼ Levels:

'Giovane' · 'Adulto' · 'Mezza Età' · 'Anziano'





# STATISTICA E ANALISI DEI DATI

Capitolo 1.10 – Gestione I/O Funzioni

---

Dott. Stefano Cirillo  
Dott. Luigi Di Biasi

a.a. 2025-2026

# FUNZIONI IN R

## Gestione dell'input delle funzioni in R

- Flashback: In **R**, una funzione **accetta zero o più \* input** e restituisce **almeno un output** (che è NULL nel caso la funzione sia vuota).
  - Osserviamo meglio il formalismo che ci permette di definire funzioni in R:
  - `f <- function() { }` **Una funzione senza parametri di input.**
  - `f <- function(arg1) { }` **Una funzione con un parametro di input.**
  - `f <- function(arg1, arg2, ..., argN) { }` **Una funzione con N parametri di input**
  - **Ma c'è di più!** con «più» in R si intende anche «un numero indefinito» di parametri di input!

# FUNZIONI IN R

## Funzioni con numero di parametri in input variabile

- Ci sono dei casi in cui potrebbe essere utile definire una funzione il cui numero di input vari in base al contesto o all'uso della funzione stessa.
- In **R**, è possibile definire una funzione che **accetta un numero di parametri non definito a priori!**
- La sintassi più comune per accettare un numero indefinito di argomenti è l'uso dei tre puntini ...
  - `f <- function(...) { }` **Una funzione con un numero di parametri variabile.**
- L'uso dei tre puntini (...) ci permette di passare un numero arbitrario di argomenti alla funzione.
- Gli argomenti passati con (...) possono essere successivamente manipolati o passati ad altre funzioni.

# FUNZIONI IN R

## Funzioni con numero di parametri in input variabile

- Alcuni esempi che ci permettono di apprezzare l'utilità di questo formalismo.

```
RGui - [R Console]
File Modifica Visualizza Varie Pacchetti Finestre Aiuto

> somma_variabile <- function(...) {
+   # Usa la funzione sum() per sommare tutti gli argomenti
+   return(sum(...))
+ }
>
> # Puoi chiamare la funzione con qualsiasi numero di argomenti
> somma_variabile(1, 2, 3, 4) # Restituisce 10
[1] 10
> somma_variabile(10, 20, 30) # Restituisce 60
[1] 60
> somma_variabile(1,2,3,4,5,6,7,8,9)*9
[1] 405
> somma_variabile(1,2,3,4,5,6,7,8,9)
[1] 45
> somma_variabile(1,2,3,4,5,6,7,8,9)
[1] 45
> somma_variabile(1,1)
[1] 2
>
```

```
RGui - [R Console]
File Modifica Visualizza Varie Pacchetti Finestre Aiuto

>
> funzione_generica <- function(x, ...) {
+   print(paste("Valore di x:", x))
+   # Passa gli altri argomenti ad un'altra funzione
+   print(paste(...))
+ }
>
> funzione_generica(1, "secondo", "terzo")
[1] "Valore di x: 1"
[1] "secondo terzo"
>
>
```

# FUNZIONI IN R

---

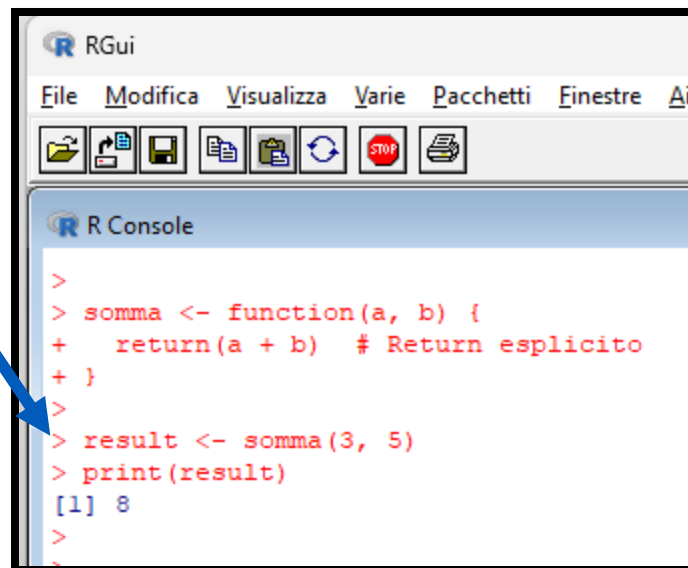
## Gestione dell'output di funzioni in R

- In R le funzioni possono adottare un meccanismo di **return implicito** e uno **esplicito**:
  - se non è presente la keyword return, una funzione restituisce in output **il valore calcolato nell'ultima espressione** (return implicito);
  - **se è presente** l'istruzione **return(value)**, la funzione ritorna in output l'oggetto value che può essere un singolo oggetto oppure un insieme di oggetti.

# FUNZIONI IN R

## Gestione dell'output di funzioni in R

- In R le funzioni possono adottare un meccanismo di **return** implicito e uno esplicito:
  - se non è presente la keyword return, una funzione restituisce in output **il valore calcolato nell'ultima espressione** (return implicito);
  - **se è presente** l'istruzione **return(value)**, la funzione ritorna in output l'oggetto value che può essere un singolo oggetto oppure un insieme di oggetti.

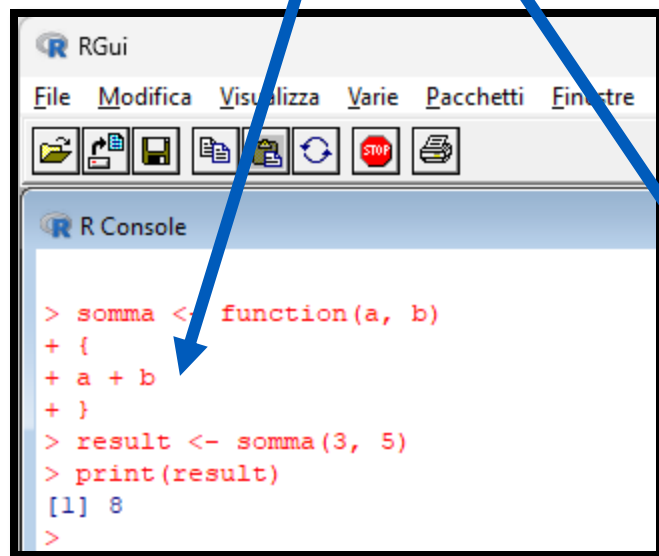


```
>
> somma <- function(a, b) {
+   return(a + b) # Return esplicito
+ }
>
> result <- somma(3, 5)
> print(result)
[1] 8
>
```

# FUNZIONI IN R

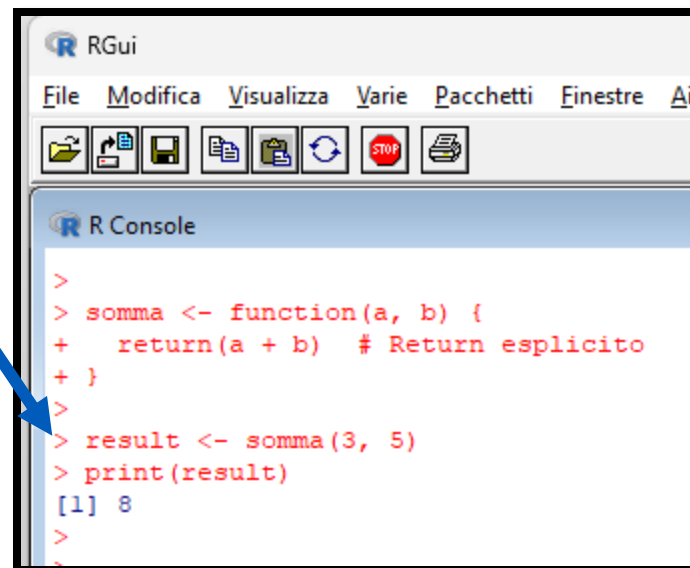
## Gestione dell'output di funzioni in R

- In R le funzioni possono adottare un meccanismo di **return** implicito e uno esplicito:
  - se non è presente la keyword return, una funzione restituisce in output **il valore calcolato nell'ultima espressione** (return implicito);
  - se è presente l'istruzione **return(value)**, la funzione ritorna in output l'oggetto value che può essere un singolo oggetto oppure un insieme di oggetti.



The screenshot shows the RGui interface with the R Console. The code defines a function 'somma' that takes two arguments 'a' and 'b' and returns their sum. The function is called with 'somma(3, 5)' and the result '8' is printed. A blue arrow points from the text 'il valore calcolato nell'ultima espressione' in the list above to the '+ a + b' line in the function definition.

```
> somma <- function(a, b)
+ {
+   a + b
+ }
> result <- somma(3, 5)
> print(result)
[1] 8
>
```



The screenshot shows the RGui interface with the R Console. The code defines a function 'somma' that takes two arguments 'a' and 'b' and returns their sum using the 'return' keyword. The function is called with 'somma(3, 5)' and the result '8' is printed. A blue arrow points from the text 'return(value)' in the list above to the 'return(a + b)' line in the function definition.

```
>
> somma <- function(a, b) {
+   return(a + b) # Return esplicito
+ }
>
> result <- somma(3, 5)
> print(result)
[1] 8
>
```



# FUNZIONI IN R

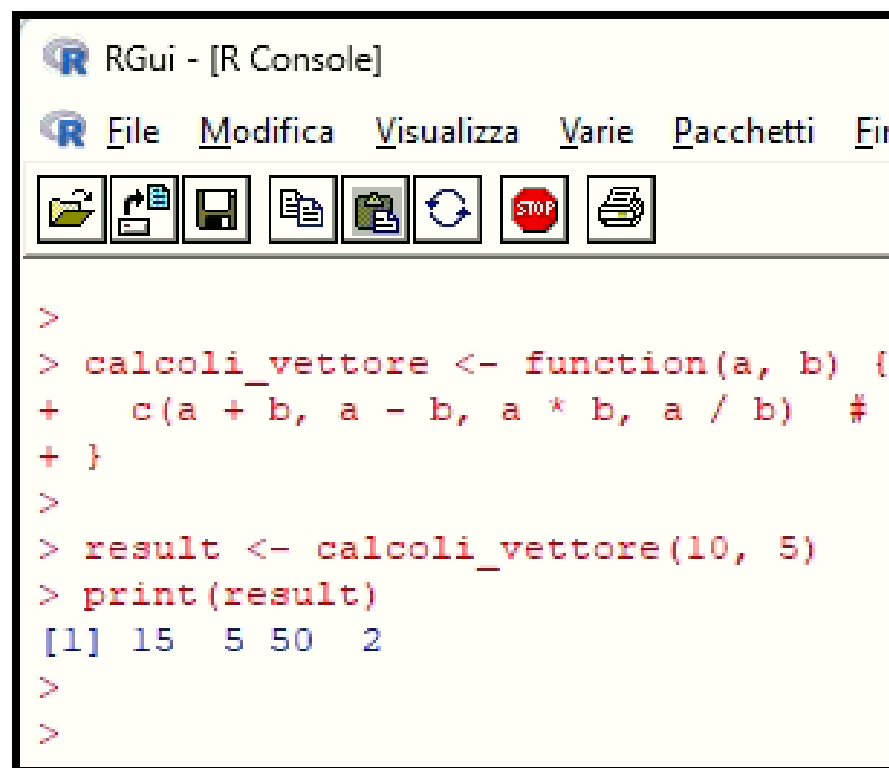
## Gestione di output multipli in R

- In **R**, anche se per definizione una funzione deve restituire un singolo oggetto, esistono dei meccanismi che ci permettono di *restituire più valori contemporaneamente*.
  - Possiamo ad esempio racchiudere *più valori in strutture dati* come **liste**, **vettori**, **data frame (df)** o **matrici**.
  - Questi oggetti ci consentono di restituire output multipli in modo **organizzato** e accessibile.
    - **Curiosità:** Data la natura *anche* OOP di **R**, potremmo definire una classe «contenitore» e usarla per trasferire più oggetti in output.

# FUNZIONI IN R

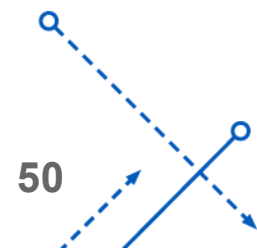
## Restituire output multipli: Vettori

- In **R**, un oggetto di tipo **vettore può contenere solo elementi dello stesso tipo**. Usare i vettori è il modo più semplice per restituire output multipli.



```
RGui - [R Console]
File  Modifica  Visualizza  Varie  Pacchetti  Fin

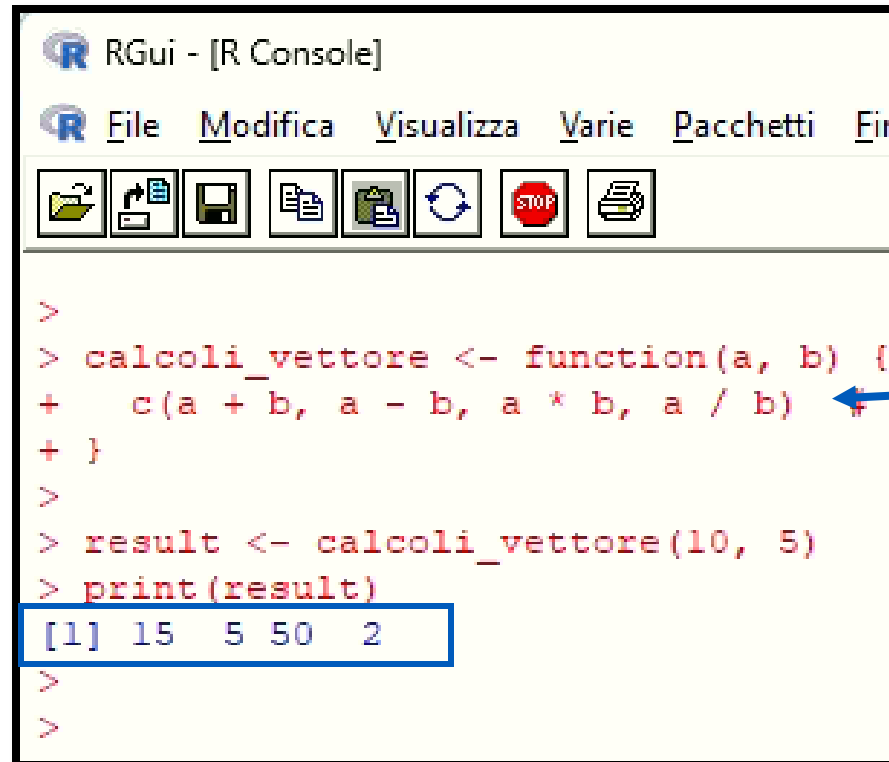
>
> calcoli_vettore <- function(a, b) {
+   c(a + b, a - b, a * b, a / b) #
+ }
>
> result <- calcoli_vettore(10, 5)
> print(result)
[1] 15  5 50  2
>
>
```



# FUNZIONI IN R

## Restituire output multipli: Vettori

- In **R**, un oggetto di tipo **vettore** può contenere **solo elementi dello stesso tipo**. Usare i vettori è il modo più semplice per restituire output multipli.



```
>  
> calcoli_vettore <- function(a, b) {  
+   c(a + b, a - b, a * b, a / b) $  
+ }  
>  
> result <- calcoli_vettore(10, 5)  
> print(result)  
[1] 15  5 50  2  
>  
>
```

Return implicito

# FUNZIONI IN R

## Restituire output multipli: Liste.

- In **R**, un oggetto di tipo **lista** può contenere elementi (ognuno col suo nome) di qualsiasi **tipo**. Possono anche essere utilizzate per «costruire» **oggetti complessi**.

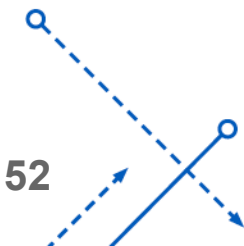
```
RGui - [R Console]
File Modifica Visualizza Varie Pacchetti Finestre Aiuto
[Icons]

> calcoli <- function(a, b) {
+   somma <- a + b
+   differenza <- a - b
+   prodotto <- a * b
+   rapporto <- a / b
+   return(list(somma = somma, differenza = differenza, prodotto = prodotto, rapporto = rapporto))
+ }
>
> result <- calcoli(10, 5)
> result
$somma
[1] 15

$differenza
[1] 5

$prodotto
[1] 50

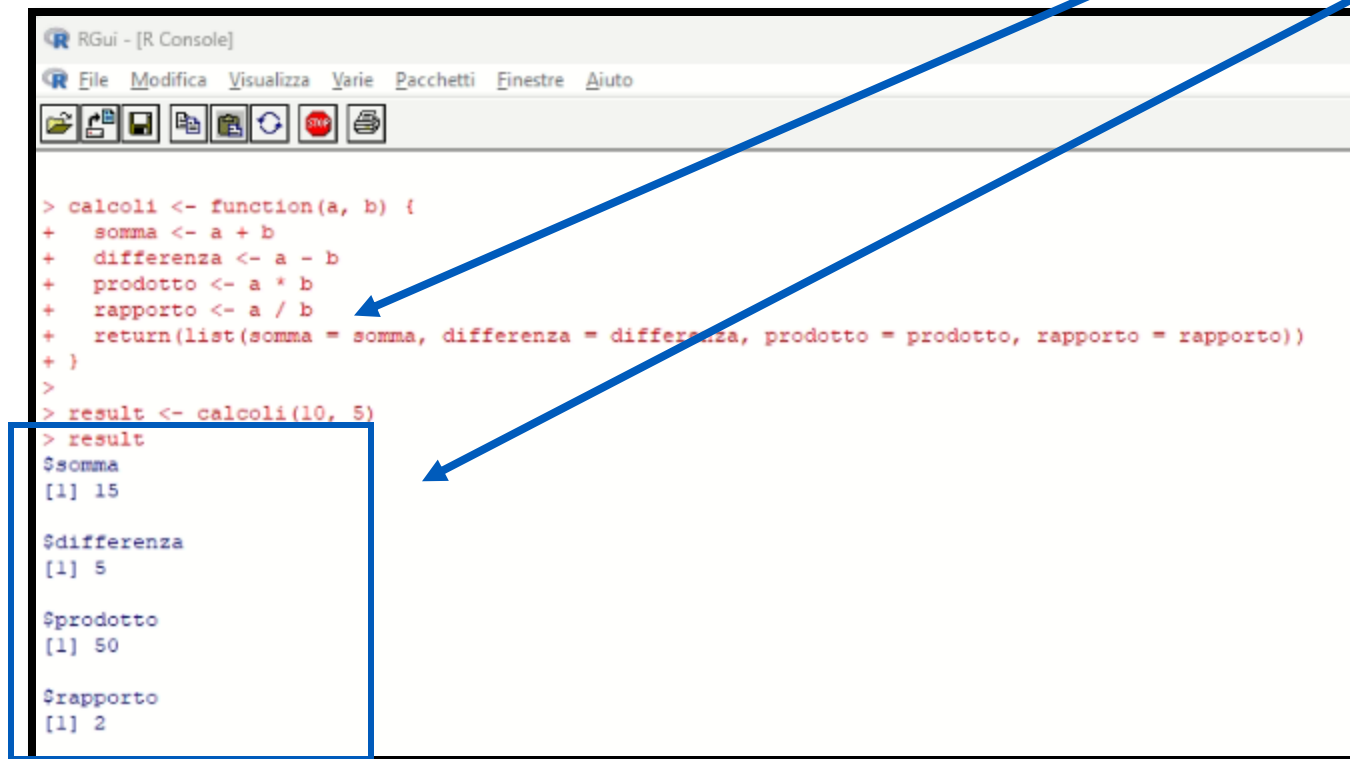
$rapporto
[1] 2
```



# FUNZIONI IN R

## Restituire output multipli: Liste.

- In **R**, un oggetto di tipo **lista** può contenere elementi (ognuno col suo nome) di qualsiasi **tipo**. Possono anche essere utilizzate per «costruire» **oggetti complessi**.



```
> calcoli <- function(a, b) {  
+   somma <- a + b  
+   differenza <- a - b  
+   prodotto <- a * b  
+   rapporto <- a / b  
+   return(list(somma = somma, differenza = differenza, prodotto = prodotto, rapporto = rapporto))  
+ }  
>  
> result <- calcoli(10, 5)  
> result  
$somma  
[1] 15  
  
$differenza  
[1] 5  
  
$prodotto  
[1] 50  
  
$rapporto  
[1] 2
```

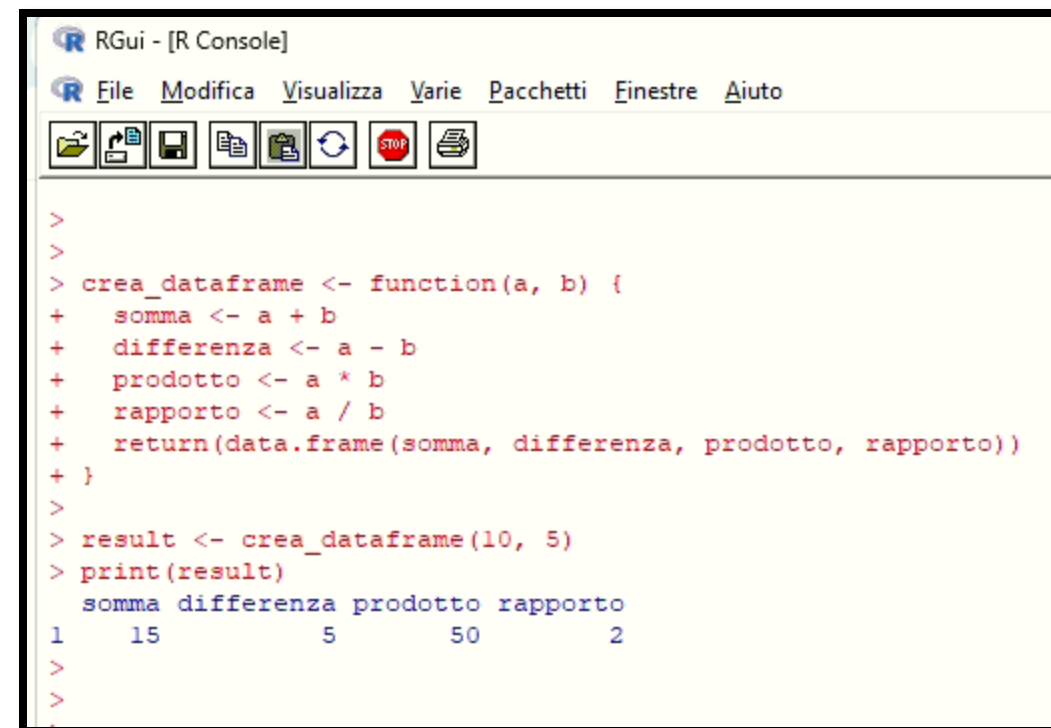
L'oggetto `calcoli` è una lista contenente quattro oggetti:

- `calcoli$somma`
- `calcoli$differenza`
- `calcoli$prodotto`
- `calcoli$rapporto`

# FUNZIONI IN R

## Restituire output multipli: Dataframe.

- In **R**, in un oggetto di tipo **Dataframe** le colonne *possono contenere dati di tipi differenti*. Questo tipo di oggetto può tornare utile quando si devono restituire risultati multipli che condividono una struttura comune (tabellare!)



```
RGui - [R Console]
File Modifica Visualizza Varie Pacchetti Finestre Aiuto

>
>
> crea_dataframe <- function(a, b) {
+   somma <- a + b
+   differenza <- a - b
+   prodotto <- a * b
+   rapporto <- a / b
+   return(data.frame(somma, differenza, prodotto, rapporto))
+ }
>
> result <- crea_dataframe(10, 5)
> print(result)
  somma differenza prodotto rapporto
1    15          5        50         2
```

The background features a complex network of blue lines and arrows. Some lines are solid, while others are dashed. The arrows point in various directions, creating a sense of flow and connectivity. The overall design is modern and technical, fitting for a data-related presentation.

# STATISTICA E ANALISI DEI DATI

Capitoli 1.11/1.13 – Controllo del flusso in R

---

Dott. Stefano Cirillo  
Dott. Luigi Di Biasi

a.a. 2025-2026

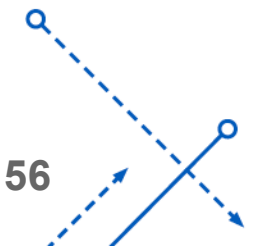
# CONTROLLO DEL FLUSSO IN R

---

## Espressioni condizionali

In **R** esistono diversi costrutti e meccanismi che permettono di determinare l'ordine in cui vengono eseguite le istruzioni all'interno di un programma (la maggior parte sono i costrutti standard che già conoscete!):

- Condizionali (i classici if, then, else, switch);
- Operatori ed espressioni condizionali (and, or, not, ...);
- Cicli di ripetizione (for, while, repeat, break, return).





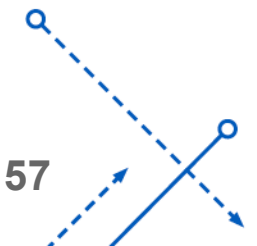
# CONTROLLO DEL FLUSSO IN R

## Espressioni condizionali

- Nelle espressioni condizionali si può far uso di diversi operatori relazionali  $<$ ,  $>$ ,  $<=$ ,  $>=$ ,  $==$ ,  $!=$  e logici NOT (!), AND (& e `&&`) e OR (| e `||`).

### Attenzione:

- Se si utilizzano gli operatori logici & e | il controllo **è eseguito termine a termine** tra gli elementi di due vettori e si ottiene un corrispondente vettore contenente i risultati logici via via ottenuti dal confronto degli elementi.
- Invece, **gli operatori logici && e || eseguono il controllo in sequenza** da sinistra a destra **esaminando così soltanto il primo elemento di ogni vettore**.



# CONTROLLO DEL FLUSSO IN R

## Espressioni condizionali

Il seguente esempio mostra che l'operatore & è applicato a tutti i singoli elementi del vettore mentre l'operatore && esegue il controllo soltanto sul **primo elemento**

```
> v<-c(-3,-2,-1,0,1,2,3)
>
> (v<=1)&(v>=-1)
[1] FALSE FALSE TRUE TRUE TRUE FALSE FALSE
>
> (v<=1)&&(v>=-1)
[1] FALSE
```

# CONTROLLO DEL FLUSSO IN R

## Strutture di selezione

- Le strutture di selezione messe a disposizione dal linguaggio R sono if e if . . . else.
- La sintassi usata in **R** per la prima struttura di selezione è:

```
if ( espressione condizionale ) {  
    blocco di istruzioni da eseguire se l'espressione è vera  
}
```

- Mentre per la seconda struttura di selezione è

```
if ( espressione condizionale ) {  
    blocco di istruzioni da eseguire se l'espressione è vera  
}  
else {  
    blocco di istruzioni da eseguire se l'espressione è false  
}
```



# CONTROLLO DEL FLUSSO IN R

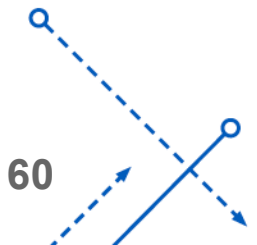
## Strutture di selezione / 2

- La parte di codice da eseguire dopo if e else **richiede di coppie di parentesi graffe nel caso siano presenti più istruzioni.**
- Le strutture di selezione possono avere altre strutture di selezione if e if ... else annidate all'interno.
- Esiste una versione vettorizzata di if ... else che ha la forma:

**ifelse ( espressione condizionale, a, b)**

```
> v<-c(-3,-2,-1,0,1,2,3)
> a<-ifelse( (v<=1)&(v>=-1) ,1,0)
> a # visualizza a
[1] 0 0 1 1 1 0 0
```

con ifelse() viene valutata l'espressione condizionale per ogni elemento del vettore e si ottiene alla fine un vettore di 0 e 1 che **può essere assegnato al vettore a.**



# STRUTTURE ITERATIVE

- Le strutture usate in R per realizzare costrutti iterativi sono simili a quelle disponibili in altri linguaggi di programmazione, ossia for, while e repeat.

- La sintassi della struttura for è la seguente:

```
for( variabile che assume valori in un insieme ) {  
    corpo del ciclo  
}
```

- Il corpo del ciclo può essere costituito da un'**unica istruzione** oppure da più istruzioni racchiuse tra una coppia di parentesi graffe
- Con il primo ed il secondo for i valori che la variabile n può assumere sono specificati da una sequenza di valori, mentre nel terzo caso sono gli elementi del vettore v.

```
> for(n in 1:4) print(n^2)  
[1] 1  
[1] 4  
[1] 9  
[1] 16
```

```
>  
> for(n in seq(2,-4,by=-2)) print(n)  
[1] 2  
[1] 0  
[1] -2  
[1] -4
```

```
> for(v in c("sufficiente","buono","distinto","ottimo")) print(v)  
[1] "sufficiente"  
[1] "buono"  
[1] "distinto"  
[1] "ottimo"
```

# STRUTTURE ITERATIVE

- Nell'esempio seguente usiamo la struttura iterativa for per scrivere una funzione che calcola il fattoriale di x, ossia valuta  $x!$

```
> fact1<-function(x){  
+ f<-1  
+ if(x<2) return(1)  
+ for(n in 2:x){  
+     f<-f*n}  
+ return (f)  
+ }  
>  
> sapply(0:6,fact1)  
[1] 1 1 2 6 24 120 720
```

- Nell'esempio è stata usata la funzione **sapply**(v, funz) che permette di applicare la funzione indicata nel parametro funz a tutti gli elementi di una sequenza o di un vettore v restituendo un vettore di valori

# WHILE

- La sintassi della struttura while è:

```
> while( condizione ) {  
    corpo del ciclo  
}
```

- che opera attivando l'esecuzione delle istruzioni indicate nel corpo del ciclo fino a quando la condizione espressa tra le parentesi tonde è verificata.
- Un esempio di applicazione della struttura while è il seguente:

```
> n<-1 # condizione iniziale  
> while(n<5){  
+ print(n^2)  
+ n<-n+1  
+ }  
[1] 1  
[1] 4  
[1] 9  
[1] 16
```

```
> n<-1  
> v<-vector(length=0) # oggetto iniziale  
> while(n<5){  
+ v[length(v)+1]<-n^2  
+ n<-n+1  
+ }  
>  
> v # visualizza il vettore v  
[1] 1 4 9 16
```



# REPEAT

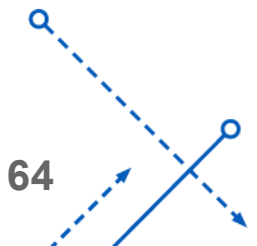
- La sintassi della struttura repeat è la seguente:

> **repeat** { corpo del ciclo }

- Se si utilizza questa struttura di iterazione, la terminazione della ripetizione del ciclo deve essere espressamente indicata all'interno delle istruzioni che costituiscono il corpo del ciclo.
- Il comando break può essere usato per uscire dal ciclo in cui questa istruzione è racchiusa ed è il solo modo per terminare un ciclo con repeat.

```
> fact3<-function(x){  
+ f<-1  
+ y<-x  
+ repeat{  
+ if(y<2) break  
+ f<-f*y  
+ y<-y-1}  
+ return(f)  
+ }  
>  
> sapply(0:6, fact3)  
[1] 1 1 2 6 24 120 720
```

- R passa l'intera copia dell'oggetto alle funzioni invece di passare un riferimento all'oggetto, come accade in altri linguaggi di programmazione.
- In R è quindi sconsigliata la programmazione di cicli iterativi tramite una qualsiasi istruzione che fa uso esplicito di cicli a causa della **lentezza** con cui le iterazioni vengono realizzate dal sistema dovuta alla sequenza di copie e assegnazioni ripetute un numero elevato di volte





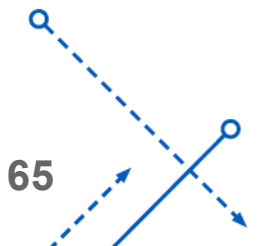
# CONTROLLO DEL FLUSSO IN R

- Quando è possibile, si consiglia l'uso di forme alternative per realizzare i cicli che si appoggiano su funzioni, messe a disposizione dal linguaggio R e che lavorano vettorialmente.
- Ad esempio per calcolare  $x!$  per  $x = 1, 2, \dots, 6$  basta utilizzare la funzione prodotto cumulativo **cumprod()** nel seguente modo:

```
> cumprod(1:6)
[1] 1 2 6 24 120 720
```

- Una funzione che calcola  $x!$  si può quindi così scrivere:

```
> fact4<-function(x) max( cumprod(1:x) )
>
> sapply(0:6,fact4)
[1] 1 1 2 6 24 120 720
```





# STATISTICA E ANALISI DEI DATI

Capitolo 1.14 – Script, Output e Directory

---

Dott. Stefano Cirillo  
Dott. Luigi Di Biasi

a.a. 2025-2026

# SCRIPTING

---

## Definizione di nuovi script

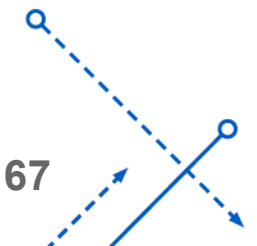
Spesso potrebbe essere necessario scrivere procedure, funzioni e insiemi di comandi (o magari interi pacchetti o software) progettati dall'utente da utilizzare in diverse sessioni di R (o da distribuire online):

Pensate, per esempio, ad una sperimentazione statistica con la quale avete appena fatto una nuova scoperta sorprendente e che volete proporre per la pubblicazione:

→ La sperimentazione dovrà essere riproducibile e di conseguenza l'uso di uno script può aiutarvi a fornire direttamente tutti i passaggi da eseguire ai vostri peer-review.

In **R**, **A tal fine è necessario inserire queste procedure in un file di testo:**

- Nel menù è presente una voce che permette di aprire una finestra in cui scrivere le procedure che si desiderano.



# SCRIPTING

## Come salvare e ricaricare uno script

- Supponiamo che abbiate scoperto come calcolare il fattoriale in R:

```
> # funzione per il calcolo dei fattoriali  
> fact4<-function(x) max( cumprod(1:x) )
```

- A questo punto, volete rendere disponibile il vostro lavoro ad altre persone.
- Per fare ciò, è sufficiente salvare tale file con un nome (ad esempio *nuoveScoperte.R*) nella directory corrente dell'utente.
- Un altro sviluppatore potrà utilizzare le vostre funzioni semplicemente installando il vostro pacchetto (*nuoveScoperte.R*) nella sua working directory e caricarlo in memoria utilizzando la funzione **source()**.

```
> source("funzioniNuove.R")  
> sapply(1 : 6, fact4)  
[1] 1 2 6 24 120 720
```



# SCRIPTING

## Memorizzare l'output di una sessione

- **Attenzione** a non confondere con l'output di una sessione con il contenuto del vostro workspace (gli oggetti)
- Alcune volte si rende necessario poter memorizzare l'output di una sessione di R utilizzando la funzione `sink(nomefile.R)`

- Ad esempio, la sequenza di comandi

```
sink("outputFunzioniNuove.R")  
fact4 <- function(x) max( cumprod(1:x) )  
sapply(1 : 8, fact4)  
sink()
```

- Crea un file `outputFunzioniNuove.R` nella directory corrente dell'utente in cui è inserito il testo

```
[1] 1 2 6 24 120 720 5040 40320
```

che può essere successivamente visualizzato.

- La funzione `sink()` serve per chiudere il file di output.



# L'AMBIENTE INTEGRATO R

---

## Output di sessione e Cronologia dei comandi (History)

- Il menù consente di salvare l'area di lavoro su un file di testo `outputSessione.history` contenente l'intero elenco dei comandi utilizzati in una sessione e che può essere di aiuto nella creazione degli script.
- Da un file `outputSessione.history` è anche possibile caricare le istruzioni, che potranno essere richiamate dalla console di R.
- In generale la directory può essere differente da quella in cui si trova l'eseguibile di R.
- È possibile verificare la directory corrente di lavoro attraverso la funzione `getwd()` e visionarne il contenuto attraverso la funzione `dir()` che mostra i nomi dei file e delle directory contenute all'interno della directory corrente.
- Poiché spesso si utilizzano differenti directory di lavoro, per spostarsi da una directory all'altra si utilizzano i comandi.

```
> wd < - "C : \\Magistrale\\SAD\\ProgettoSAD"
```

```
> setwd(wd)
```



# L'AMBIENTE INTEGRATO R

## Importazione di dati in R

Quando eseguiamo analisi statistiche ad un certo punto avremo la necessità di importare dati che potrebbero essere resi disponibili in file creati da un qualsiasi altro programma.

In **R**, è disponibile la funzione `read.table()` che permette di:

- leggere dati tabulari da file di testo, come file CSV (Comma-Separated Values), TSV (Tab-Separated Values)
- Importare dati da file di testo che contengono **dati organizzati in righe e colonne**.
- La funzione `readtable` è definita come: `read.table(file, header = FALSE, sep = "", ...)`:
  - `file`: il percorso del file che si vuole leggere. Può essere un file locale o una URL.
  - `header`: un valore logico (TRUE o FALSE) che indica se la prima riga del file contiene i nomi delle colonne. Se `header = TRUE`, la prima riga sarà trattata come i nomi delle colonne. Il valore predefinito è FALSE.
  - `sep`: il separatore tra i valori all'interno del file. Ad esempio: `sep = ","` per file CSV (valori separati da virgola), `sep = "\t"` per file TSV (valori separati da tabulazione), Se i valori sono separati da spazi o altri caratteri, si specifica il separatore appropriato.

# L'AMBIENTE INTEGRATO R

## Importazione di dati in R

- La funzione `readtable` è definita come: `read.table(file, header = FALSE, sep = "", ...)`:
  - **file** è il percorso del file che si vuole leggere. Può essere un file locale o una URL;
  - **header** è un valore logico (TRUE o FALSE) che indica se la prima riga del file contiene i nomi delle colonne. Se `header = TRUE`, la prima riga sarà trattata come i nomi delle colonne. Il valore predefinito è FALSE;
  - **sep** è il separatore tra i valori all'interno del file (, = CSV) (\t = TSV).
  - **stringsAsFactors**: se TRUE (sconsigliato) importa i dati di tipo carattere e li converte automaticamente in fattori (categorici).
  - **colClasses**: permette di specificare le classi dei dati per ogni colonna, utile per migliorare l'efficienza del caricamento quando si conoscono in anticipo i tipi di dati.
  - **nrows**: indica quante righe leggere dal file. Utile per leggere solo una parte del file.

**Attenzione a sep!** Se i valori sono separati da spazi o altri caratteri, è necessario specificare il separatore appropriato.



# L'AMBIENTE INTEGRATO R

## Importazione di dati in R /2

- Se la prima riga del file contiene l'intestazione delle variabili, allora `read.table()` interpreterà la prima riga del file come una riga in cui sono contenuti i nomi delle variabili, assegnando ciascun nome alle variabili (colonne) del data frame.
- Un esempio:

```
tabella <- read.table(file = "Tabella.txt", header = TRUE, sep = " ", na.strings = "NA", dec = ".")
```

L'argomento `header = TRUE` specifica che nella prima riga del file `Tabella.txt` sono contenuti i nomi delle variabili.

L'argomento `sep = " "` indica che i diversi campi sono separati da uno spazio.

Inoltre l'argomento `na.strings = "NA"` è utile se nel file importato sono presenti valori mancanti individuati da `NA` ed infine l'argomento `dec = "."` specifica il tipo di carattere utilizzato nel file per separare i numeri decimali.

# L'AMBIENTE INTEGRATO R

---

## Importazione di dati in R /2

- Dopo l'importazione tramite `read.table` è possibile trasformare la tabella in una matrice attraverso l'istruzione:

```
dataMatrix <- as.matrix(tabella)
```

- Su questa matrice dei dati si può successivamente iniziare ad operare utilizzando il linguaggio R.



# DOMANDE?

