

INTRODUZIONE AD R

Marzo 2019

Organizzazione del corso

Organizzato in 2 parti:

- 1. Introduzione ad R
 - Presentazione del SW e delle principali funzionalità
 - Strutture dati e strutture di controllo
 - Semplici funzioni e grafici di base
- 2. Utilizzo di alcuni pacchetti in Rstudio integrati nell'ambiente *tidyverse*

Organizzazione del corso

- Si parte dalle basi, vedendo alcune delle best practices ...
- Si alterneranno parti teoriche ad esercitazioni pratiche
- Enfasi su utilizzo dell'help e delle risorse disponibili online (tipicamente gratis)
- Esercizio finale per verificare le competenze
- Alcune slide, con uno sfondo bianco, presentano alcuni approfondimenti ai temi trattati in questa introduzione. Sono utili soprattutto in fase di rilettura del materiale.

Organizzazione del corso

Il calendario degli incontri è il seguente:

- venerdì 1 marzo dalle 14:00 alle 18:00
- mercoledì 6 marzo dalle 14:00 alle 18:00
- mercoledì 13 marzo dalle 14:00 alle 18:00
- venerdì 15 marzo dalle 14:00 alle 18:00
- mercoledì 20 marzo dalle 14:00 alle 18:00
- Approfondimento tematico: venerdì 22 marzo dalle 14:00 alle 18:00

Ogni lezione sarà divisa in due o tre parti separate da un coffe break.

R

E' un insieme integrato di risorse SW per la manipolazione dei dati, il calcolo e la visualizzazione di grafici.

Perché dovremmo utilizzare R?

- efficace manipolazione e memorizzazione dei dati;
- ampia, coerente e integrata raccolta di strumenti per l'analisi intermedia dei dati;
- risorse grafiche per l'analisi dei dati;
- ben sviluppato, semplice linguaggio di programmazione;
- la community è molto ampia (#rstats su twitter), variegata ed esistono tantissimi gruppi (es: milanoR) e conferenze (useR);
- cutting edge tools: tipicamente un nuovo lavoro/metodologia viene presentato assieme ad un pacchetto R da usare per replicare le analisi.

5

R

Perché non dovremmo utilizzare R?

- Esistono numerose particolarità ed eccezioni che è necessario ricordare.
- Anche le funzioni di base hanno una struttura spesso inconsistente.
- Tipicamente, essendo utilizzato da statistici e non da informatici, le cosiddette best practices vengono ignorate.
- Uno script R può rivelarsi molto più lento del suo equivalente in C++, python, Julia o simili.

R

R è un dialetto di S, sviluppato da John Chambers e collaboratori presso i Bell Labs a partire dal 1976, nel 1988 viene riscritto interamente in C.

John Chambers ebbe ad affermare:

Volevamo che gli utenti fossero in grado di iniziare con un ambiente interattivo, dove non fossero consci del fatto che stavano programmando. Quando i bisogni fossero diventati chiari ed il livello di capacità aumentato si doveva fornire loro una transizione graduale verso la programmazione, proprio dove linguaggio e aspetti sistemici dovrebbero diventare più rilevanti.

Storia

1991: creato in Nuova Zelanda da Ross Ihaka e Robert Gentleman.

1993: annuncio pubblico

1995: adozione di licenza GNU General Public (R software libero)

••••

••••

2000: rilascio versione 1.0.0

....

2018: rilascio versione 3.5.2 (20/12/2018)

2019: la versione 3.5.3 dovrebbe essere resa disponibile l'11 Marzo.

Caratteristiche

- Funziona su tutte le piattaforme computazionali e sistemi operativi
- Release molto frequenti, (annuali + bug fixing release); sviluppo attivo.
- Abbastanza "pulito", da quando è stato reso disponibile; funzionalità suddivise in packages modulari
- Funzionalità grafiche molto sofisticate, migliori di moltri altri software
- Utile per lavorare in modalità interattiva, rende disponibile un linguaggio di programmazione potente per sviluppare nuovi tool (es: shiny, plumber)
- Comunità di utilizzatori molto attiva

Caratteristiche

È gratis ed Open Source per cui si ha garantita la libertà di:

- eseguire il programma, con qualsiasi finalità (livello 0).
- studiare come il programma funziona, adattandolo alle proprie esigenze (livello 1). Accedere al codice sorgente è precondizione per questo.
- ridistribuire copie per aiutare i "vicini" (livello 2).
- migliorare il programma, renderli pubblicamente disponibili in modo che l'intera comunità ne benefici (livello 3). Accedere al codice sorgente è precondizione per questo.

http://www.fsf.org

Design del Sistema R

Suddiviso in due parti concettuali

- 1. Sistema base, scaricabile da CRAN
- 2. Resto del mondo
- Funzionalità suddivise in **packages** (insieme di funzioni, dati e codice compilato in un formato ben definto).
- Sistema base contiene i package base richiesti per far girare R e contenente le funzioni fondamentali
- Alcuni packages contenuti nel sistema base sono utils, stats, datasets, graphics, grDevices, grid, methods, tools, parallel, compiler, splines, tcltk, stats4.

Design del Sistema R

Moltissimi altri package disponibili pubblicamente. Più di 13,000 packages su CRAN sviluppati da utenti e programmatori sparsi nel mondo.

Parecchi packages associati al progetto di ricerca Bioconductor: un progetto software internazionale il cui obiettivo consiste nel fornire strumenti software di alta qualità per attività professionali e di ricerca nell'ambito della bioinformatica

http://bioconductor.org

Un'altra piattaforma utilizzata molto spesso per condividere alcuni pacchetti R (soprattutto se al loro stato embrionale) è https://github.com/

Risorse R

Scaricare il SW: https://cran.r-project.org

Documentation: https://cran.r-project.org/manuals.html

- Introduzione ad R
- R Data Import/Export
- Scrivere estensioni di R
- Installazione ed amministrazione di R

R Project

https://www.r-project.org

Altre risorse

Lista di testi su CRAN

http://www.r-project.org/doc/bib/R-books.html

Libri:

"R in Action" - Kabacoff 2011

Hand on Programming with R: https://rstudio-education.github.io/hopr/

"The R Software – Fundamentals of Programming and Statistical Analysis" – Lafaye de Micheaux, Pierre Drouhillet, Rèmy Liquet Benoit

"The R Inferno": https://www.burns-stat.com/pages/Tutor/R_inferno.pdf

Altre risorse

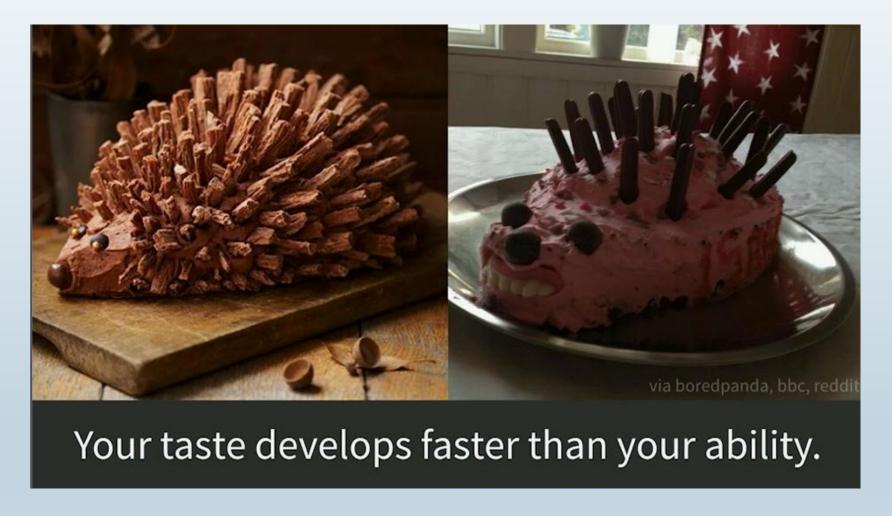
Esistono numerosissimi corsi R online disponibili su piattaforme come Coursera o DataCamp. Inoltre:

- Chromebook Data Science:
 - https://jhudatascience.org/chromebookdatascience/
- R fot Data Science: https://r4ds.had.co.nz/ (dedicato a tidyverse).
- Advanced R: https://adv-r.hadley.nz/ (disponibile tra qualche mese/anno)

Altre risorse

- Se utilizzate Rstudio esistono numerosi Cheatsheet che illustrano le principali funzionalità di alcuni pacchetti R:
 - https://www.rstudio.com/resources/cheatsheets/
- Se vi occupate di un particolare ambito scientifico ed utilizzate R
 esistono delle mailing list apposite per discutere di dubbi/problemi:
 https://www.r-project.org/mail.html
- Esistono numerosi (non tutti introduttivi):
 https://blog.rstudio.com/2019/02/06/rstudio-conf-2019-workshops/
- I talk dell'ultima RstudioConf 2019:
 https://resources.rstudio.com/rstudio-conf-2019

Come imparare ad usare R? Giocandoci!



Fonte: https://www.youtube.com/watch?v=7oyiPBjLAWY

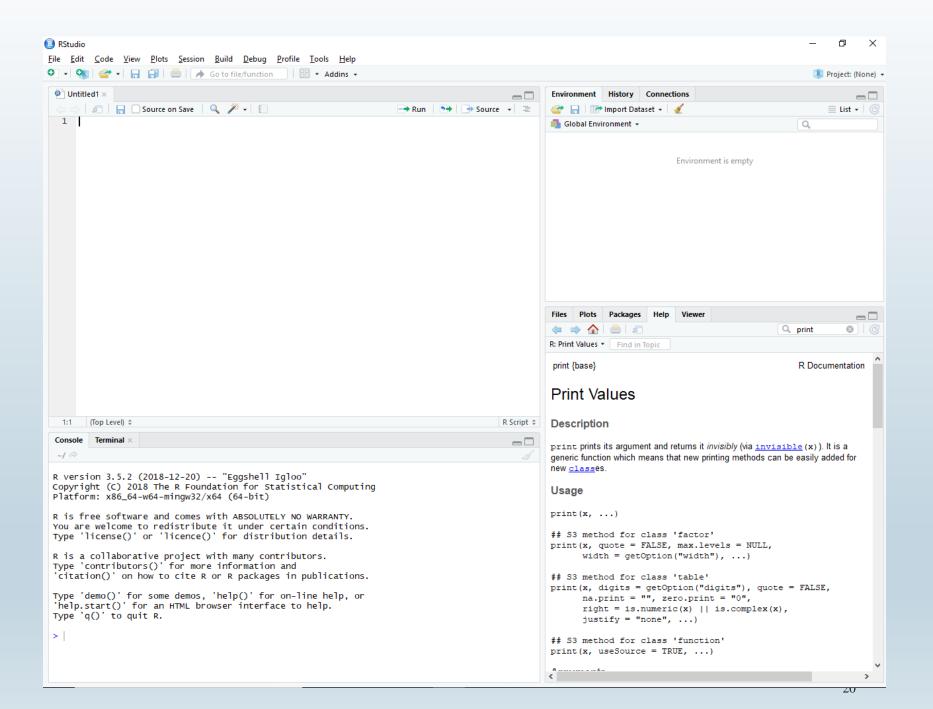
INTRODUZIONE AD R

Rstudio

Rstudio

RStudio is an integrated development environment, or IDE, for R programming. Download and install it from http://www.rstudio.com/download.

It's uploaded once or twice a year and you get a note if it's necessary.



INTRODUZIONE AD R

Concetti preliminari

R objects:

To understand computations in R, two slogans are helpful:

- 1. Everything that exists is an object.
- 2. Everything that happens is a function call.

(John Chambers)

Help...

E' fondamentale conoscerne l'utilizzo:

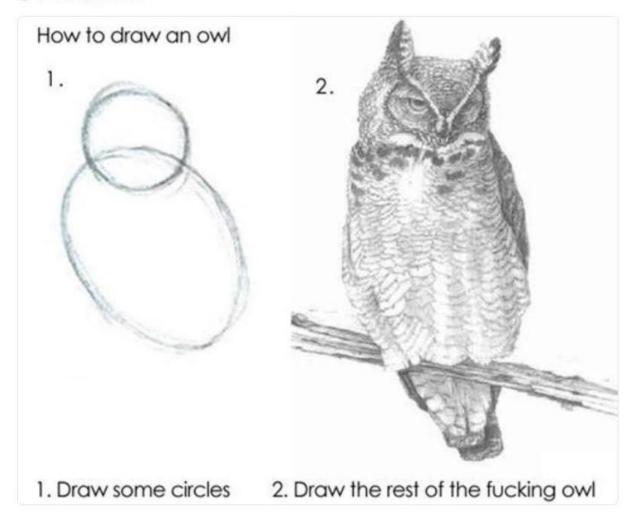
- help.start() # formato HTML
- help(mean) # permette di ottenere l'help di una specifica funzione
- ?mean # in alternativa
- help("for") # tra doppi o singoli apici per le parole riservate e per i caratteri speciali (es: TRUE, FALSE, NA,...)
- help.search("mean") # cerca la stringa mean in tutta la documentazione
- ??mean # in alternativa al precedente comando
- ?help # per ulteriori dettagli

?print



Andrew Hall @andrewhall_NU · 14 Std. Reading R help documentation.

Tweet übersetzen



Help me Help you

E' possibile che, anche leggendo l'help, non si capisca come utilizzare una particolare funzione o comando. Che fare?

- https://stackoverflow.com/
- https://guides.github.com/features/issues/

In questi casi è fondamentale creare un esempio semplice e riproducibile che illustri il problema ed aiuti chi ci vorrebbe rispondere.



Approfondimento: https://reprex.tidyverse.org/

Workspace

- getwd() #working directory
- setwd("mydirectory") #cambiare la working directory esempio in Windows ("c:\\CorsoR")
- Is() #lista degli oggetti presenti nel workspace
- rm(myobject) #cancella uno o più oggetti
- rm(list=ls()) #per rimuovere tutti gli oggetti

Project Oriented Workflow

If the first line of your R script is

setwd("C:\Users\jenny\path\that\only\I\have")

I* will come into your office and SET YOUR COMPUTER ON FIRE ...

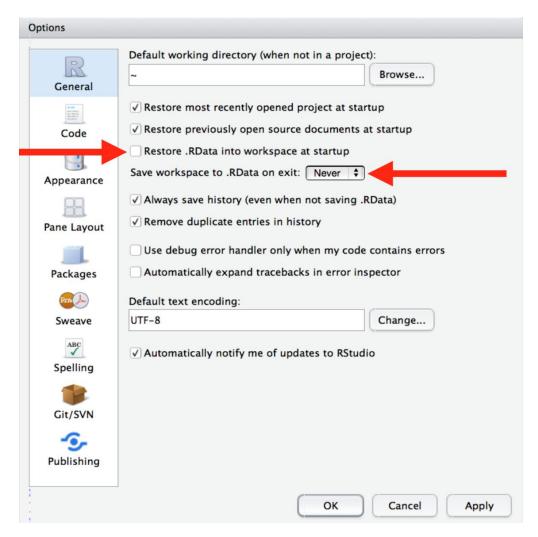
* or maybe Timothée Poisot will

27

Approfondimento:

https://www.tidyverse.org/articles/2017/12/workflow-vs-script/

Project Oriented Workflow



Approfondimento: https://r4ds.had.co.nz/workflow-projects.html

Packages

library() #packages installati nella libreria .libpath()

Molti dei pacchetti R sviluppati dagli utenti vengono salvati su di un server chiamato CRAN: Comprehensive R Archive Network.

install.packages("nome package") #installare un pacchetto dal CRAN

Potete anche utilizzare l'interfaccia proposta da Rstudio.

 library(nome package) #caricare pacchetto. Restituisce un errore se non è presente in .libpath()

Packages - Esercizio

Proviamo ad installare dal CRAN il pacchetto dplyr.

I pacchetti R ancora in fase di sviluppo o in beta-testing vengono solitamente salvati su github. Per installare un pacchetto da github possiamo usare la funzione

install_github(«nome repository/nome pacchetto»)

E' necessario avere il pacchetto *devtools* (scaricabile dal CRAN) e potrebbe essere necessario anche il software *Rtools* scaricabile da https://cran.r-project.org/bin/windows/Rtools/.

 Proviamo ad installare da github il pacchetto trump scaricabile da https://github.com/romainfrancois/trump

library vs require

E' possibile utilizzare entrambe le funzioni per caricare un pacchetto R ma non fanno la stessa cosa.

In linea di principio dovreste sempre preferire *library*, utilizzando require solo se strettamente necessario.

Approfondimento:

- https://yihui.name/en/2014/07/library-vs-require/
- https://stackoverflow.com/questions/5595512/what-is-thedifference-between-require-and-library

Packages - Demo e vignette

E' possibile che, ad un dato pacchetto R, siano associate una o più vignette che illustrano come utilizzare alcune funzioni.

Con il comando *vignette(package = «nome_pacchetto»)* è possibile ottenere una lista di tutte le vignette associate ad un pacchetto. Per visualizzarla utilizzo nuovamente la funzione:

vignette(topic = «nome_topic», package = «nome_pacchetto»)

Alcuni pacchetti possono avere anche delle demo, visualizzabili in maniera analoga alle vignette con la funzione demo().

Data

- data(package='nome package') #mostra la lista dei dataset presenti in un particolare pacchetto
- data() #lista dataset presenti nei pacchetti caricati
- data(nome dataset) #caricare dataset presente nella versione base di R

Proviamo a visualizzare i dataset presenti nel pacchetto *cluster* ed a caricarne uno.

NB: Esiste anche un pacchetto R chiamato datasets che contiene numerosi datasets da usare per esercizio.

Esercizio

- Verificare di non avere già installato il package vcd
- Installare il package vcd (in ogni caso).
- Caricare il package vcd
- Listare i dataset presenti nel pacchetto vcd e caricarne almeno uno.
- Leggere l'help della funzione «mosaic»
- Caricare una delle possibili vignette
- Eseguire una delle demo.

INTRODUZIONE AD R

Tipi di Dati e Comandi di base

Prima di cominciare ...

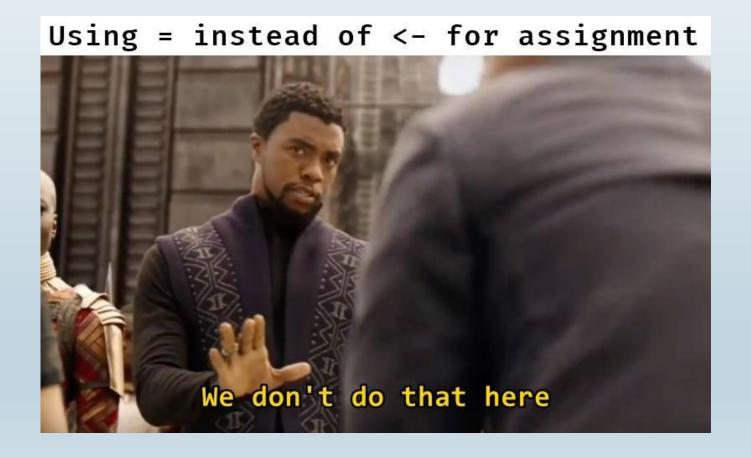
- R differenzia tra minuscole e maiuscole (in gergo si dice essere case sensitive)
- # indica un commento. Potete usare «CTRL + Shift + C» per commentare tutto un blocco di codice.

Se utilizzate Rstudio potete usare «Alt + Shift + K» per vedere tutte le scorciatoie utilizzabili.

NB: E' **MOLTO** importante che voi commentiate il codice, descrivendo cosa una certa funzione fa e perché avete scelto di usarla. Serve a tutte le altre persone che dovranno leggere il vostro codice ma soprattutto a voi stessi quando andrete a rileggerlo dopo tanti mesi.

Prima di cominciare ...

<- è il simbolo di assegnazione (anche ->). Utilizzando Rstudio è possibile utilizzare la scorciatoia «Alt + -».



Prima di cominciare ... (Names style guide)

"There are only two hard things in Computer Science: cache invalidation and naming things."

-- Phil Karlton

Quando dovete decidere il nome da assegnare ad un oggetto dovreste rispettare alcune regole di base:

- 1. Usare solamente lettere in minuscolo e numeri.
- 2. Utilizzare gli underscore, _ , per separare diverse parole che compongono il nome di un oggetto (es: model_one).
- 3. Evitate nomi che potrebbero generare ambiguità.
- 4. Utilizzare una spaziatura adeguata; es: x <- 2 è meglio che x<-2.

Approfondimento: https://style.tidyverse.org/syntax.html

Prima di cominciare ... (Names style guide)

When you try to choose a meaningful variable name.



Prima di cominciare ... (Reserved Words)

Non tutte le parole possono essere utilizzate come nomi di oggetti. Esistono infatti alcune parole riservate come for, while e if che non possono essere rinominate ed identificano precisi comandi.

E' possibile leggerne l'elenco completo digitando il comando ?Reserved.

Prima di cominciare ... (Mathematic)

- Operazioni semplici: +, -, *, /, ^, %% (divisione intera tra due numeri), %% (resto della divisione intera)
- Operatori relazionali (ritornano TRUE o FALSE): >, <, >=, <=,<=,
- Operatori logici: !, & (AND), | (OR)
- Il logaritmo di un numero viene calcolato con la funzione *log*, il fattoriale con la funzione *factorial*, la radice quadrata con la funzione *sqrt*, il seno, il coseno e la tangente con le funzioni *sin*, cos e *tan*.

Input

E' possibile usare R anche come una calcolatrice utilizzando le funzioni appena viste:

- 3 * 2; exp(3); log(10); sin(pi); sqrt(4)
- x <- 1
- y <- 2
- z <- x + y; z

Esercizio

La formula per calcolare il BMI (Indice di Massa Corporea) per una persona è

 $BMI = Peso(kg) / Altezza(m)^2$

- Definire una variabile, chiamata peso, ed assegnargli il valore 95
- Definire una variabile, chiamata altezza, ed assegnargli il valore 1,80.
- Calcolare il BMI per quella persona.

ATTENZIONE ALL'ORDINE DELLE OPERAZIONI MATEMATICHE!

Oggetti

E' possibile usare R anche come una calcolatrice utilizzando le funzioni appena viste. Ad esempio:

- 3 * 2; exp(3); log(10); sin(pi); sqrt(4)
- x <- 1
- y <- 2
- z <- x + y; z

Oggetti

R ha 5 classi di oggetti base

- character
- •numeric che si divide in double e integers
- complex
- •logical (TRUE/FALSE) or boolean

typeof(msg) # mostra come un oggetto viene memorizzato

Numeri

Generalmente trattati come oggetti di tipo numeric (i.e. double precision real numbers). Se si desidera un intero si deve specificarlo tramite il suffisso L.

- *Inf*, numero speciale che rappresenta infinito; 1/0; *Inf* utilizzato computazioni ordinarie; 1/Inf è uguale a 0. Esiste anche –Inf, es: log(0).
- NaN, rappresenta un valore indefinito (Not A Number) (rappresentato come double); 0/0
- **NA**, valore mancante

3 * NA # restituisce NA

NA == NA # restituisce NA

Esistono tuttavia alcune eccezioni: NA | TRUE, NA & FALSE

Warning – Finite Precision Arithmetic

Un errore molto comune è il seguente:

- x <- sqrt(2)
- $\chi * \chi == 2$

La precedente espressione restituirà TRUE o FALSE?

Approfondimento: https://cran.r-project.org/doc/FAQ/R-FAQ.html#Why-doesn_0027t-R-think-these-numbers-are-equal_003f

Warning – Finite Precision Arithmetic

Un errore molto comune è il seguente:

- $x < -exp(10 ^5000)$
- X

Cosa restituirà la precedente espressione?

Approfondimento: https://cran.r-project.org/doc/FAQ/R-FAQ.html#Why-doesn_0027t-R-think-these-numbers-are-equal_003f

Altre semplici funzioni - sequenze

- x <- 1:20 #crea una sequenza di numeri interi
- X

[1] 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 [16] 16 17 18 19 20

- seq(1, 100, length.out = 10) #crea una sequenza di 10 numeri con valore minimo pari a 1 e valore massimo pari a 100
- seq(1, 100, by = 5) #crea una sequenza da 1 a 100 con incremento 5
- rep(2, times = 10) #numero 2 ripetuto 10 volte
- rep(1:5, each = 5) #ripete ogni elemento 5 volte
- rep(1:5, length.out = 12) # resituisce un vettore di lunghezza 12 ripetendo i valori se necessario

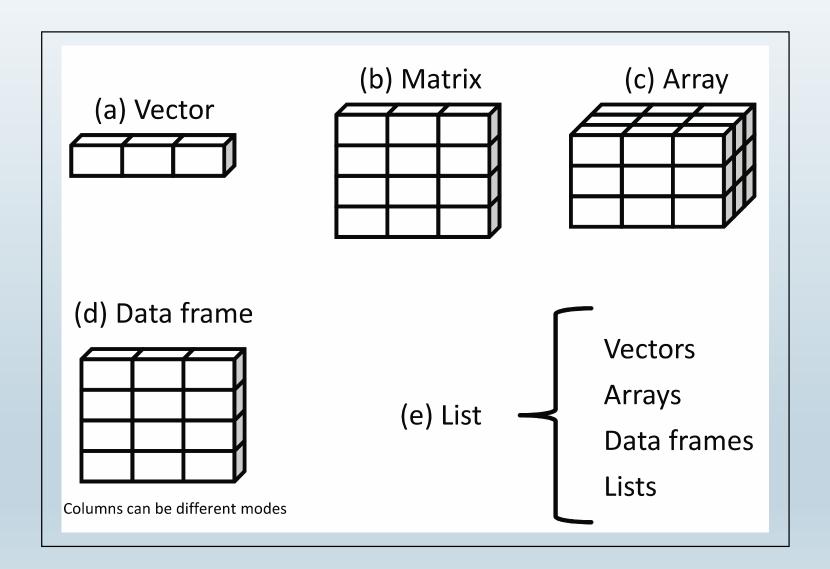
Esercizio

- 1. Moltiplicare 130 per 4.63
- 2. Impostare la funzione logica seconda la quale si chiede ad R se 5 è diverso da 3
- 3. Creare una variabile zz contenente la stringa Word
- 4. Generare una sequenza di valori che va da 0 a 1 con passo 0.1
- 5. Generare un sequenza di valori 0.1 lunga 20
- 6. Scrivere il comando per generare la sequenza: 000111222333
- 7. Creare una sequenza da 30 a 70 di 5 numeri
- 8. Valutare (a mente se possibile) la seguente espressione:

INTRODUZIONE AD R

Strutture Dati

Strutture Dati



E' una "sequenza ordinata" di oggetti dello stesso tipo. La funzione **c()** (dove c è l'iniziale di collection o concatenation) può essere usata per creare vettori di oggetti

- x <- c(0.5, 0.6) # # double
- x <- c(1L, 2L) ## integer
- x <- c(TRUE, FALSE) ## logical
- x <- c("a", "b", "c") ## character
- *x* <- 9:29 ## integer

Per creare un vettore vuoto di lunghezza n posso utilizzare la funzione numeric() a cui devo però specificare il tipo di vettore che voglio creare

x <- vector("numeric", length = 10); x

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

Operatore [] per fare subsetting

• vt <- c(1,2,3,4.5,-6) #costruzione di vettore di cinque elementi

NB: R comincia a contare gli elementi di un vettore dalla posizione 1!!!

• vt[2] #visualizza il secondo elemento del vettore

[1] 2

• vt[3:5] #visualizza dal terzo al quinto elemento

• vt[c(1,3)] #visualizza il primo e il terzo

[1] 1 3

• vt[-c(1,3)] #non visualizza il primo e il terzo

Selezionare elementi:

- which(vt > 1) #ritorna indice del vettore che soddisfa la condizione
 [1] 2 3 4
- vt[which(vt > 1)] #estrapolo gli elementi[1] 2.0 3.0 4.5
- vt[vt>0] #visualizza gli elementi maggiori di 0
 [1] 1.0 2.0 3.0 4.5

Le operazioni sui vettori (o su matrici o su array) sono eseguite su ogni elemento contenuto nel vettore (o matrice o array)

 vt * 2 #moltiplica ogni elemento per 2 [1] 2 4 6 9-12

Qualsiasi tipologia di selezione (o qualunque tipo di operazione) che si fa su un vettore ritorna un vettore

- y <- c(vt, 1, vt)
- [1] 1.0 2.0 3.0 4.5 -6.0 1.0 1.0 2.0 3.0 4.5 -6.0

Strutture Dati: Vettori (recycling)

Cosa accade quando si effettuano operazioni su vettori di lunghezza diversa?

 r <- vt + y + 1 #genera un vettore di lunghezza pari al vettore più lungo

Warning message:In vt + y : longer object length is not a multiple of shorter object length

```
• r [1] 3.0 5.0 7.0 10.0 -11.0 3.0 4.0 6.0 8.5 -0.5 -4.0
```

Strutture Dati: Vettori (Conversion)

Cosa accade se si scrive quanto sotto riportato?

- y <- c(1.7, "a") ## character
- y <- c(TRUE, 2) ## numeric
- y <- c("a", TRUE) ## character

Quando oggetti di tipo diverso vengono mescolati in un unico vettore, la coercizione (conversione) viene applicata, ogni elemento appartenente al vettore diviene della stessa classe. In che ordine?

logical < integer < double < character

Gli oggetti possono essere esplicitamente sottoposti a coercizione da una classe ad altra classe utilizzando la funzione **as.*** se disponibile.

- x <- 0:6; class(x)
- [1] "integer"
- as.numeric(x)

[1] 0 1 2 3 4 5 6

- as.logical(x)
- [1] FALSE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
- as.character(x)
- [1] "0" "1" "2" "3" "4" "5" "6"

Un'operazione di coercizione che non sia opportunamente definita porta ad ottenere come risultato NAs.

- x <- c("a", "b", "c")
- as.numeric(x)

[1] NA NA NA

Warning message:

NAs introduced by coercion

• as.logical(x)

[1] NA NA NA

Nota: per determinare di che tipo è un oggetto usiamo is.*:

is.character(x)

[1] TRUE

Attribuire un nome agli elementi del vettore

- voti < c(5,7,6,7)
- names(voti) <- c("matematica","latino","storia","inglese")
- voti["latino"]
- voti[c("latino","storia")]

Alcune funzioni utili

• length(vt) #numero di elementi

[1] 5

• **sort**(vt) #ordinamento crescente

• sort(vt, decreasing = TRUE) #ordinamento decrescente

• **sum**(vt);

• prod(vt)

Alcune funzioni statistiche utili

- min(vt) #minino
- max(vt) #massimo
- mean(vt) #media
- var(vt) #varianza
- sd(vt) #deviazione standard
- range(vt) #valore minimo e valore massimo
- summary(vt) #principali statistiche di sintesi

Lavorare con gli NA

- NA > 5
- [1] NA
- 10 == NA
- [1] NA
- NA + 10; NA / 2
- [1] NA; NA
- NA == NA
- [1] NA

Alcune funzioni utili: lavorare con gli NA

- vt <- c(NA, 1, 2, 3, 4.5, -6, NA)
- is.na(vt) #indica la presenza di NA

[1] TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE TRUE

- sum(na.omit(vt)) #rimuove i missing e calcola la somma
 [1] 4.5
- sum(vt[!is.na(vt)]) #stesso risultato del comando precedente

Esercizio

- 1. Pulire il proprio Environment riavviando R.
- 2. Creare un vettore x contenente i 6 valori 10, 7, 8, NA, 3, 4.
- 3. Verificare se nel vettore *x* sono presenti valori mancanti.
- 4. Verificare se nel vettore *x* è presente qualche elemento superiore a 4.
- 5. Calcolare la lunghezza del vettore *x*.
- 6. Calcolare la somma e la media del vettore x.
- 7. Ripetere l'esercizio al punto precedente escludendo il valore ad NA.
- 8. Cosa restituisce il comando x * 2? Ed $x ^ 2$? Ed $X ^ 2$?
- 9. Creare un vettore y formato dai numeri interi da 1 a 6 e calcolare x + y.
- 10. Creare un vettore z formato dai numeri interi da 1 a 10. Cosa restituisce il comando x + z?

Esercizio

- 11. Creare un vettore w formato dalle stringhe da «A» a «F». Cosa restituisce il comando x + w?
- 12. Creare un vettore v formato dalle stringhe da «1» a «6». Cosa restituisce il comando x + v?
- 13. Cosa restituisce il comando

 TRUE + FALSE + TRUE * FALSE FALSE^TRUE
- 14. Completare lo script in maniera opportuna in modo da ottenere come output: FALSE TRUE TRUE y <- (TRUE, FALSE, FALSE); y

Le matrici possono essere viste come una generalizzazione dei vettori in due dimensioni. Come per i vettori, tutti gli elementi di una matrice devono essere dello tesso tipo.

- x <- matrix(1:12, nrow = 4, ncol = 3);
- x
 [,1] [,2] [,3]
 [1,] 1 5 9
 [2,] 2 6 10
 [3,] 3 7 11
 [4,] 4 8 12

Come si vede dall'esempio le matrici vengono riempite per colonna. Possiamo modificare questo comportamento specificando l'opzione byrow = TRUE dentro la funzione matrix().

• $x \leftarrow matrix(1:12, nrow = 4, ncol = 3, byrow = TRUE); x$

Possiamo ricavare le dimensioni di una matrice (cioè il numero di righe e di colonne) utilizzando la funzione dim().

dim(x)[1] 4 3

Il primo numero rappresenta il numero di righe ed il secondo il numero di colonne

Possiamo estrarre gli elementi di una matrice in posizione *i, j* nel seguente modo:

- x < -matrix(1:12, nrow = 4, ncol = 3);
- x
 [,1] [,2] [,3]
 [1,] 1 5 9
 [2,] 2 6 10
 [3,] 3 7 11
- [4,] 4 8 12
- x[2, 2][1] 6

Se lasciamo uno dei due indici mancanti allora possiamo estrarre la *i* esima righe o la *j* esima colonna

• x[1,]

[1] 1 5 9

• x[,3]

[1] 9 10 11 12

Il subsetting di una matrice restituisce un vettore. Possiamo modificare questo comportamento specificando l'opzione drop = FALSE dentro la funzione []:

```
    x[1, 2, drop = FALSE]
    [,1]
```

• x[1, , drop = FALSE]

Strutture Dati: Matrici

E' possibile attributire un nome alle righe/colonne di una matrice con la funzione dimnames().

- m <- matrix(1:4, nrow = 2, ncol = 2)
- **dimnames**(m) <- list(c("a", "b"), c("c", "d"))
- m

c d

a 13

b 2 4

Strutture Dati: Matrici

Esistono due diverse funzioni per calcolare il prodotto tra due matrici.

- x <- matrix(1:4, 2, 2); y <- matrix(rep(10, 4), 2, 2)
- x * y ## prodotto element-wise

[1,] 10 30

[2,] 20 40

x %*% y ## true matrix multiplication

[1,] 40 40

[2,] 60 60

x/y

Strutture Dati: Matrici

Alcune funzioni per il calcolo matriciale

- x + 5 somma 5 ad ogni elemento di x;
- t(x) calcola la trasposta di x;
- colSums(x) calcola la somma per colonna;
- rowSums(x) calcola la somma per riga;
- x[1,2] < -5 inserisce il valore 5 in posizione 1 e 2;
- x[1,] <- v inserisce il vettore v (di dimensioni opportune) nella prima riga della matrice.
- solve(x) calcola l'inversa di x;
- diag(n) crea una matrice con n righe ed n colonne avente tutti 1 sulla diagonale e 0 altrove.
- lower.tri(x) restituisce una matrice di TRUE/FALSE avente TRUE solo per gli elementi sotto la diagonale principali. upper.tri(x) funziona in maniera speculare.
- sum(diag(x)) calcola la traccia di una matrice e det(x) il suo determinante.

75

- 1. Pulire il proprio Environment riavviando R.
- 2. Creare a matrice **A** con i valori da 10 a 24 avente 5 righe e 3 colonne e valori inseriti per colonna e stamparla a schermo.
- 3. Calcolarne la somma per riga, per colonna, la trasposta e la traccia.
- 4. Sostituire la prima colonna di A definendo un nuovo vettore di dimensione opportuna.
- 5. Creare una nuova matrice chiamata **B** (di dimensione opportuna) e calcolare **A** * **B** e **A** %*% **B**.
- 6. Cosa restituisce il comando: matrix(c(1, 0, 0, 1), nrow = 2) * matrix(1:4, nrow = 2)

Strutture Dati: Liste

Le liste sono gli elementi più generali e flessibili di R perché possono contenere elementi di qualsiasi tipo (anche altre liste). Ad esempio

```
x <- list(1, 2, 3)</li>
class(x)
[1] «list»
x
[[1]]
[1] 1
[[2]]
[1] 2
```

[[3]] [1] 3

Strutture Dati: Liste

E' possibile anche dare un nome agli elementi dentro una lista:

• x <- list(a = "Andrea", b = "barca", c = "casa")

Per visualizzare la struttura delle liste (dato che il printing è tipicamente scomodo) possiamo usare la funzione str()

- x < -list(a = a, b = 5, c = 5L, TRUE, list(4, 5))
- X
- *str(x)*

Esistono tre modi per fare subsetting da una lista:

- 1. La funzione [che restituirà una sottolista. Il risultato sarà sempre quindi una lista
- La funzione [[che restituirà un elemento della lista, togliendo quindi un livello di complessità all'oggetto.
- 3. La funzione \$ che funziona analogamente ad [[solamente per liste con nomi.

Vediamo un esempio

- x <- list(a = 1:3, b = astring), <math>c = pi, d = list(-1, -5)
- str(x[1]) restituisce una sottolista contenente solo il primo elemento della lista.
- str(x[[1]]) restituisce il primo elemento della lista, cioè un vettore con i numeri da 1 a 3
- str(x\$b) funziona analogamente al caso precedente

Un esempio molto famoso (Fonte: https://r4ds.had.co.nz/vectors.html#lists).

Immaginatevi un contenitore (i.e. una lista) contenente delle bustine di pepe (gli elementi nella lista).



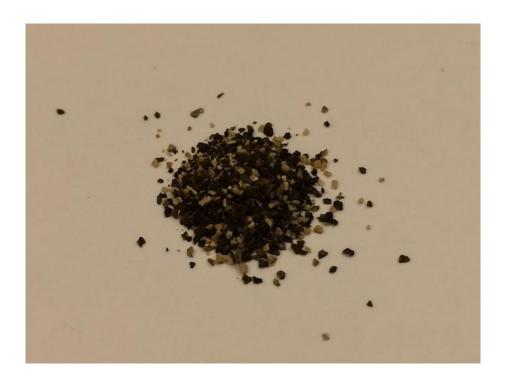
Se x rappresenta questo contenitore allora x[1] restituirà un contenitore con una singola bustina di pepe.



x[2] sarebbe esattamente analogo e così x[3] ecc. x[1:2] rappresenta un contenitore con due bustine di pepe. Invece x[[1]] è la singola bustina di pepe.



Possiamo ancora scendere un altro grado di complessità e, immaginando la bustina di pepe essa stessa come una lista, allora x[[1]][[1]] rappresenta il pepe dentro la bustina



Strutture Dati: Liste - Insertion

E' possibile aggiungere elementi ad una lista utilizzando il comando <-. Ad esempio

- x <- list(auto = c(«fiat», «ford»), citta = c(«Milano», «Roma»))
- x\$pianeti <- c(«mercurio», «venere», «terra»)
- x\$citta[3] <- «Torino»

- 1. Pulire il proprio Environment riavviando R.
- 2. Creare una lista composta da:
 - a) Una lista contenente la stringa «Prima Lista» con nome «Titolo»
 - b) Una sequenza di numeri da 13 a 25 con passo 0.33
 - c) Un vettori di valori TRUE e FALSE
 - d) Una stringa di testo
 - e) Una matrice di 5 righe contenente i primi 10 numeri pari
- 3. Estrarre il primo elemento della lista
- 4. Estrarre la prima riga della matrice
- 5. Cosa restituisce il comando
 - x < list(1, 2)
 - x[1,2]

INTRODUZIONE AD R

Strutture di Controllo

Strutture di controllo

Consentono di gestire il flusso di esecuzione dei programmi, dipendentemente dalle condizioni di runtime. Strutture comuni sono

- if, else: verifica una condizione
- for: esegue un loop per un dato numero di iterazioni
- while: esegue loop fino a che la condizione è vera
- repeat: esegue un loop all'infinito
- break: interrompe l'esecuzione di un loop
- next: salta un'iterazione di un loop

Molte strutture di controllo non vengono usate in modalità interattiva, ma piuttosto quando si scrivono funzioni o espressioni estese.

Un IF statement può essere utilizzato in due modi:

```
1. if (<condition>) do something
```

```
    if (<condition>)) {
        do something
        } else {
        do something else
        }
```

In altre parole la else non è obbligatoria.

E' possibile anche testare più condizioni:

```
if (<condition1>) {
    do something
    } else if (<condition1>) {
    do something else
    } else if (<condition3>) {
    do something else
    } else {
    do something else
    } else {
    do something else
    }
}
```

E' possibile fare assegnazioni sia dentro l'if che assegnare ad un oggetto un valore in base ad una condizione con if.

La condizione dentro l'IF deve sempre risultare TRUE o FALSE (pena un errore o un warning).

```
    if (c(TRUE, FALSE)) {}
    Warning message:
    In if (c(TRUE, FALSE)) { :
    the condition has length > 1 and only the first element will be used
```

if (NA) {}
 Error in if (NA): missing values when TRUE/FALSE are needed

Per valutare più condizioni si usano && e ||

• if (x > 10 && sqrt(x) > 5) {}

Dentro una *IF-condition* bisognerebbe sempre usare i comandi && ed || per effettuare dei test logici. && restituisce FALSE non appena una delle condizioni che vengono valutate è FALSE mentre || restituisce TRUE non appena una delle condizioni da valutare è TRUE.

E' possibile utilizzare le funzioni *any()* e *all()* per testare una condizione su tutti gli elementi di una struttura dati.

- x <- 1:10
- any(x > 5); all(x > 5)

Come già illustrato, bisogna fare attenzione quando si verificano condizioni di uguaglianza per valori di tipo numeric.

- 1. Pulire il proprio Environment riavviando R.
- 2. Si consideri la seguente struttura:

```
if (number < 10) {
        if (number < 5) {
            result <- «extra small»
        } else {
            result <- «small»
        }
} else if (number < 100) {
        result <- «medium»
} else {
        result <- «large»
}</pre>
```

Cosa succede se *number* è pari a 0? Se è pari a 10? Se è pari a 50? Se è pari a 1000? Se è pari a Inf? Se è pari a NA?

Completare il codice riportato di seguito (dove sono presenti i puntini) seguendo le istruzioni:

Se li e fb sono maggiori o uguali a 15, set sms uguale al doppio della somma di li and fb. Se sia li che fb are strettamente minori10, set sms uguale alla metà della somma di li e fb. In tutti gli altri casi, set sms uguale a li + fb.

Stampa a video il risultato di sms.

```
li <- 15
fb <- 9
if (.....) {
 sms <- 2 * (li + fb)
sms <- 0.5 * (li + fb)
} else {
sms <- .....
```

- 1. Pulire il proprio Environment riavviando R.
- 2. Si implementi una celebre *fizzbuzz* condition con la stessa struttura del codice presentato nel primo esercizio. Se number è divisibile per 3 allora il codice deve restituire la stringa «fizz»; se number è divisibile per 5 allora deve restituire la stringa «buzz»; se number è divisibile per 3 e per 5 allora deve restituire la stringa «fizzbuzz», altrimenti non deve restituire nulla.

Il for - loop del for accetta una variabile iterazione ed assegna ad essa valori successivi prelevati da una sequenza o da un vettore.

Comunemente utilizzato per iterare sugli elementi di un oggetto (lista, vettore, etc...)

```
for(i in 1:10) {
    print(i)
```

Questo loop prende la variabile "i" e ad ogni iterazione del loop assegna a tale variabile I valori 1, 2, 3, ..., 10, e poi esce dal loop.

I loop di seguito hanno lo stesso comportamento.

```
• x <- c("a", "b", "c", "d")
• for(i in 1:4) {
           print(x[i])
   for(i in seq_along(x)) {
           print(x[i])
NB: seq\_along(x) è come 1 : length(x)
   for(letter in x) {
           print(letter)
```

for(i in 1:4) print(x[i])

for loops possono essere innestati.

```
x <- matrix(1:6, 2, 3)

for(i in seq_len(nrow(x))) {
     for(j in seq_len(ncol(x))) {
          print(x[i, j])
     }
}</pre>
```

Nidificare oltre 2-3 livelli rende spesso il codice molto difficile da leggere ed analizzare.

Inizia controllando una condizione. Se la condizione è vera, il loop viene eseguito (corpo del loop). Eseguito il corpo del loop, la condizione viene nuovamente controllata, e via di seguito.

```
count <- 0
while(count < 10) {
    print(count)
    count <- count + 1
}</pre>
```

ATTENZIONE: potenziale loop infinito. Utilizzare con cura!

Strutture di controllo - REPEAT

Inizia un loop infinito; non utilizzato comunemente in applicazioni statistiche. L'unico modo di uscire è invocare break.

```
i <- 0
repeat {
          i <- i+1
          if(i == 2)
             print(i+i^10)
          else {
             print(i)
             if(i == 10)
          break
```

Strutture di controllo – NEXT

Next viene usato per saltare un'iterazione di un loop (va all'indice successivo)

- 1. Pulire il proprio Environment riavviando R.
- 2. Si utilizzi un ciclo per scrivere su R le lyrics della famosa canzone «99 Bottles of beer on the wall».

Dettagli: http://www.99-bottles-of-beer.net/

La canzone: https://www.youtube.com/watch?v=FITjBet3dio

My favourite version: https://www.youtube.com/watch?v=Z7bmyjxJuVY

E' sicuramente utile consultare l'help per le funzioni *print()* e *paste()*.

INTRODUZIONE AD R

Funzioni

Funzioni - Definizione

Su R è possibile creare delle nuove funzioni per automatizzare diverse operazioni sempre uguali. Il vantaggio di questo approccio è che il nostro codice sarà più semplice da leggere e meno prono ad errori.

```
Per creare una nuova funzione si utilizzano i seguenti comandi:
```

```
nome_nuova_funzione <- function(argomenti_funzione){</pre>
```

corpo della funzione

Funzioni - Definizione

Gli argomenti della funzione rappresentano tutti gli ingredienti di cui la funzione ha bisogno per eseguirsi. Il corpo della funzione sono tutte le istruzioni che essa deve svolgere.

Il valore restituito da una funzione è l'ultima espressione che viene valutata. Possiamo modificare questo comportamento utilizzando la funzione *return()*.

Funzioni - Esempio

Ad esempio: proviamo a scrivere una funzione che, dato un numero n, restituisce TRUE o FALSE se il numero è pari o dispari.

```
is_even <- function(n) {
    if (n %% 2 == 0) TRUE
    else FALSE
}</pre>
```

Funzioni - Esempio

Cosa succede se alla funzione passiamo n = 2.5?

```
is_even <- function(n) {
   if (n %% 1 != 0) stop("Non puoi calcolare pari/dispari per un valore non intero")
   if (n %% 2 == 0) TRUE
   else FALSE</pre>
```

La funzione **stop** interrompe l'esecuzione della funzione restituendo un errore. E cosa succede se gli passiamo una stringa di testo?

Funzioni - Style

Ci sono alcune cose da tenere a mente:

- Se possibile (io non ci riesco quasi mai...) il nome della funzione dovrebbe essere un verbo che descrive cosa quella funzione fa (es: riscala_valori, imputa_NA...)
- Evitate nella maniera più assoluta di sovrascrivere le funzioni di R già esistenti chiamandole allo stesso modo.

Funzioni – Esempio: La congettura di Collatz

Fonte: http://blog.ephorie.de/learning-r-the-collatz-conjecture

Approfondimento: https://www.youtube.com/watch?v=5mFpVDpKX70

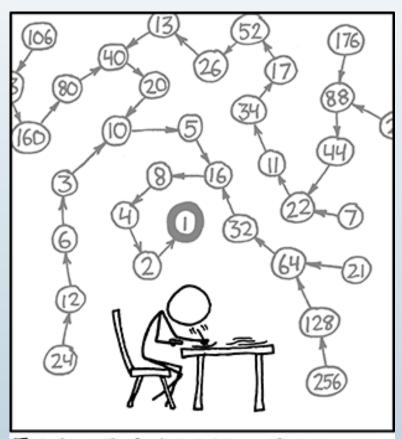
La congettura di Collatz afferma che, dato un qualsiasi numero naturale n, applicando il seguente algoritmo:

- 1. Se *n* è pari allora lo divido per 2
- 2. Se *n* è dispari allora lo moltiplico per 3 e sommo 1

allora la successione di elementi arriverà sempre ad 1.

Ad esempio, se n = 3, la successione risulta essere

Funzioni – Esempio: La congettura di Collatz



THE COLLATZ CONJECTURE STATES THAT IF YOU PICK A NUMBER, AND IF IT'S EVEN DIVIDE IT BY TWO AND IF IT'S ODD MULTIPLY IT BY THREE AND ADD ONE, AND YOU REPEAT THIS PROCEDURE LONG ENOUGH, EVENTUALLY YOUR FRIENDS WILL STOP CALLING TO SEE IF YOU WANT TO HANG OUT.

Funzioni – Esempio: La congettura di Collatz

Proviamo ad implementare tramite R una funzione che, dato un intero *n*, calcola la successione ottenuta applicando l'algoritmo della congettura di Collatz. Possiamo sfruttare la funzione *is_even* appena definita.

```
collatz_algorithm <- function(n) {
  if (n <= 0) stop("II numero deve essere strettamente positivo")
  if (is_even(n)) n / 2
  else 3 * n + 1
}</pre>
```

Funzioni - Esempio: La congettura di Collatz

Naturalmente noi non vogliamo semplicemente il generico elemento della successione, vogliamo tutta la successione. Possiamo risolvere il problema utilizzando un ciclo *while*:

```
collatz_conjecture <- function(n) {
    successione <- c(n) # creo un vettore vuoto dove salvare la successione
    # II primo elemento della successione è proprio n
    while(n != 1) {
        n <- collatz_algorithm(n)
        successione <- c(successione, n)
    }
    successione
}</pre>
```

Esercizio

- 1. Pulire il proprio Environment riavviando R.
- 2. Si implementi una funzione che, dato un vettore *x* di valori numerici tutti non-missing, restituisca un vettore contenente la media aritmetica e la varianza di *x*.
- 3. Si consideri il caso in cui il vettore *x* può contenere valori mancanti e si risolva il problema.
- 4. Si implementi una funzione che, dato un vettore *x* di valori numerici tutti maggiori di 0, ne calcoli la media geometrica

SUGGERIMENTO: https://it.wikipedia.org/wiki/Media (statistica)#Media geometrica

- 5. Si implementi una funzione con due parametri (chiamati *peso* ed *altezza*) che calcola il BMI di una persona.
- 6. Si ripeta l'esercizio sulle 99 Bottles of Beer on the wall creando una funzione che ripeta la canzone per un numero arbitrario di bottiglie

114

INTRODUZIONE AD R

Base Plot

R - Base plot

La prima funzione che si utilizza per creare grafici su R è sicuramente **plot()**. Leggiamo l'help per capire come funziona e proviamo con il primo e più banale esempio:

$$plot(x = 1:10, y = 1:10)$$

R - Collatz plot

Proviamo ora un esempio un po' più corposo. Innanzitutto utilizziamo la funzione $collatz_conjecture$ appena definita partendo da n=27 e salvando il risultato in un vettore chiamato my_result. Rappresentiamo poi questo vettore specificando type = "I".

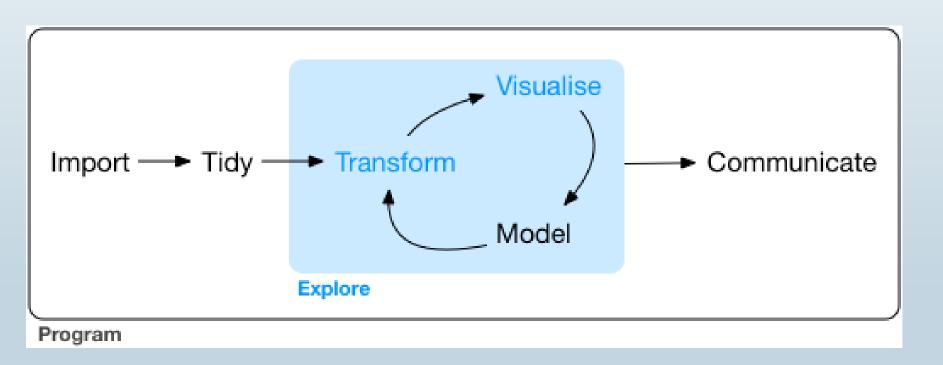
Esercizio: Rileggere l'help associato alla funzione plot in modo da migliorare questo grafico.

INTRODUZIONE AD R

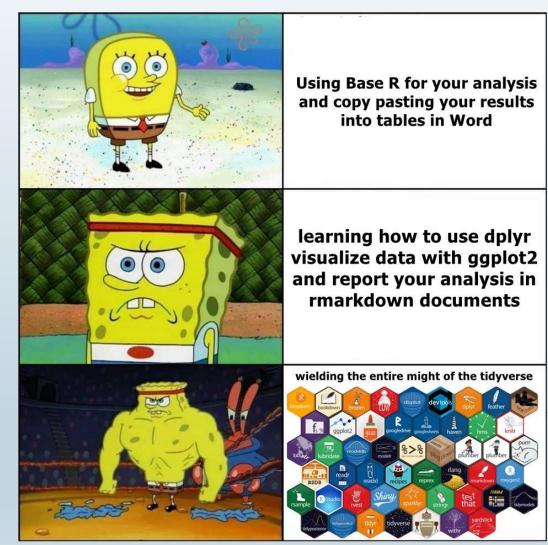
Welcome to the Tidyverse

Tidyverse - Definizione

Tidyverse rappresenta un insieme di pacchetti R creati con uno stile omogeneo ed utilizzati per fare Data Analysis.



Tidyverse - Definizione



Noi arriveremo qua



Tidyverse – Riferimenti

La 'Bibbia' in questo caso è disponibile a : https://r4ds.had.co.nz/

Esistono, naturalmente, tantissimi altri tutorial:

- https://www.tidyverse.org/
- https://moderndive.com/
- https://github.com/AmeliaMN/data-science-in-tidyverse
- https://www.datacamp.com/courses/introduction-to-the-tidyverse?tap_a=5644-dce66f&tap_s=213362-c9f98c

Tidyverse – install.packages

Proviamo ora ad installare il pacchetto tidyverse:

install.packages("tidyverse")

Questo comando installa anche numerosi altri pacchetti R tra cui dplyr e ggplot2 (su cui ci concentreremo).

INTRODUZIONE AD R

ggplot2

ggplot2 - Filosofia

The simple graph has brought more information to the data analyst's than any other device.

(John Tukey)

Potete anche trovare una spiegazione più dettagliata sul funzionamento di questo pacchetto consultando il libro ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis.

ggplot2 vs base plot: https://twitter.com/i/status/991400769235468288

ggplot2 - Introduzione

Iniziamo caricando il pacchetto

library(ggplot2)

Nei prossimi esempi utilizzeremo il dataset *mpg*. Carichiamolo in memoria e leggiamo la pagina di help associata.

ggplot2 - Il primo grafico

Creiamo ora il nostro primo grafico:

$$geom_point(mapping = aes(x = displ, y = hwy))$$

Che relazione esiste quindi tra hwy (kilometri percorsi con un litro di carburante) e displ (cilindrata del veicolo)?

ggplot2

Quindi come funziona *ggplot2?* La prima funzione che abbiamo utilizzato, *ggplot*, crea un grafico vuoto. A questo grafico vuoto vanno ad aggiungersi mano a mano diversi layer (definiti dall'utente) che vanno poi a modificare il grafico vuoto. Ad esempio, nel grafico precedente la funzione *geom_point* aggiunge un layer al grafico vuoto rappresentando lo scatterplot di *hwy vs displ*.

Per definire come un layer viene creato (e quindi come le variabili presenti nel dataset vengono mappate sul grafico) devo utilizzare la funzione aes, dentro cui specifico quali valori mappare sull'asse x e sull'asse y.

ggplot2

In generale, quindi, un grafico in *ggplot2* viene creato utilizzando il seguente comando:

$$ggplot(data = DATA) +$$

GEOM_FUNCTION(mapping = aes(MAPPINGS))

dove GEOM_FUNCTION è una funzione che crea un layer e MAPPINGS sono i parametri che passiamo alla funzione. Man mano che l'analisi diventa più complicate andremo ad aggiungere sempre più layers.

Esercizio

- 1. Pulire il proprio Environment riavviando R.
- 2. Caricare il pacchetto ggplot2 e il dataset *faithful* disponibile dalla libreria *datasets*. Leggere l'help associato al dataset.
- 3. Stampare il dataset a schermo (basta scrivere *faithful* sulla console di Rstudio e far eseguire il comando). NB: Viene stampato tutto il dataset, i nomi delle variabili sono all'inizio.
- 4. Creare uno scatterplot in cui si studia la relazione tra *eruptions* e *waiting*. Cosa ne riuscite a dedurre?

Data una particolare GEOM_FUNCTION (come geom_point), esistono diversi tipi di aesthetics che è possibile modificare per personalizzare molti aspetti di ogni layer. L'elenco complete è disponibile leggendo l'help associate ad ogni funzione.

Ad esempio, guardiamo l'help della funzione geom_point. Vediamo che i possibili aesthetics non sono solamente x ed y (cioè le coordinate del punto) ma anche colour, size e shape.

Creiamo ora il nostro secondo grafico:

$$ggplot(data = mpg) +$$

 $geom_point(mapping = aes(x = displ, y = hwy, color = class))$

Come cambia la relazione tra *hwy* e *displ* al variare della tipologia di veicolo?

Possiamo anche associare la variabile class a diverse caratteristiche di un punto, come la sua grandezza:

$$ggplot(data = mpg) +$$

$$geom_point(mapping = aes(x = displ, y = hwy, size = class))$$

o la sua forma:

$$ggplot(data = mpg) +$$

 $geom_point(mapping = aes(x = displ, y = hwy, shape = class))$

E' possibile anche modificare le caratteristiche di tutti i punti in uno scatterplot (o di una qualsiasi GEOM_FUNCTION) senza doverli necessariamente mappare ad una variabile:

$$ggplot(data = mpg) +$$

 $geom_point(mapping = aes(x = displ, y = hwy), col = "blue")$

Esercizio

- 1. Pulire il proprio Environment riavviando R.
- 2. Caricare il pacchetto ggplot2 e il dataset *iris* disponibile dalla libreria *datasets*. Leggere l'help associato al dataset.
- 3. Creare uno scatterplot in cui si studia la relazione tra *Sepal.Length* e *Sepal.Width* al variare di *Species*. Si modifichi il colore dei punti, la forma e la grandezza. Cosa riuscite a dedurne?
- 4. Cosa restituisce il seguente codice?

$$ggplot(data = mpg) +$$

 $geom_point(mapping = aes(x = displ, y = hwy, col = "blue"))$

Esistono molte altre GEOM_FUNCTIONS oltre a geom_point che servono per creare diversi tipi di grafici (es: istogrami, grafici a barre, grafici con linee di errore...). Potete leggerne un elenco al seguente link:

https://ggplot2.tidyverse.org/reference/index.html

Tutte le possibili GEOM_FUNCTIONS necessitano di uno o più aesthetics, ma non tutte possono funzionare con gli stessi aesthetics (ad esempio non ha senso parlare di shape in un grafico a barre). Ad esempio:

$$ggplot(data = mpg) +$$

 $geom_smooth(mapping = aes(x = displ, y = hwy))$

crea una sorta di linea di tendenza utilizzando un diverso tipo di geometria rispetto a geom_point. Leggiamo prima l'help della funzione.

Proviamo a modificare linetype:

$$ggplot(data = mpg) +$$

 $geom_smooth(mapping = aes(x = displ, y = hwy, linetype = drv))$

ottenendo quindi una linea di tendenza per i diversi valori di drv.

Modifichiamo anche il colore dei punti!

$$geom_smooth(mapping = aes(x = displ, y = hwy, linetype = drv, colour = drv))$$

Una delle cose più belle di ggplot2 è la possibilità di rappresentare molto facilmente due o più geometrie sullo stesso grafico:

$$ggplot(data = mpg) +$$

$$geom_smooth(mapping = aes(x = displ, y = hwy)) +$$

$$geom_point(mapping = aes(x = displ, y = hwy))$$

In questo caso, però, vediamo che il codice risulta inutilmente ripetuto.

Possiamo ovviare a questo problema specificando gli aesthetics comuni

dentro la funzione ggplot e gli aesthetics unici dentro la

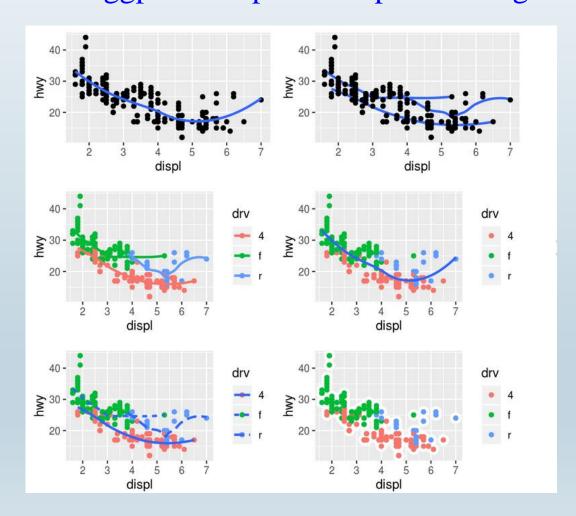
GEOM_FUNCTION

Esercizio

1. Pulire il proprio Environment riavviando R.

2. Caricare il pacchetto ggplot2. Si provi a replicare i seguenti

grafici:



ggplot2 - esquisse

Esistono dei plug-in da aggiungere ad Rstudio che aiutano l'utente nella fase di import ed esplorazione dei dati. Uno di questi è esquisse, disponibile a https://github.com/dreamRs/esquisse.

Per installare il pacchetto collegato al plug-in utilizziamo il comando install.packages("esquisse"). Avviamolo cliccando su 'ggplot2' builder nel menu a tendina chiamato Plug-in, disponibile sotto la barra dei menù.

INTRODUZIONE AD R

Strutture dati: Fattori

Fattori - Definizione

Vengono utilizzati per rappresentare dati categoriali e possono essere ordinali (es: le gerarchie in una azienda) o non-ordinali (es: il colore dei capelli).

Un fattore DEVE essere immaginato come un vettore di numeri interi, dove ogni numero intero è associato ad un'etichetta.

Fattori - Esempio

Proviamo a creare il nostro primo fattore.

```
x <- factor(c("yes", "yes", "no"))
x</pre>
```

L'ordine in cui i livelli vengono rappresentati può essere modificato utilizzando l'argomento *level* della funzione **factor**. Il default è l'ordine alfabetico.

Inoltre, se i livelli presentano una gerarchia (es: soldato, tenente, maresciallo ecc), possiamo indicarlo specificando *ordered* = *TRUE* nella funzione factor. Tipicamente, in questi casi, l'ordine alfabetico dei livelli non va bene.

Fattori - Esempio

Dato un fattore possiamo utilizzare la funzione *table* per ottenere una tabella con i livelli e le frequenze della variabile.

x <- factor(c("A", "B", "A", "B"))

x # printing del fattore

str(x) # struttura del fattore

table(x) # tabella con livelli e frequenze

Fattori - Warning

Non dimenticate mai che un factor non è altro che un integer a cui è stata associata una label.

COSA RESTITUISCE IL SEGUENTE COMANDO?

Fattori - Warning

E' possibile generare un *factor* anche quando la variabile sottostante assume valori interi (es: livello di gradimento di un servizio che varia da 0 a 3)

x < -factor(c(0, 3, 2, 1, 3, 2))

COSA RESTITUISCE IL SEGUENTE COMANDO?

as.numeric(x)

INTRODUZIONE AD R

Dataframe

Dataframe - Definizione

I dati di un esperimento o una rilevazione vengono spesso salvati in maniera tabulare, cioè registrando una riga per ogni paziente/osservazione e tante colonne quante sono le variabili rilevate. Su R questa tipologia di dati viene trattata come un **dataframe**.

I dataframe sono un tipo particolare di lista in cui tutti gli elementi hanno la stessa lunghezza (in altre parole un dataframe non è altro che una lista di vettori). E' apparentemente simile ad una matrice ma, a differenza di essa, ogni colonna può appartenere ad una classe differente.

Dataframe - Esempio

Su R esistono già diversi dataframe precaricati (ad esempio, abbiamo già visto *iris*, *faithful*, *mpg* ecc). Ogni dataframe ha un attributo speciale chiamato *row.names*.

Un classico esempio di dataframe su R è *mtcars.* Carichiamolo, stampiamolo a schermo e vediamone i *row.names.*

Dataframe - Esempio

Per caricarlo usiamo il comando *data("mtcars")* e, per stamparlo a schermo, semplicemente scriviamo il nome sulla console ed eseguiamo il comando.

Per stampare a schermo i row.names utilizziamo la funzione row.names().

Dataframe - Creazione

Per creare un nuovo dataframe possiamo usare la funzione data.frame(). Ad esempio

```
my_first_dataframe <- data.frame(
    x = 1:4,
    y = c("a", "b", "c", "d")
)</pre>
```

Stampiamolo a schermo il dataframe. Cosa notiamo? Stampiamone a schermo la struttura con **str()**, cosa notiamo?

Dataframe - Creazione

Naturalmente possiamo fare esempi anche molto più complessi di questo.

```
patientID <- c(1, 2, 3, 4)

age <- c(25, 34, 28, 52)

diabetes <- c("Type1", "Type2", "Type1", "Type1")

status <- c("Poor", "Improved", "Excellent", "Poor")

diabetes <- factor(diabetes)

status <- factor(status, order=TRUE)

patientdata <- data.frame(patientID, age, diabetes, status)

patientdata

str(patientdata)
```

Dataframe - Manipolazione

Possiamo applicare diverse funzioni ad un dataframe

- nrow(dataframe) restituisce il numero di righe
- colnames(dataframe) restituisce il nome delle variabili
- dataframe\$varname estrae una variabile dal dataframe (es: mtcars\$mpg).
- str(dataframe) restituisce un print conciso del dataframe
- summary(dataframe) stampare un summary di tutte le variabili del dataframe
- head(dataframe) stampa le prime 6 righe del dataset
- tail(dataframe) stampa le ultime 6 righe del dataset

Esercizio

- 1. Pulire il proprio Environment riavviando R.
- 2. Caricate il dataframe *mtcars* e stampatelo a schermo.
- 3. Stampare a schermo la struttura del dataframe, le prime 6 righe e le ultime 6.
- 4. Stampate a schermo il numero di righe del dataframe, il nome delle colonne ed il summary.
- 5. Estraete una delle colonne, salvandona in un vettore chiamato *x*. Calcolate la media di *x*, il massimo, il minimo e la varianza, verificando che corrispondano a quelli mostrati da summary.

INTRODUZIONE AD R

Data - Import

Data Import

Se i dati che noi vogliamo studiare sono stati salvati su un qualche file esterno (es: csv, Excel, txt ...) allora, per analizzarli tramite R, è necessario prima importarli.

Dentro R esistono diverse funzioni per fare ciò:

- read.csv e read.table per dati "tabellari";
- readLines per leggere dati da un file di testo;
- load per caricare dati salvati dal workspace di R

Esistono anche funzioni analoghe per scrivere dataframe come dati esterni. Noi ci concentreremo sui dati in forma tabellare.

Data Import - read.table

Le opzioni più comuni da utilizzare quando si importa un file in R tramite read.table sono:

- file: il nome ed il percorso del file;
- header: indica se nella prima riga del dataframe sono riportati i nomi delle variabili
- sep: una stringa che indica il separatore tra le colonne
- skip: il numero di righe da saltare prima di iniziare a leggere i dati
- stringsAsFactors: indica se le variabili di tipo character devono essere codificati come fattori.

Data Import - stringsAsFactors

Purtroppo, di default, stringsAsFactors assume valore TRUE



Data Import - Esempio

Proviamo ad importare su R il file "board_games.csv" (disponibile nella pagina del corso).

```
my_data <- read.table(
    file = "board_games.csv",
    header = TRUE,
    sep = ","
)</pre>
```

NB: Dovete specificare il percorso del file in maniera opportuna.

Data Import - Esempio

Se lavorate tramite Rstudio esiste anche il pulsante "Import Datasets" disponibile sopra il menu dell'Environment.

Nei casi più semplici questa può essere una valida alternativa alla specificazione manuale della funzione.

Esercizio

- 1. Pulire il proprio Environment riavviando R.
- 2. Caricate il file esterno "esempio_read_table.txt", stamparlo a schermo e stamparne a schermo la struttura
- 3. Calcolare il numero di righe, il numero di colonne, il nome delle colonne e stampare a schermo il summary dei dati

INTRODUZIONE AD R

readr

Data Import - readr

Negli ultimi anni è stato sviluppato un pacchetto R chiamato readr (intergrato nel tidyverse) che si occupa principalmente dell'import su R dei dati in forma tabulare.

L'analogo di *read.table()* per *readr* è *read.delim()*. La struttura delle due funzioni è simile, con la sola differenza che *read.delim()*:

- 1. E' circa 10 volte più veloce che read.table();
- 2. Non converte automaticamente le variabili character in factors;
- 3. Produce *tibbles* invece che *dataframe* (vedremo tra poco coso sono i tibbles).

Data Import - readr

Proviamo a caricare su R un file esterno disponibile online utilizzando *readr* e *read_delim()*. Il file è disponibile al seguente indirizzo:

https://raw.githubusercontent.com/rfordatascience/tidytues day/master/data/2019/2019-02-26/small_trains.csv.

Il percorso del file deve essere specificato nell'argomento file della funzione come stringa di testo. Ricordatevi anche di specificare il delimitatore opportuno tramite l'opzione delim come semplice stringa di testo. In questo caso il delimitatore è la virgola.

Data Import - readr

```
small_train <- read_delim(
    file =
    "https://raw.githubusercontent.com/rfordatascience/tidytue
sday/master/data/2019/2019-02-26/small_trains.csv",
    delim= ","
)</pre>
```

Alcune info aggiuntive su questo dataset sono disponibili al seguente link:

https://github.com/rfordatascience/tidytuesday/tree/master/data/2019/2019-02-26

Esercizio

- 1. Pulire il proprio Environment riavviando R.
- 2. Importare il file small_train.csv disponibile sulla pagina elearninge su github(è lo stesso disponibile al link precedente).
- 3. Analizzare brevemente il datasetdopo averlo stampato a schermo e averne mostrato la struttura.
- 4. Creare un grafico utilizzando ggplot2 per studiare la relazione tra in numero di treni arrivati in ritardo ed il numero di treni partiti in ritardo al variare del tipo di TrainService.

INTRODUZIONE AD R

tibbles

Tibbles - Definizione

Un *tibble* è un nuovo modo utilizzato per salvare su R i dati in forma tabulare. Esistono alcune leggere (ma importanti) differenze tra i tibbles ed i datafame:

- 1. Il printing: per le tibbles vengono stampate unicamente le prime 10 righe e le prime 6 colonne del dataset. Viene stampata anche la classe di ogni variabile;
- 2. Il subsetting: i tibbles non fanno partial matching. Inoltre il subsetting di un tibble restituisce sempre un tibble.
- 3. Nei tibble le variabili character non vengono convertite a factor. Inoltre nei tibble non esistono i row names.

Tibbles - Utilizzo

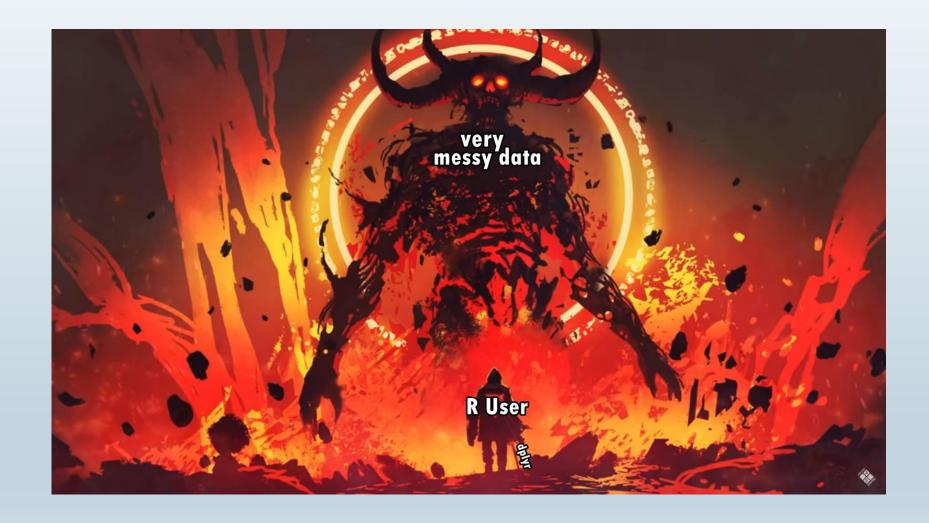
Se utilizzate *readr* per importare dati esterni, ricordatevi che il risultato sarà sempre un tibble.

In alcuni casi (specialmente con funzioni molto vecchie e datate) potrebbe accadere che esse restituiscano errore se gli passate dei dati sotto forma di tibble e non di dataframe. Per convertire un tibble in un dataframe utilizzate la funzione as.data.frame().

INTRODUZIONE AD R

dplyr

dplyr



dplyr

dplyr è una libreria R utilizzata per la manipolazione dei dataframe (o tibbles). Fa parte dell'ambiente tidyverse.

Le funzioni base più importanti sono 5 e sono:

- 1. filter: per selezionare un gruppo di osservazioni che soddisfano ad un particolare criterio;
- 2. arrange: per ordinare i dati secondo una o più variabili in ordine crescente o decrescente;
- 3. select: per selezionare una o più fra le colonne del dataset;
- **4. mutate:** per modificare le variabili esistenti o crearne di nuove;
- 5. summarize: per calcolare statistiche di sintesi sui dati.

La prima funzione che andiamo a studiare più in dettaglio è **filter.** Il funzionamento è molto sempre:

filter(nome dataframe, vincoli da verificare)

Ad esempio, il comando *filter(iris, Species == "setosa")* seleziona tutte le osservazioni del dataframe *iris* per cui la variabile *Species* assume il valore *Setosa.*

E' possibile specificare anche più vincoli separandoli con la virgola. In questo caso verranno selezionate tutte le osservazioni che rispettano tutti i vincoli. Ad esempio:

filter(iris, Species == "setosa", Sepal.Length > 5)

seleziona tutte le osservazioni nel dataset iris per cui Species è uguale a setosa e Sepal.Length è maggiore di 3.

Possiamo creare dei vincoli di tipo OR (cioè vincoli in cui deve essere rispettata la prima condizione oppure la seconda oppure entrambe) utilizzando l'operatore |. Ad esempio:

filter(iris, Species == "setosa" | Sepal.Length > 5)

seleziona tutte le osservazioni nel dataset iris per cui Species è uguale a setosa oppure Sepal.Length è maggiore di 5 oppure sono valide entrambe le condizioni.

Ricordatevi che la funzione **filter** esclude automaticamente tutte le righe per cui una certa condizione viene valutata ad NA. Se si desidera tenerle è necessario specificarlo manualmente. Ad esempio:

```
my_dataframe <- data.frame(x = c(1, 2, NA))
```

```
filter(my_dataframe, x > 1)
filter(my_dataframe, is.na(x) | x > 1)
```

Esercizio

- 1. Pulire il proprio Environment riavviando R.
- 2. Importare il file small_train.csv disponibile sulla pagina elearning e su github.
- 3. Selezionare tutte e sole le osservazioni per cui:
 - A. Il numero di arrivi in ritardo in una tratta, codificato nella variabile *num_arriving_late*, è superiore a 100.
 - B. Il numero di partenze in ritardo, codificato nella variabile num_late_at_departure, è inferiore a 50.
 - C. La variabile service è pari a National oppure NA.
 - D. La variabile *month* è minore di 4 oppure maggiore di 10.
 - E. Il ritardo medio per tutti i treni in partenza (codificato nella variabile *avg_delay_all_departing*) ed il ritardo medio per tutti i trnei in arrivo (codificato nella variabile *avg_delay_all_arriving*) è inferiore, in valore assoluto, a 50.

dplyr - arrange

La seconda funzione che studiamo più in dettaglio è arrange. Il funzionamento è molto semplice:

arrange(nome dataframe, nome variabile)

Ad esempio, il comando *arrange(iris, Sepal.Length)* ordina le osservazioni nel dataframe iris in ordine crescente rispetto alla variabile Sepal.Length.

dplyr - arrange

E' possibile specificare anche più di una variabile dentro arrange. Ad esempio:

arrange(nome dataframe, var1, var2, ...)

In questo caso si ha che, nel caso in cui due osservazioni hanno lo stesso valore per *var1*, allora vengono ordinate rispetto a *var2* e così via per *var3* ecc...

dplyr - arrange

Per ordinare le osservazioni in ordine decrescente si utilizza la funzione desc. Ad esempio:

arrange(nome dataframe, desc(var1))

Si ricordi sempre che nel caso in cui la variabile rispetto a cui si ordina contiene degli NA, allora questi verranno sempre messi in fondo all'ordinamento.

Esercizio

- 1. Pulire il proprio Environment riavviando R.
- 2. Importare il file small_train.csv disponibile sulla pagina elearning e su github.
- 3. Quali sono le tratte con il maggior numero di minuti di ritardo? E quali quelle con il numero minore?
- 4. Quali sono le tratte più frequentate? E quelle meno frequentate? E quelle con il maggiore numero di treni in ritardo?

La terza funzione che studiamo più in dettaglio è **select**. Nuovamente il funzionamento è estremamente semplice:

select(nome dataframe, var1, var2, var3,)

Ad esempio, il comando select(iris, Sepal.Length, Sepal.Width) seleziona unicamente le variabili Sepal.Length e Sepal.Width dal dataframe iris.

Utilizzando la seguente sintassi:

select(nome dataframe, var1:var2)

vengono selezionate tutte le variabili comprese tra var1 e var2 (estremi inclusi). Ad esempio select(iris, Sepal.Length:Sepal.Width), seleziona tutte le variabili comprese tra Sepal.Length e Sepal.Width (comprese loro 2).

Se si pone un segno "-" davanti al nome della variabile, allora vengono selezionate tutte le variabili meno quelle indicate. Ad esempio select(iris, -Species) restituisce un dataframe in cui è stata esclusa la variabile Species.

Similmente la funzione select(iris, -c(Species, Sepal.Length)) restituisce un dataframe in cui le variabili Species e Sepal.Length sono state escluse.

Esistono numerose help function che aiutano l'utente nella selezione delle variabili. Alcune tra queste sono:

- select(iris, starts_with("Sepal")): restituisce tutte le variabili il cui nome inizia con Sepal
- select(iris, ends_with("Lenght")): restituisce tutte le variabili il cui nome finisce con Length
- select(iris, contains("Sep")): restituisce tutte le variabili il cui nome contiene la stringa Sep

Potete leggere l'elenco completo delle help function alla pagina ?select.

Esercizio

- 1. Pulire il proprio Environment riavviando R.
- 2. Importare il file small_train.csv disponibile sulla pagina elearning e su github.
- 3. Selezionare unicamente le variabili *total_num_trips* e *delay_cause*.
- 4. Selezionare unicamente le variabili che iniziano con la stringa *avg*, le variabili che terminano con la stringa *station* e le variabili che contengono la stringa *num*.

La quarta funzione che studiamo più in dettaglio è *mutate.* Vediamone il funzionamento con un esempio:

mutate(iris, Sepal.Ratio = Sepal.Length / Sepal.Width)

Questa istruzione permette di aggiungere al dataset iris una nuova variabile, chiamata Sepal.Ratio. I valori di questa nuova variabile sono pari a Sepal.Length diviso per Sepal.Width.

Attraverso *mutate* possiamo anche ridefinire una o più fra le variabili già esistenti in un dataframe. Ad esempio l'istruzione

mutate(iris, Sepal.Length = Sepal.Width * 2)

modifica la variabile Sepal.Length (già esistente nel dataset) e gli assegna un valore pari a Sepal.Width * 2.

Quando creiamo una nuova variabile utilizzando la funzione *mutate* possiamo anche utilizzare una o più fra le variabili che stiamo creando. Ad esempio:

```
mutate(iris,
Sepal.Ratio = Sepal.Length / Sepal.Width,
Petal.Ratio = Petal.Length / Petal.Width,
Sepal.Petal.Ratio = Sepal.Ratio / Petal.Ratio
)
```

Se desideriamo tenere solo le nuove variabili che stiamo creando e scartare quelle vecchie possiamo utilizzare la funzione *transmute*. Ad esempio la seguente istruzione:

```
transmute(iris,
Sepal.Ratio = Sepal.Length / Sepal.Width,
Petal.Ratio = Petal.Length / Petal.Width,
Sepal.Petal.Ratio = Sepal.Ratio / Petal.Ratio
)
```

restituisce un dataset le cui uniche variabili sono Sepal.Ratio, Petal.Ratio e Sepal.Petal.Ratio.

Quando creiamo una nuova variabile utilizzando la funzione *mutate* possiamo utilizzare tutte le funzioni viste in precedenza (+, -, *, /, %%, log, sqrt, abs, ...). L'unica cosa importante da ricordare è che il risultato della operazione di creazione della nuova variabile deve essere un vettore lungo tanto quanto il vettore che viene passato in input.

Esistono numerose funzioni sviluppate apposta per il calcolo e la creazione di nuove variabili:

• Le funzione **lead** e *lag* restituiscono, rispettivamente, la variabile in input che viene "anticipata" di 1 e "ritardata" di 1. Ad esempio

x <- 1:10
lag(x)
lead(x)</pre>

Esistono numerose funzioni sviluppate apposta per il calcolo e la creazione di nuove variabili:

• Le funzione *cumsum*, *cummin*, cummax e *cumprod* restituiscono rispettivamente la somma cumulata, il minimo cumulato, il massimo cumulato e il prodotto cumulato.

x <- 1:10
cumsum(x)
cumprod(x)</pre>

Naturalmente è possibile creare nuove variabili da aggiungere ad un dataframe anche senza utilizzare la funzione *mutate*. Il funzionamento è analogo a quello delle matrici. Ad esempio, il comando

iris\$Sepal.Ratio <- iris\$Sepal.Length / iris\$Sepal.Width

aggiunge una nuova variabile al dataset *iri*s chiamata Sepal.Ratio e pari a Sepal.Length diviso Sepal.Width.

dplyr - mutate variants

Cosa succede se vogliamo applicare una funzione a tutte le variabili di un dataframe? Oppure se vogliamo applicarla a tutte le variabili di tipo *numeric*? Oppure solo ad alcune specifiche variabili?

Esistono alcune varianti di *mutate* che permettono di eseguire queste operazioni molto facilmente. Queste varianti sono: *mutate_at*, *mutate_all* e *mutate_if*.

La prima variante di *mutate* che vediamo meglio è *mutate_at*. Il funzionamento è molto semplice:

mutate_at(nome dataset, nome variabili, funzione)

Ad esempio il comando *mutate_at(iris, c("Sepal.Length", "Sepal.Width"), log)* trasforma le variabili Sepal.Length e Sepal.Width utilizzando la funzione *log*.

NB: In questo caso è necessario passare il nome delle variabili come stringa.

La seconda variante di *mutate* che vediamo meglio è *mutate_if.* Il funzionamento è molto semplice:

```
mutate_if(
nome dataset,
funzione controllo,
funzione trasformazione
)
```

Ad esempio il comando *mutate_if(iris, is.numeric, log)* trasforma tutte le variabili numeriche nel dataset iris utilizzando la funzione *log*.

dplyr - mutate_all

La terza ed ultima variante di *mutate* che vediamo meglio è *mutate_all*. Il funzionamento è molto semplice:

mutate_all(nome dataset, funzione trasformazione)

Ad esempio il comando *mutate_all(mtcars, log)* applica la trasforma log a tutte le variabili del dataset mtcars.

Esercizio

- 1. Pulire il proprio Environment riavviando R.
- 2. Importare il file small_train.csv disponibile sulla pagina elearning e su github.
- 3. Creare una nuova variabile che rappresenta:
 - A. La differenza tra il ritardo medio alla partenza ed il ritardo medio all'arrivo;
 - B. La differenza tra il numero di treni arrivati in orario ed il numero di treni partiti in ritardo;
 - C. Una stringa di testo che concatena la stazione di partenza e la stazione di arrivo (Suggerimento: Leggere l'help della funzione *paste*()).

dplyr - summarize

La quinta ed ultima funzione che studiamo più in dettaglio è *summarise* (o *summarize*). Questa funzione serve per creare delle statistiche di sintesi per un dataframe. Ad esempio

```
summarize(
iris,
mean_sepal_length = mean(Sepal.Length),
mean_sepal_width = mean(Sepal.Width),
)
```

dplyr - group_by

summarize() viene utilizzato tipicamente insieme alla funzione **group_by**() poiché permette di calcolare delle statistiche di sintesi stratificate per una o più variabili ausiliarie. Ad esempio

```
iris_grouped_by_species <- group_by(iris, Species)
summarize(
iris_grouped_by_species,
mean_sepal_length = mean(Sepal.Length)
)</pre>
```

Esercizio

- 1. Pulire il proprio Environment riavviando R.
- 2. Importare il file small_train.csv disponibile sulla pagina elearning e su github.
- 3. Calcolare il numero medio di treni arrivati in ritardo ed il numero medio di treni partiti in ritardo.
- 4. Calcolare il numero mediano di treni partiti in ritardo stratificando per stazione di partenza.
- 5. Si calcoli il numero massimo di treni partiti in ritardo stratificando per la stazione di partenza e considerando solo le tratte avvenute nel mese di aprile. Si ordini il dataset rispetto al valore massimo (cioè la variabile appena creata) e si salvi il risultati in un dataframe chiamato my_first_EDA.
- 6. Si stampi a schermo my_first_EDA e la sua struttura.
- 7. Si crei un grafico appropriato utilizzando il dataset my_first_EDA (suggerimento: si usi ggplot2 e si legga l'help della funzione geom_col)

That's all Folks!

Ringraziamenti

Si ringrazia la Dott.ssa Chiesa per aver fornito la maggior parte del materiale presentato in queste slide. Altre fonti non citate in precedenza:

•https://www.facebook.com/Rmemes0/

Contatti: a.gilardi5@campus.unimib.it