class: title-slide, center, middle

Giornata 3 - Programmazione in R

Corsi ARCA - @DPSS

Filippo Gambarota

Programmazion in R

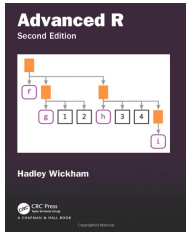
Quello che vedremo in questa sezione sono i principali **costrutti della programmazione** e la loro applicazione in R. Ci sono alcuni punti da considerare:

- Sono concetti trasversali estremamente utili
- Sono alla base di qualcunque **funzionalità già implementata in R**
- Vi permettono di fare qualunque cosa con il linguaggio

Programmazion in R - Disclaimer

Ci sono delle cose che per tempo e complessità non possiamo affrontare e che sono R specifiche. Per questi aspetti avanzati del linguaggio, il libro **Advanced R** è la cosa migliore

```
put_image("adv_R.png")
```



Costrutti della programmazione in R

Costrutti della programmazione in R

- Funzioni
- Programmazione condizionale
- Programmazione iterativa

Funzioni

Analogalmente alle *funzioni matematiche* la funzione in programmazione consiste nell' **astrarre** una serie di operazioni (nel nostro caso una porzione di codice) definendo una serie di operazioni che forniti degli *input* forniscono degli *output* eseguendo una serie di *operazioni*

Funzioni

Prendiamo l'equazione di una retta: $y = 2x + 3$ dove 3

```
x <- 1:10
y <- 2*x + 3
plot(x, y, xlim = c(0, 10), ylim = c(0, 30), type = "l")
```

Funzioni

Se vogliamo *astrarre* questa operazione in modo da renderla più generale e utile dobbiamo definire:

- **argomenti funzione**: quelle che in matematica sono le *variabili*
- **corpo funzione**: le **operazioni** che la funzione deve eseguire usando gli argomenti
- **output funzione**: cosa la funzione deve **restituire** come risultato

Funzioni - Argomenti

Gli **argomenti** sono quelle parti variabili della funzione che vengono definiti e poi sono necessari ad eseguire la funzione stessa. Se vogliamo *astrarre* la retta che abbiamo visto prima dobbiamo definire alcune parti come **variabili**:

La retta $y = mx + q$ dove m è la pendenza, x sono i valori della variabile x e q è l'intercetta (valore di y quando $x = 0$). Quindi possiamo definire in R:

```
retta <- function(m, x, q){ # argomenti
    # body
    # output
}
```

Funzioni - Body

Il corpo della funzione sono le operazioni da eseguire utilizzando gli argomenti in input. Nel caso della retta semplicemente moltiplicare m per ogni valore di x e aggiungere q. In questo modo otteniamo tutti i valori di y:

```
retta <- function(m, x, q){ # argomenti
    y <- m*x + q

    # output
}
```

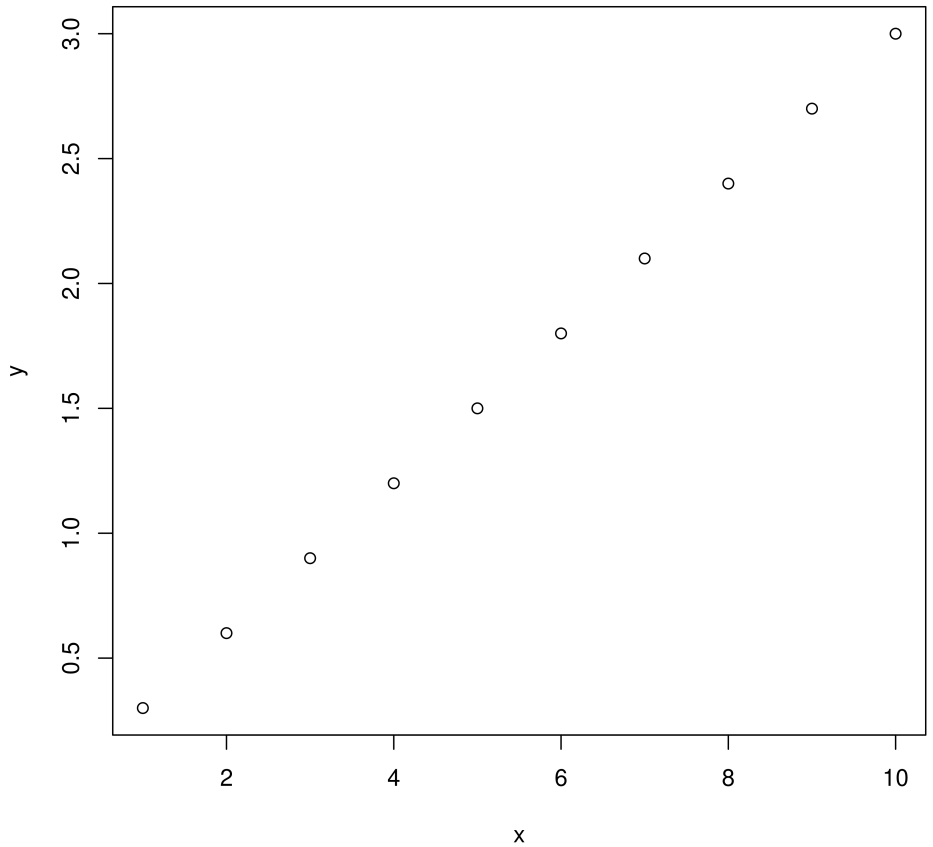
Funzioni - Output

L'output è il **risultato che la funzione ci restituisce** dopo aver eseguito tutte le operazioni. Nel nostro caso della retta, vogliamo ottenere il rispettivo valore di y per ogni valore di x inserito:

```
retta <- function(m, x, q){ # argomenti
    y <- m*x + q

    return(y) # restituisce y
}
```

Funzioni - Risultato finale

```r
retta <- function(m, x, q){ # argomenti
    y <- m*x + q

    return(y) # restituisce y
}

x <- 1:10
m <- 0.3
q <- 0

y <- retta(m, x, q)
```



Programmazione condizionale

Programmazione condizionale

In programmazione solitamente è necessario non solo eseguire una serie di operazione **MA** eseguire delle operazione in funzione di alcune **condizioni**

Facciamo un esempio pratico, la funzione `summary()` in R fornisce un risultato diverso in base al tipo di input. Come è possibile tutto questo? Tramite l'utilizzo di **condizioni**:

```
x <- 1:10 # vettore numerico
y <- factor(rep(c("a", "b", "c"), each = 10)) # vettore di stringhe

summary(x)
```

```
##    Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##    1.00    3.25    5.50    5.50    7.75   10.00
```

```
summary(y)
```

```
##  a  b  c
## 10 10 10
```

Programmazione condizionale

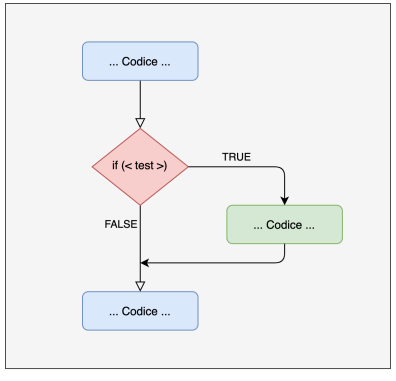
Anche se non sappiamo quali operazioni svolga la funzione `summary()` possiamo immaginare una cosa simile

```
summary <- function(argomento){

    # se l'argomento è un vettore numerico
    # esegui --> operazioni a,b,c

    # se l'argomento è un vettore stringa
    # esegui --> operazioni d,e,f

    # ...
}
```

Programmazione condizionale

Il concetto di `se <condizione> allora fai <operazione>` si traduce in programmazione tramite quelli che si chiamano `if statement`:

```
put_image("if_chart.png")
```



Programmazione condizionale

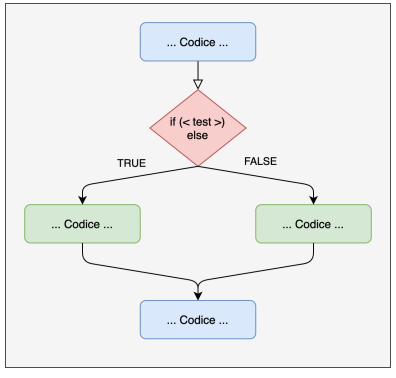
Per lavorare con gli `if statements` dobbiamo avere chiaro:

- il concetto di *operatori logici* ovvero `TRUE` e `FALSE`
- il concetto di *operazioni logiche* `TRUE and TRUE = TRUE`

Programmazione condizionale

Quando una sola condizione non basta...

```
put_image("ifelse_chart.png")
```



Programmazione condizionale

Per poter capire quale struttura condizionale utilizzare è importante capire bene il problema che dobbiamo risolvere.

Ritornando all'esempio della funzione `summary()`, immaginiamo di avere 2 tipi di dati in R; stringhe e numeri.

In questo caso è sufficiente avere un `if statement` che controlla se l'elemento è una stringa/numero e per tutto il resto applicare l'opposto.

Programmazione condizionale - Tip

Esiste una famiglia di funzioni con prefisso `is.*` che fornisce `TRUE` quando la tipologia di oggetto corrisponde a quella richiesta e `FALSE` in caso contrario.

```
x <- 1:10

is.numeric(x)
```

```
## [1] TRUE
```

```
is.factor(x)
```

```
## [1] FALSE
```

```
is.character(x)
```

```
## [1] FALSE
```

Possiamo usare queste funzioni per creare un flusso condizionale nella nostra funzione `summary()`

Programmazione condizionale

Scriviamo una funzione che restituisca la `media` quando il vettore è numerico e la tabella di frequenza (con la funzione `table()`)

```
my_summary <- function(x){

    # testiamo la condizione

    if(is.numeric(x)){
        return(mean(x))
    }else{
        return(table(x))
    }
}

x <- 1:10
my_summary(x)
```

```
## [1] 5.5
```

```
x <- rep(c("a","b","c"), c(10, 2, 8))
my_summary(x)
```

```
## x
##  a  b  c
## 10  2  8
```

Programmazione iterativa

Programmazione iterativa

Il concetto di *iterazione* è alla base di qualsiasi operazione nei linguaggi di programmazione.

In R molte delle operazioni sono vettorizzate. Questo rende il linguaggio più efficiente e pulito MA nasconde il concetto di *iterazione*

Programmazione iterativa

Esempio: se io vi chiedo di usare la funzione `print()` per scrivere `"hello world"` nella console 10 volte, come fate?

```
msg <- "Hello World"
print(msg)
```

```
## [1] "Hello World"
```

```
print(msg)
```

```
## [1] "Hello World"
```

```
print(msg)
```

```
## [1] "Hello World"
```

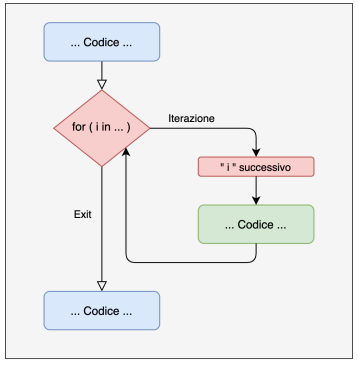
```
print(msg)
```

```
## [1] "Hello World"
```

```
print(msg)
```

For

```
put_image("for_loop.png")
```



For

La scrittura di un ciclo `for` è:

```
for(i in 1:n){
    # operazioni
}
```

Scomponiamo il ciclo for

Ci sono diversi elementi:

- `for(){}`: è l'implementazione in R (in modo simile all'`if statement`)
- `i`: questo viene chiamato *iteratore* o *indice*. E' un indice generico che può assumere qualsiasi valore e nome. Per convenzione viene chiamato `i`, `j` etc. Questo tiene conto del numero di iterazioni che il nostro ciclo deve fare
- `in <valori>`: questo indica i valori che assumerà l'*iteratore* all'interno del ciclo
- `{ # operazioni }`: sono le operazioni che i ciclo deve eseguire

Hello world come ciclo for

```
# vogliamo che il ciclo ripeta l'operazione 10 volte

for(i in 1:10){
    print("hello world")
}
```

```
## [1] "hello world"
## [1] "hello world"
## [1] "hello world"
## [1] "hello world"
## [1] "hello world"
## [1] "hello world"
## [1] "hello world"
## [1] "hello world"
## [1] "hello world"
## [1] "hello world"
```

Ma l'iteratore?

La potenza del ciclo `for` sta nel fatto che l'iteratore `i` assume i valori del vettore specificato dopo `in`, uno alla volta:

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

```
## [1] 1
## [1] 2
## [1] 3
## [1] 4
## [1] 5
## [1] 6
## [1] 7
## [1] 8
## [1] 9
## [1] 10
```

For con iteratore vs senza

Questa è una distinzione importante quanto sottile, notate la differenza tra questi due cicli:

```r
vec <- 1:5

for(i in 1:length(vec)){
    print(vec[i])
}
```

```
## [1] 1
## [1] 2
## [1] 3
## [1] 4
## [1] 5
```

```r
vec <- 1:5

for(i in vec){
    print(i)
}
```

```
## [1] 1
## [1] 2
## [1] 3
## [1] 4
## [1] 5
```

While

Il ciclo `while` è una versione più generale del ciclo for. Per funzionare utilizza una *condizione logica* e non un iteratore e un range di valori come nel `for`.

```
while(condizione){
    # operazioni
}
```

Dove il ciclo continuearà fino a che la `condizione` è vera

While - (Fun)

Provate a scrivere questo ciclo `while` e vedere cosa succede:

```
x <- 10

while (x < 15) {
    print(x)
}
```

Chi mi sa spiegare il risultato?

While

Questo esercizio è utile per capire che il `while` è un ciclo non pre-determinato e quindi necessita sempre di un modo per essere interrotto, facendo diventare la condizione falsa.

```
x <- 5

while (x < 15) {
    print(x)
    x <- x + 1
}
```

```
## [1] 5
## [1] 6
## [1] 7
## [1] 8
## [1] 9
## [1] 10
## [1] 11
## [1] 12
## [1] 13
## [1] 14
```

Applicazioni dei cicli

Gli esempi finora sono semplici ma poco utili. Quando il queste strutture iterative sono veramente utili?

Molte delle funzioni che utilizziamo come ad esempio `sum()`, `mean()`, etc. hanno al loro interno una sturttura iterativa

Immaginiamo di non avere la funzione `sum()` e di volerla ricreare, come facciamo? Idee?

Somma come iterazione

Scomponiamo concettualmente la somma, sommiamo i numeri da 1 a 10:

- prendo il primo e lo sommo al secondo (`somma = 1 + 2`)
- prendo la `somma` e la sommo al 3 elemento `somma = somma + 3`
- ...

In pratica abbiamo:

- il nostro vettore da sommare
- un oggetto `somma` che accumula progressivamente le somme precedenti

Somma come iterazione

```
somma <- 0 # inizializziamo la somma a 0
x <- 1:10

for(i in seq_along(x)){
    somma <- somma + x[i]
}
```

Somma come iterazione

Mettiamo tutto dentro una funzione

```
my_sum <- function(x){
    somma <- 0 # inizializziamo la somma a 0

    for(i in seq_along(x)){
        somma <- somma + x[i]
    }

    return(somma)
}

x <- rnorm(100)

my_sum(x)
```

```
## [1] 9.010675
```

```
sum(x)
```

```
## [1] 9.010675
```

Ma in R c'è qualcosa di meglio...

Ma in R c'è qualcosa di meglio...

In R, l'utilizzo **esplicito** dei cicli `for` non è molto diffuso, per 2 motivi:

- R è un linguaggio fortemente **funzionale**
- R è un linguaggio spesso **vettorizzato**
- I cicli `for` sono molto verbosi e non sempre leggibili
- I cicli `for` in R, se non scritti bene, possono essere *estremamente lenti*

`*apply` family

`*apply` family

Immaginate di avere una `lista` di vettori, e di voler applicare la stessa funzione/i ad ogni elemento della lista. Come fare? ^[1]

- applico manualmente la funzione selezionando gli elementi
- ciclo `for` che itera sugli elementi della lista e applica la funzione/i
- ...

```
my_list <- list(
    vec1 <- rnorm(100),
    vec2 <- runif(100),
    vec3 <- rnorm(100),
    vec4 <- rnorm(100)
)
```

Hadley Wickam - The joy of functional programming - link

`*apply` family

Applichiamo `media`, `mediana` e `deviazione standard`:

```
means <- vector(mode = "numeric", length = length(my_list))
medians <- vector(mode = "numeric", length = length(my_list))
stds <- vector(mode = "numeric", length = length(my_list))

for(i in 1:length(my_list)){
    means[i] <- mean(my_list[[i]])
    medians[i] <- median(my_list[[i]])
    stds[i] <- sd(my_list[[i]])
}
```

```
means
```

```
## [1] 0.13440768 0.54351838 0.01731405 0.14515137
```

```
medians
```

```
## [1] -0.1109648  0.5581941  0.1402201  0.1462667
```

```
stds
```

```
## [1] 0.9950907 0.2784656 1.0023973 0.9553801
```

`*apply` family

Funziona tutto! ma:

- il `for` è molto laborioso da scrivere gli indici sia per la lista che per il vettore che stiamo popolando
- dobbiamo *pre-allocare delle variabili* (per il motivo della velocità che dicevo)
- 8 righe di codice (per questo esempio semplice)

`*apply` family

In R è presente una famiglia di funzioni `*apply` come `lapply`, `sapply`, etc. che permettono di ottenere lo stesso risultato in modo più conciso, rapido e semplice:

```
means <- sapply(my_list, mean)
medians <- sapply(my_list, median)
stds <- sapply(my_list, sd)

means
```

```
## [1] 0.13440768 0.54351838 0.01731405 0.14515137
```

```
medians
```

```
## [1] -0.1109648  0.5581941  0.1402201  0.1462667
```

```
stds
```

```
## [1] 0.9950907 0.2784656 1.0023973 0.9553801
```

`*apply` family - Bonus

Prima di introdurre l'`*apply` family un piccolo bonus. Sfruttando il fatto che in R **tutto è un oggetto** possiamo scrivere in modo ancora più conciso:

```
my_funs <- list(median = median, mean = mean, sd = sd)

lapply(my_list, function(vec) sapply(my_funs, function(fun) fun(vec)))
```

```
## [[1]]
##     median       mean         sd
## -0.1109648  0.1344077  0.9950907
##
## [[2]]
##    median      mean        sd
## 0.5581941 0.5435184 0.2784656
##
## [[3]]
##     median       mean         sd
## 0.14022012 0.01731405 1.00239726
##
## [[4]]
##    median      mean        sd
## 0.1462667 0.1451514 0.9553801
```

Amazing! ora cerchiamo di dare un senso a queste righe di codice!

`*apply` family

```
apply(<lista>, <funzione>)
```

- cosa può essere la `lista`?
  - lista
  - dataframe
  - vettore
- cosa può essere la `funzione`?
  - funzione *base* o importata *pacchetto*
  - funzione *custom*
  - funzione *anonima*

`*apply` family - intuizione

Prima di analizzare l'`*apply` family, credo sia utile un ulteriore parallelismo con il ciclo `for` che abbiamo visto. `*apply` non è altro che un ciclo `for`, leggermente semplificato:

```
vec <- 1:5
for(i in vec){
    print(i)
}
```

```
## [1] 1
## [1] 2
## [1] 3
## [1] 4
## [1] 5
```

```
vec <- 1:5
res <- sapply(vec, print)
```

```
## [1] 1
## [1] 2
## [1] 3
## [1] 4
## [1] 5
```

`*apply` family - spoiler funzione anonima

Quindi come il ciclo `for` scritto come `i in vec` assegna al valore `i` un elemento per volta dell'oggetto `vec`, internamente le funzioni `*apply` prendono il primo elemento dell'oggetto in input (`lista`) e applicano direttamente la funzione che abbiamo scelto.

C'è un modo per rendere esplicito questo, anche nelle funzioni `*apply`:

```
vec <- 1:5
res <- sapply(vec, print)
```

```
## [1] 1
## [1] 2
## [1] 3
## [1] 4
## [1] 5
```

```
vec <- 1:5
res <- sapply(vec, function(i) print(i))
```

```
## [1] 1
## [1] 2
## [1] 3
## [1] 4
## [1] 5
```

`*apply` e funzioni custom

```
center_var <- function(x){
    x - mean(x)
}

my_list <- list(
    vec1 = runif(10),
    vec2 = runif(10),
    vec3 = runif(10)
)

lapply(my_list, center_var)
```

```
## $vec1
##  [1]  0.43896568 -0.16086596 -0.46904083 -0.35396658  0.37563057  0.45967160
##  [7] -0.04354945 -0.46489357 -0.08195265  0.30000120
##
## $vec2
##  [1]  0.4736267 -0.4574200 -0.2510918  0.1670033  0.1576037 -0.2958055
##  [7] -0.2890274  0.2717253  0.5084723 -0.2850866
##
## $vec3
##  [1] -0.30810428 -0.25940378  0.41172945  0.28176660  0.39193491 -0.48595617
##  [7]  0.22683609  0.13799156 -0.03932333 -0.35747105
```

`*apply` e funzioni anonime

Una funzione anonima è una funzione non salvata in un oggetto ma scritta per essere **eseguita direttamente**, all'interno di altre funzioni che lo permettono:

```
lapply(my_list, function(x) x - mean(x))
```

```
## $vec1
##  [1]  0.43896568 -0.16086596 -0.46904083 -0.35396658  0.37563057  0.45967160
##  [7] -0.04354945 -0.46489357 -0.08195265  0.30000120
##
## $vec2
##  [1]  0.4736267 -0.4574200 -0.2510918  0.1670033  0.1576037 -0.2958055
##  [7] -0.2890274  0.2717253  0.5084723 -0.2850866
##
## $vec3
##  [1] -0.30810428 -0.25940378  0.41172945  0.28176660  0.39193491 -0.48595617
##  [7]  0.22683609  0.13799156 -0.03932333 -0.35747105
```

Come per i cicli `for` (ricordo che `*apply` e `for` sono identici), `x` è solo un placeholder (analogo di `i`) e può essere qualsiasi lettera o nome

Tutte le tipologie di `*apply`

Vediamo tutti i tipi di `*apply` che ci sono. Alcuni sono più *utili* altri più *robusti* e altri ancora poco utilizzati:

- `lapply()`: la funzione di base
- `sapply()`: `simplified-apply`
- `tapply()`: poco utilizzata, utile con i *fattori*
- `apply()`: utile per i *dataframe/matrici*
- `mapply()`: versione multivariata, utilizza *più liste contemporaneamente*
- `vapply()`: utilizzata dentro le funzioni e pacchetti

`lapply`

`lapply` sta per list-apply e restituisce sempre una lista, applicando la funzione ad ogni elemento della lista in input:

```
res <- lapply(my_list, mean)
res
```

```
## $vec1
## [1] 0.5321221
##
## $vec2
## [1] 0.4693367
##
## $vec3
## [1] 0.5775689
```

```
class(res)
```

```
## [1] "list"
```

sapply

`sapply` sta per simplified-apply e (cerca) di restituire una versione più semplice di una lista, applicando la funzione ad ogni elemento della lista in input:

```
res <- sapply(my_list, mean)
res
```

```
##      vec1      vec2      vec3
## 0.5321221 0.4693367 0.5775689
```

```
class(res)
```

```
## [1] "numeric"
```

`apply`

`apply` funziona in modo specifico per dataframe o matrici, applicando una funzione alle righe o alle colonne:

- `apply(dataframe, index, fun)`

```
# index 1 = riga, 2 = colonna
my_dataframe <- data.frame(my_list)
head(my_dataframe)
```

```
##         vec1       vec2       vec3
## 1 0.97108774 0.94296333 0.26946467
## 2 0.37125610 0.01191667 0.31816516
## 3 0.06308123 0.21824490 0.98929840
## 4 0.17815548 0.63633996 0.85933554
## 5 0.90775263 0.62694039 0.96950386
## 6 0.99179366 0.17353119 0.09161278
```

```
apply(my_dataframe, 1, mean)
```

```
##  [1] 0.7278386 0.2337793 0.4235415 0.5579437 0.8347323 0.4189792 0.4910956
##  [8] 0.5079503 0.6554080 0.4121571
```

`tapply`

`tapply` permette di applicare una funzione ad un *vettore*, dividendo questo vettore in base ad una variabile categoriale:

- `tapply(dataframe, index, fun)`: dove `index` è un vettore di stringa o un fattore

```
vec <- rnorm(75)
index <- rep(c("a", "b", "c"), each = 25)

tapply(vec, index, mean)
```

```
##           a           b           c
## -0.28092937  0.02470015  0.34176671
```

`vapply`

`vapply` è una versione più *solida* delle precedenti dal punto di vista di programmazione. In pratica permette (e richiede) di specificare in anticipo la tipologia di dato che ci aspettiamo come risultato

`vapply(X = , FUN = , FUN.VALUE = ,... )`

```
vapply(my_list, FUN = mean, FUN.VALUE = numeric(length = 1))
```

```
##      vec1      vec2      vec3
## 0.5321221 0.4693367 0.5775689
```

- `my_list, FUN = mean`: è esattamente uguale a `sapply/lapply`
- `FUN.VALUE = numeric(length = 1)`: indica che ogni risultato è un singolo valore numerico

`mapply`

Questa è quella più complicata ma anche molto utile. Praticamente permette di gestire più liste contemporaneamente per scenari più complessi. Ad esempio vogliamo usare la funzione `rnorm()` e generare vettori con diverse **medie** e **deviazioni stardard** in combinazione.

```
medie <- list(10, 20, 30, 40)
stds <- list(1,2,3,4)
mapply(function(x, y) rnorm(n = 10, mean = x, sd = y), medie, stds, SIMPLIFY = FALSE)
```

```
## [[1]]
##  [1] 11.513383  9.351876 11.286100  9.713017  9.460122 10.037715  7.634813
##  [8]  7.667702 10.304900 10.130381
##
## [[2]]
##  [1] 20.97257 18.91955 16.65776 18.25559 20.54704 20.67688 17.39082 19.56777
##  [9] 18.04819 17.68598
##
## [[3]]
##  [1] 28.60873 25.02422 26.67349 30.60479 32.05815 30.30728 22.67807 32.07316
##  [9] 29.04172 29.30439
##
## [[4]]
##  [1] 44.75778 33.20325 42.09038 41.67437 44.83664 43.43826 45.48607 49.45349
##  [9] 40.66351 35.40523
```

`mapply`

```
mapply(function(x, y) rnorm(n = 10, mean = x, sd = y), medie, stds, SIMPLIFY = FALSE)
```

- `function(...)`: è una funzione anonima come abbiamo visto prima che può avere *n* elementi
- `rnorm(n = 10, mean = x, sd = y)`: è l'effettiva funzione anonima dove abbiamo i placeholders `x` and `y`
- `medie, stds`: sono **in ordine** le liste corrispondenti ai placeholders indicati, quindi `x = medie` e `y = stds`.
- `SIMPLIFY = FALSE`: semplicemente dice di restituire una lista e non cercare (come `sapply`) di semplificare il risultato

`mapply` come `for`

Lo stesso risultato (in modo più verboso e credo meno intuitivo) si ottiene con un `for` usando più volte l'iteratore `i`:

```
medie <- list(10, 20, 30, 40)
stds <- list(1,2,3,4)

res <- vector(mode = "list", length = length(medie))

for(i in 1:length(medie)){
    res[[i]] <- rnorm(10, mean = medie[[i]], sd = stds[[i]])
}

res
```

```
## [[1]]
##  [1]  9.609465 10.099251  9.729565 10.701628 11.517423 10.854578 11.193513
##  [8]  8.783882  9.962854 10.203684
##
## [[2]]
##  [1] 20.11712 19.63444 19.53227 18.42774 18.45437 25.09737 20.66041 21.62812
##  [9] 23.65040 19.24128
##
## [[3]]
##  [1] 28.48391 25.96553 30.45395 25.27906 28.57024 29.02650 36.16756 31.94855
##  [9] 31.19583 31.73772
##
## [[4]]
```

`*apply` alcune precisazioni

`*apply` vettore vs lista

Abbiamo sempre usato esplicitamente `liste` fino ad ora, ma le funzioni `*apply` sono direttamente applicabili anche a **vettori**

- se usiamo un vettore di *n* elementi, allora itereremo da `1:n`
- se usiamo una lista di *n* elementi, allora iteriamo da `1:n` dove il singolo elemento può essere qualsiasi cosa

```
my_vec <- 1:5
my_list <- list(a = 1:2, b = 3:4, c = 5:6)
res <- sapply(my_vec, print)
```

```
## [1] 1
## [1] 2
## [1] 3
## [1] 4
## [1] 5
```

```
res <- sapply(my_list, print)
```

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

`*apply` come un `for`

Nulla ci vieta (ma perdiamo l'aspetto intuitivo e conciso) di usare le funzioni `*apply` esattamente come un ciclo `for`, usando un **iteratore**:

```
medie <- c(10, 20, 30, 40)
stds <- c(1,2,3,4)

res <- lapply(1:length(medie), function(i){
    rnorm(n = 10, mean = medie[i], sd = stds[i])
})
```

Trovo tuttavia più chiara l'alternativa usando `mapply`:

```
mapply(function(x, y) rnorm(n = 10, mean = x, sd = y), medie, stds, SIMPLIFY = FALSE)
```

Extra: `purrr::map*`

Extra: `purrr::map*`

```
put_image("purrr.svg")
```

Senza addentrarci troppo in questo modo, c'è una famiglia di funzioni che una volta imparato `*apply` vi consiglio di usare perchè più consistenti e intuitive, la `map*` family.

Extra: `purrr::map*`

Per usare `purrr::map*` è sufficiente installare il pacchetto `purrr` con `install.packages("purrr")` ed iniziare ad usare le nuove funzioni. La sintassi è esattamente la stessa di `*apply` (qualche modifica ma potete usare la stessa) ma invece che usare una funzione per tutto, abbiamo molte funzioni per ogni casistica:

- `map(lista, funzione)` è l'analogo di `lapply()` e fornisce sempre una lista
- `map_dbl(lista, funzione)` applica la funzione ad ogni elemento e **si aspetta che** il risultato sia un vettore di *double*
- `map_lgl(lista, funzione)` applica la funzione ad ogni elemento e **si aspetta che** il risultato sia un vettore *logico*

Extra: `replicate()` and `repeat()`

Extra: `replicate()` and `repeat()`

Ci sono altre due funzioni in R che permettono di *iterare*. Sono meno utilizzate perchè si ottengono gli stessi risultati usando un semplice `for` o `*apply`.

- `replicate()` permette di ripetere un operazione *n* volte, senza però utilizzare un `iteratore` o un `placeholder`.

- `repeat()` anche repeat permette di ripetere ma fino a che non si verifica un certa condizione (**logica**). Ha una struttura simile al ciclo `while`

Extra: Formula syntax

Formula syntax

In R molte operazioni vengono eseguite usando la **formula syntax** `something ~ something else` ad esempio:

- modelli statistici: `lm(y ~ x, data = data)`, `t.test(y ~ factor, data = data)`
- plot: `boxplot(y ~ x, data = data)`
- ...

In cosa consiste?

Formula syntax

Senza andare nei dettagli tecnici, R usa una cosa che si chiama *lazy evaluation*. In altri termini "salva" delle operazioni per essere eseguite in un secondo momento. Tutti sappiamo che se scriviamo un nome (senza virgolette) e questo non è associato ad un oggetto otteniamo un errore. Tuttavia alcune funzioni come `library()` non forniscono errore. Perchè?

```
stats # errore
```

```
## Error in eval(expr, envir, enclos): object 'stats' not found
```

```
library(stats) # no errore
```

Formula syntax

La ragione è che R è in grado di salvare un'espressione per usarla poi in uno specifico contesto (ad esempio dentro una funzione). La `formula syntax` è un esempio. Usando la tilde `~` possiamo creare delle `formule` che R può utilizzare in specifici contesti:

```
y
```

```
##  [1] a a a a a a a a a a b b b b b b b b b c c c c c c c c c c
## Levels: a b c
```

```
x
```

```
##   [1] -1.05009471  2.02313097 -0.66410131  0.11427841 -0.11410408 -0.07640769
##   [7]  2.18808813  0.53787506 -0.39238042 -0.27259796  0.29287767 -0.42332152
##  [13] -0.21464133  0.11574995  0.51226278  1.66496490 -0.24827988  0.71085636
##  [19] -0.18016749 -0.87746368  0.70222292  0.13700366 -0.50689105 -1.18753081
##  [25]  0.36251440  1.48601118 -0.78204533  0.25792523 -1.67139058  1.14812246
##  [31]  0.79241513  0.30733810 -0.64875568  0.65688461  0.58602930 -0.19935469
##  [37]  1.09075476  0.35528797 -0.13230123  0.26850460  1.90530929 -0.97449591
##  [43] -0.30888579 -1.07525071  1.87034916  0.56675843 -0.21307044 -0.99991642
##  [49] -0.01827639 -0.02712796 -0.45521899  0.28508105 -1.53197377  2.15559472
##  [55] -0.17092880  0.23446270  1.31122579  1.16582395  0.26821643 -0.17424671
##  [61] -0.53527732 -0.38197179  0.95524687 -0.40860636  0.13622924  2.18856751
##  [67]  0.54333064 -1.72347503  0.53910092 -0.89981933 -0.83709740  0.97697132
##  [73]  0.72054645  0.60475875  1.47797948 -0.70274455 -0.34409942  0.22524225
```

Formula syntax e `aggregate()`

Un esempio utile è la funzione `aggregate()` molto interessante per applicare funzioni a dataframe. Immaginate di avere il dataset `iris` e calcolare la media per ogni livello del fattore `Species`:

```
tapply(iris$Sepal.Length, iris$Species)
```

```
##   [1] 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1
##  [38] 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2
##  [75] 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3
## [112] 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3 3
## [149] 3 3
```

```
aggregate(Sepal.Length ~ Species, FUN = mean, data = iris)
```

```
##      Species Sepal.Length
## 1     setosa        5.006
## 2 versicolor        5.936
## 3  virginica        6.588
```

```
# Anche creando un oggetto, ma solo come formula

my_formula <- Sepal.Length ~ Species
my_char <- "Sepal.Length ~ Species"
aggregate(my_char, FUN = mean, data = iris)
```

Formula syntax e `aggregate()`

Ma anche operazioni più complesse:

```
my_iris <- iris
my_iris$fac <- rep(c("a", "b", "c"), 50)
aggregate(Sepal.Length ~ Species + fac, mean, data = my_iris)
```

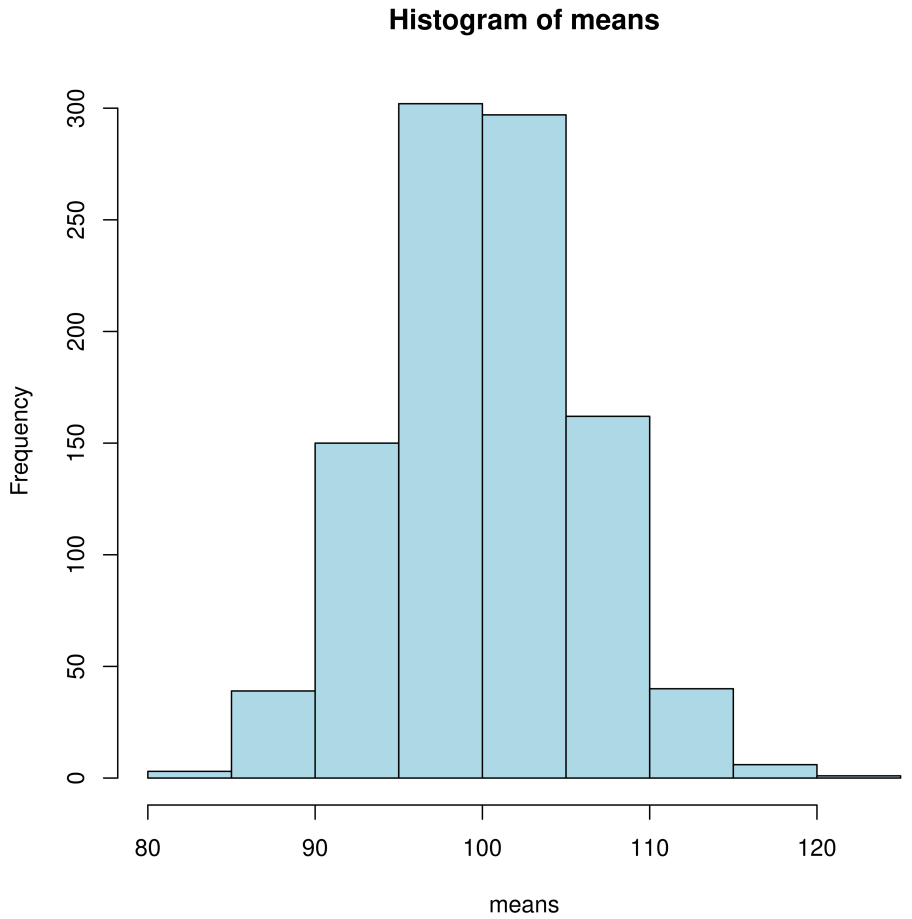
```
##      Species fac Sepal.Length
## 1     setosa   a     5.052941
## 2 versicolor   a     5.770588
## 3  virginica   a     6.756250
## 4     setosa   b     5.011765
## 5 versicolor   b     6.018750
## 6  virginica   b     6.447059
## 7     setosa   c     4.950000
## 8 versicolor   c     6.023529
## 9  virginica   c     6.570588
```

Replicate

`replicate(n, expr)`

- `n` è il numero di ripetizioni
- `expr` è la porzione di codice da ripetere

```
# Campioniamo 1000 volte da una normale e facciamo la media AKA distri

nrep <- 1000
nsample <- 30
media <- 100
ds <- 30

means <- replicate(n = nrep, expr = {
    mean(rnorm(nsample, media, ds))
})
```



repeat()

```
repeat {
    # cose da ripetere

    if(...){ # condizione da valutare

        break # ferma il loop
    }
}
```

```
i <- 1

repeat {
    print(i)
    i = i + 1
    if(i > 3){
        break
    }
}
```

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

`repeat()` vs `while`

```
i <- 1

repeat {
    print(i)
    i = i + 1
    if(i > 3){
        break
    }
}
```

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

```
i <- 1

while(i < 4){
    print(i)
    i <- i + 1
}
```

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

- `repeat` valuta la condizione una volta finita l'iterazione, mentre `while` all'inizio. Se la condizione non è `TRUE` all'inizio, il `while` non parte mentre `repeat` si.