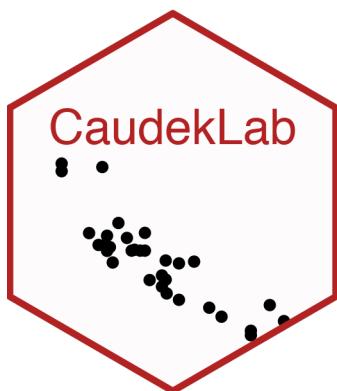


Psicometria

Corrado Caudék

Questo documento è stato realizzato con:

- L^AT_EX e la classe memoir (<http://www.ctan.org/pkg/memoir>);
- R (<http://www.r-project.org/>) e RStudio (<http://www.rstudio.com/>);
- bookdown (<http://bookdown.org/>) e memoiR (<https://ericmarcon.github.io/memoiR/>).



Nel blog della mia pagina personale sono forniti alcuni approfondimenti degli argomenti qui trattati.

<https://ccaudek.github.io/caudeklab/>

Indice

Indice	iii
Prefazione	xiii
La psicologia e la Data Science	xiii
Come studiare	xiv
Sviluppare un metodo di studio efficace	xv
Nozioni preliminari	3
1 Concetti chiave	3
1.1 Popolazioni e campioni	3
1.2 Variabili e costanti	4
Variabili casuali	5
Variabili indipendenti e variabili dipendenti	5
La matrice dei dati	6
1.3 Parametri e modelli	6
1.4 Effetto	7
1.5 Stima e inferenza	7
1.6 Metodi e procedure della psicologia	7
2 La misurazione in psicologia	9
2.1 Le scale di misura	10
Scala nominale	11
Scala ordinale	11
Scala ad intervalli	12
Scala di rapporti	13
2.2 Gerarchia dei livelli di scala di misura	14
2.3 Variabili discrete o continue	14
2.4 Alcune misure sono migliori di altre	15
Tipologie di errori	15
Conclusioni	17
Statistica descrittiva ed analisi esplorativa dei dati	21
3 Statistica descrittiva	21
3.1 Introduzione all'esplorazione dei dati	21
3.2 Un excursus storico	21

3.3	Riassumere i dati	22
3.4	Distribuzioni di frequenze	23
3.5	Istogramma	27
3.6	Kernel density plot	29
3.7	Forma di una distribuzione	30
3.8	Indici di posizione	31
	Quantili	31
	Diagramma a scatola	32
	L'eccellenza grafica	34
3.9	Indici di tendenza centrale	34
	Media	35
	Media spuntata	36
	Moda e mediana	36
3.10	Indici di dispersione	37
	Indici basati sull'ordinamento dei dati	37
	Varianza	37
	Deviazione standard	38
	Deviazione mediana assoluta	39
	Indici di variabilità relativi	39
3.11	Le relazioni tra variabili	40
	Diagramma a dispersione	40
	Covarianza	42
	Correlazione	43
3.12	Correlazione e causazione	44
	Usi della correlazione	44
	Correlazione di Spearman	44
	Correlazione nulla	45
	Considerazioni conclusive	46
	Nozioni di base	49
4	Il calcolo delle probabilità	49
4.1	La probabilità come la logica della scienza	49
4.2	Che cos'è la probabilità?	51
4.3	Variabili casuali e probabilità di un evento	51
	Variabili casuali	51
	Eventi e probabilità	52
4.4	Spazio campionario e risultati possibili	52
4.5	Usare la simulazione per stimare le probabilità	53
4.6	La legge dei grandi numeri	55
4.7	Variabili casuali multiple	57
4.8	Funzione di massa di probabilità	59
	Considerazioni conclusive	61
5	Probabilità condizionata	63
5.1	Probabilità condizionata su altri eventi	63
	La fallacia del pubblico ministero	65
5.2	Legge della probabilità composta	65

5.3	L'indipendenza stocastica	66
Considerazioni conclusive		67
6	Il teorema di Bayes	69
6.1	Il teorema della probabilità totale	69
6.2	La formula di Bayes	71
Motivazioni per una probabilità bayesiana		72
Le probabilità come grado di fiducia		72
Aggiornamento bayesiano		73
Considerazioni conclusive		75
7	Probabilità congiunta	77
7.1	Funzione di probabilità congiunta	77
Proprietà		79
Eventi		79
Regola della catena		79
Funzioni di probabilità marginali		80
7.2	Marginalizzazione nel caso continuo	81
7.3	Verosimiglianza marginalizzata	81
7.4	Indipendenza stocastica	81
Considerazioni conclusive		82
8	Funzione di densità di probabilità	83
8.1	Spinner e variabili casuali continue uniformi	83
Il paradosso delle variabili casuali continue		84
8.2	La funzione di ripartizione per una variabile casuale continua	85
8.3	La distribuzione uniforme	87
8.4	La trasformazione logit	90
8.5	Dagli istogrammi alle densità	93
Considerazioni conclusive		95
9	Valore atteso e varianza	97
9.1	Valore atteso	97
Interpretazione		98
Proprietà del valore atteso		99
Variabili casuali continue		100
9.2	Varianza	101
Formula alternativa per la varianza		102
Variabili casuali continue		102
9.3	Deviazione standard	102
9.4	Standardizzazione	103
9.5	Funzione di ripartizione	103
10	Distribuzioni di v.c. discrete	105
10.1	Una prova Bernoulliana	105
10.2	Una sequenza di prove Bernoulliane	106
Valore atteso e deviazione standard		108
10.3	Distribuzione di Poisson	109
10.4	Alcune proprietà della variabile di Poisson	110

Considerazioni conclusive	111
11 Distribuzioni di v.c. continue	113
11.1 Distribuzione Normale	113
Limite delle distribuzioni binomiali	113
11.2 La Normale prodotta con una simulazione	115
Concentrazione	119
Funzione di ripartizione	119
Distribuzione Normale standard	120
11.3 Teorema del limite centrale	122
11.4 Distribuzione Chi-quadrato	123
Proprietà	123
11.5 Distribuzione t di Student	124
Proprietà	125
11.6 Funzione beta di Eulero	125
11.7 Distribuzione Beta	126
11.8 Distribuzione di Cauchy	128
11.9 Distribuzione log-normale	129
11.10 Distribuzione di Pareto	129
Verosimiglianza	133
12 La funzione di verosimiglianza	133
12.1 Dati e parametri	133
Come impara un modello statistico?	134
12.2 La funzione di verosimiglianza	135
La verosimiglianza del modello binomiale	136
La verosimiglianza vista da vicino	136
La stima di massima verosimiglianza	139
La log-verosimiglianza	139
Derivazione della s.m.v. per una proporzione	140
12.3 La verosimiglianza del modello Normale	141
Simulazione	142
Considerazioni conclusive	145
Inferenza statistica bayesiana	149
13 Il problema inverso	149
13.1 Inferenza bayesiana come un problema inverso	149
Funzioni di probabilità	149
La regola di Bayes	150
13.2 Inferenza bayesiana	151
Notazione	152
Il problema inverso	152
Cos'è un parametro del modello?	152
La distribuzione a priori sui parametri	153
Scelta della distribuzione a priori	154

13.3 Verosimiglianza marginale	155
13.4 La distribuzione a posteriori	155
Considerazioni conclusive	155
14 Distribuzioni a priori coniugate	157
14.1 Il denominatore bayesiano	157
14.2 Il modello Beta-Binomiale	158
Parametri della distribuzione Beta	158
La specificazione della distribuzione a posteriori	161
14.3 Principali distribuzioni coniugate	165
Considerazioni conclusive	166
15 L'effetto della distribuzione a priori sulla distribuzione a posteriore	167
15.1 Stessi dati ma diverse distribuzioni a priori	168
15.2 Dati diversi ma la stessa distribuzione a priori	171
15.3 Dati diversi e diverse distribuzioni a priori	172
15.4 Collegare le intuizioni alla teoria	174
16 Approssimazione della distribuzione a posteriori	177
16.1 Metodo basato su griglia	178
Modello Beta-Binomiale	179
16.2 Approssimazione quadratica	184
16.3 Metodo Monte Carlo	186
16.4 Metodi MC basati su Catena di Markov	187
Catene di Markov	188
Simulare una catena di Markov	190
Campionamento mediante algoritmi MCMC	191
Una passeggiata casuale sui numeri naturali	192
L'algoritmo di Metropolis	195
Una applicazione concreta	197
Implementazione	198
Input	200
16.5 Stazionarietà	201
Autocorrelazione	201
Test di convergenza	202
Considerazioni conclusive	203
17 Modello Beta-Binomiale	205
17.1 Una proporzione	205
Il presidente Trump e l'idrossiclorochina	205
Interfaccia cmdstanr	206
Fase 1	206
Fase 2	208
Burn-in	209
Inferenza	209
La critica di Hulme et al. (2020)	213
17.2 Due proporzioni	213
Considerazioni conclusive	215

18 Diagnostica delle catene markoviane	217
18.1 Esame dei <i>trace plot</i>	217
18.2 Confronto delle catene parallele	219
18.3 Numerosità campionaria effettiva	222
18.4 Autocorrelazione	222
18.5 Statistica \hat{R}	225
18.6 Diagnostica di convergenza di Geweke	226
19 Sintesi a posteriori	229
19.1 Stima puntuale	229
19.2 Intervallo di credibilità	230
Intervallo di credibilità a code uguali	230
Intervallo di credibilità a densità a posteriori più alta	231
Interpretazione	231
19.3 Un esempio concreto	231
Stime puntuali della distribuzione a posteriori	232
Intervallo di credibilità	233
Probabilità della distribuzione a posteriori	234
Considerazioni conclusive	237
20 Distribuzione predittiva a posteriori	239
20.1 Schema Beta-Binomiale	239
20.2 Metodi MCMC per la distribuzione predittiva a posteriori	242
20.3 Posterior predictive checks	246
PPC per il modello di Poisson	248
Considerazioni conclusive	259
21 Modello Normale-Normale	261
21.1 Distribuzione Normale-Normale con varianza nota	261
21.2 Il modello Normale con Stan	262
21.3 Il modello normale con <code>quap()</code>	267
21.4 Il modello normale con <code>brm()</code>	267
Considerazioni conclusive	269
22 Introduzione alla regressione lineare	271
22.1 La funzione lineare	271
22.2 L'errore di misurazione	273
22.3 Una media per ciascuna osservazione	273
Relazione lineare tra la media e il predittore	274
Il modello di regressione lineare	274
Considerazioni conclusive	276
23 Regressione lineare in Stan	277
23.1 La specificazione del modello in linguaggio Stan	277
23.2 Interpretazione dei parametri	284
Centrare i predittori	285
24 Inferenza sul modello di regressione	287
24.1 Rappresentazione grafica dell'incertezza della stima	287
24.2 Intervalli di credibilità	289

24.3 Rappresentazione grafica della distribuzione a posteriori	290
24.4 Test di ipotesi	291
24.5 Regressione robusta	291
25 Confronto tra due gruppi indipendenti	295
25.1 Regressione lineare con una variabile dicotomica	295
Un esempio concreto	296
25.2 La dimensione dell'effetto	299
26 Confronto di k gruppi	301
26.1 Le abilità sociali di un robot	301
26.2 I test statistici dell'Analisi della Varianza	307
Test sull'interazione	309
Test sugli effetti principali	310
26.3 Codice Stan (versione 2)	311
27 Modello gerarchico	315
27.1 Modello gerarchico	315
27.2 Modello ad effetti fissi	316
27.3 Modello gerarchico	318
28 Valutare e confrontare i modelli	325
28.1 Capacità predittiva	325
28.2 Il rasoio di Ockham	326
Stargazing	327
28.3 L'incertezza della previsione	327
28.4 Misurare l'accuratezza	329
Regola di punteggio logaritmica	329
28.5 Entropia	330
Proprietà	330
28.6 Dall'entropia all'accuratezza	331
La divergenza dipende dalla direzione	334
28.7 Expected log predictive density	335
Log pointwise predictive density	335
28.8 Criterio di informazione e convalida incrociata K-fold	337
AIC, DIC e WAIC	338
Convalida incrociata K-fold	339
Confronto tra modelli mediante LOO-CV	342
Outier	347
Considerazioni conclusive	349
A Simbologia di base	351
B Numeri binari, interi, razionali, irrazionali e reali	353
B.1 Numeri binari	353
B.2 Numeri interi	354
B.3 Numeri razionali	354
B.4 Numeri irrazionali	354
B.5 Numeri reali	354
B.6 Intervalli	354

C Insiemi	357
C.1 Operazioni tra insiemi	358
C.2 Diagrammi di Eulero-Venn	359
C.3 Copie ordinate e prodotto cartesiano	359
C.4 Cardinalità	360
D Simbolo di somma (sommatorie)	361
D.1 Manipolazione di somme	362
Proprietà 1	362
Proprietà 2 (proprietà distributiva)	362
Proprietà 3 (proprietà associativa)	362
Proprietà 4	363
Proprietà 5	363
D.2 Doppia sommatoria	363
D.3 Sommatorie (e produttorie) e operazioni vettoriali in \mathbb{R}	364
E Cenni di calcolo combinatorio	367
E.1 Permutazioni semplici	367
E.2 Disposizioni semplici	367
E.3 Combinazioni semplici	368
F Funzioni esponenziale e logaritmica	369
F.1 Funzione esponenziale	369
F.2 Funzione logaritmica	372
G La Normale motivata dal metodo dei minimi quadrati	373
H Aspettative degli individui depressi	377
H.1 La griglia	378
H.2 Distribuzione a priori	378
H.3 Funzione di verosimiglianza	379
H.4 Distribuzione a posteriori	380
H.5 La stima della distribuzione a posteriori (versione 2)	383
H.6 Versione 2	388
I Integrazione di Monte Carlo	391
J Programmare in Stan	393
J.1 Che cos'è Stan?	393
J.2 Interfaccia cmdstanr	394
J.3 Codice Stan	395
Blocco data	395
Blocco parameters	396
Blocco model	396
Blocchi opzionali	397
Sintassi	398
J.4 Workflow	398
K Inferenza su una proporzione con Stan	399

L Minimi quadrati	403
Massima verosimiglianza	404
M Introduzione al linguaggio R	405
M.1 Prerequisiti	405
Installare R e RStudio	405
Utilizzare RStudio per semplificare il lavoro	406
Eseguire il codice	406
M.2 Sintassi di base	407
Utilizzare la console R come calcolatrice	408
Espressioni	409
Oggetti	409
Variabili	409
R console	410
Parentesi	410
I nomi degli oggetti	411
Permanenza dei dati e rimozione di oggetti	411
Chiudere R	412
Creare ed eseguire uno script R con un editore	412
Commentare il codice	412
Cambiare la cartella di lavoro	413
L'oggetto base di R: il vettore	413
Operazioni vettorializzate	413
Vettori aritmetici	414
Generazione di sequenze regolari	415
Generazione di numeri casuali	415
Vettori logici	416
Dati mancanti	416
Vettori di caratteri e fattori	416
Funzioni	417
Scrivere proprie funzioni	418
Pacchetti	419
Installazione e upgrade dei pacchetti	419
Caricare un pacchetto in R	420
M.3 Strutture di dati	420
Classi e modi degli oggetti	420
Vettori	421
Matrici	421
Array	422
Operazioni aritmetiche su vettori, matrici e array	423
Liste	424
Data frame	425
Giochi di carte	430
Variabili locali	431
M.4 Strutture di controllo	431
Il ciclo <code>for</code>	432
M.5 Input/Output	433
La funzione <code>read.table()</code>	433
File di dati forniti da R	434

M.6	Esportazione di un file	434
	Pacchetto <code>rio</code>	434
	Dove sono i miei file?	435
M.7	Manipolazione dei dati	436
	Motivazione	436
	Trattamento dei dati con <code>dplyr</code>	436
	Dati categoriali in R	440
	Creare grafici con <code>ggplot2()</code>	442
	Diagramma a dispersione	443
	Scrivere il codice in R con stile	446
M.8	Flusso di lavoro riproducibile	447
	La crisi della riproducibilità	447
	R-markdown	448
	Compilare la presentazione R-markdown	450
M.9	Dati mancanti	451
	Motivazione	451
	Trattamento dei dati mancanti	451
	Bibliografia	455
	Elenco delle figure	459

Prefazione

Data Science per psicologi contiene il materiale delle lezioni dell'insegnamento di *Psicometria B000286* (A.A. 2021/2022) rivolto agli studenti del primo anno del Corso di Laurea in Scienze e Tecniche Psicologiche dell'Università degli Studi di Firenze.

L'insegnamento di Psicometria si propone di fornire agli studenti un'introduzione all'analisi dei dati in psicologia. Le conoscenze/competenze che verranno sviluppate in questo insegnamento sono quelle della *Data science*, ovvero le conoscenze/competenze che si pongono all'intersezione tra statistica (ovvero, richiedono la capacità di comprendere teoremi statistici) e informatica (ovvero, richiedono la capacità di sapere utilizzare un software).

La psicologia e la Data Science

It's worth noting, before getting started, that this material is hard. If you find yourself confused at any point, you are normal. Any sense of confusion you feel is just your brain correctly calibrating to the subject matter. Over time, confusion is replaced by comprehension
[...] — Richard McElreath

Sembra sensato spendere due parole su un tema che è importante per gli studenti: quello indicato dal titolo di questo Capitolo. È ovvio che agli studenti di psicologia la statistica non piace. Se piacesse, forse studierebbero Data Science e non psicologia; ma non lo fanno. Di conseguenza, gli studenti di psicologia si chiedono: “perché dobbiamo perdere tanto tempo a studiare queste cose quando in realtà quello che ci interessa è tutt’altro?” Questa è una bella domanda.

C’è una ragione molto semplice che dovrebbe farci capire perché la Data Science è così importante per la psicologia. Infatti, a ben pensarci, la psicologia è una disciplina intrinsecamente statistica, se per statistica intendiamo quella disciplina che studia la variazione delle caratteristiche degli individui nella popolazione. La psicologia studia *gli individui* ed è proprio la variabilità inter- e intra-individuale ciò che vogliamo descrivere e, in certi casi, predire. In questo senso, la psicologia è molto diversa dall’ingegneria, per esempio. Le proprietà di un determinato ponte sotto certe condizioni, ad esempio, sono molto simili a quelle di un altro ponte, sotto le medesime condizioni. Quindi, per un ingegnere la statistica è poco importante: le proprietà dei materiali sono unicamente dipendenti dalla loro composizione e restano costanti. Ma lo stesso non può dirsi degli individui: ogni individuo è unico e cambia nel tempo. E le variazioni tra gli individui, e di un individuo nel tempo, sono l’oggetto di studio proprio della

psicologia: è dunque chiaro che i problemi che la psicologia si pone sono molto diversi da quelli affrontati, per esempio, dagli ingegneri. Questa è la ragione per cui abbiamo tanto bisogno della *data science* in psicologia: perché la *data science* ci consente di descrivere la variazione e il cambiamento. E queste sono appunto le caratteristiche di base dei fenomeni psicologici.

Sono sicuro che, leggendo queste righe, a molti studenti sarà venuta in mente la seguente domanda: perché non chiediamo a qualche esperto di fare il “lavoro sporco” (ovvero le analisi statistiche) per noi, mentre noi (gli psicologi) ci occupiamo solo di ciò che ci interessa, ovvero dei problemi psicologici slegati dai dettagli “tecnici” della *data science*? La risposta a questa domanda è che non è possibile progettare uno studio psicologico sensato senza avere almeno una comprensione rudimentale della *data science*. Le tematiche della *data science* non possono essere ignorate né dai ricercatori in psicologia né da coloro che svolgono la professione di psicologo al di fuori dell’Università. Infatti, anche i professionisti al di fuori dall’università non possono fare a meno di leggere la letteratura psicologica più recente: il continuo aggiornamento delle conoscenze è infatti richiesto dalla deontologia della professione. Ma per potere fare questo è necessario conoscere un bel po’ di *data science*! Basta aprire a caso una rivista specialistica di psicologia per rendersi conto di quanto ciò sia vero: gli articoli che riportano i risultati delle ricerche psicologiche sono zeppi di analisi statistiche e di modelli formali. E la comprensione della letteratura psicologica rappresenta un requisito minimo nel bagaglio professionale dello psicologo.

Le considerazioni precedenti cercano di chiarire il seguente punto: la *data science* non è qualcosa da studiare a malincuore, in un singolo insegnamento universitario, per poi poterla tranquillamente dimenticare. Nel bene e nel male, gli psicologi usano gli strumenti della *data science* in tantissimi ambiti della loro attività professionale: in particolare quando costruiscono, somministrano e interpretano i test psicometrici. È dunque chiaro che possedere delle solide basi di *data science* è un tassello imprescindibile del bagaglio professionale dello psicologo. In questo insegnamento verranno trattati i temi base della *data science* e verrà adottato un punto di vista bayesiano, che corrisponde all’approccio più recente e sempre più diffuso in psicologia.

Come studiare

I know quite certainly that I myself have no special talent. Curiosity, obsession and dogged endurance, combined with self-criticism, have brought me to my ideas. — Albert Einstein

Il giusto metodo di studio per prepararsi all’esame di Psicometria è quello di seguire attivamente le lezioni, assimilare i concetti via via che essi vengono presentati e verificare in autonomia le procedure presentate a lezione. Incoraggio gli studenti a farmi domande per chiarire ciò che non è stato capito appieno. Incoraggio gli studenti a utilizzare i forum attivi su Moodle e, soprattutto, a svolgere gli esercizi proposti su Moodle. I problemi forniti su Moodle rappresentano il livello di difficoltà richiesto per superare l’esame e consentono allo studente di comprendere se le competenze sviluppate fino a quel punto sono sufficienti rispetto alle richieste dell’esame.

La prima fase dello studio, che è sicuramente individuale, è quella in cui è necessario acquisire le conoscenze teoriche relative ai problemi che saranno presentati all'esame. La seconda fase di studio, che può essere facilitata da scambi con altri e da incontri di gruppo, porta ad acquisire la capacità di applicare le conoscenze: è necessario capire come usare un software (R) per applicare i concetti statistici alla specifica situazione del problema che si vuole risolvere. Le due fasi non sono però separate: il saper fare molto spesso ci aiuta a capire meglio.

Sviluppare un metodo di studio efficace

Memorization is not learning. — Richard Phillips Feynman

Avendo insegnato Psicometria molte volte in passato ho notato nel corso degli anni che gli studenti con l'atteggiamento mentale che descriverò qui sotto generalmente ottengono ottimi risultati. Alcuni studenti sviluppano naturalmente questo approccio allo studio, ma altri hanno bisogno di fare uno sforzo per maturarlo. Fornisco qui sotto una breve descrizione del “metodo di studio”, che, nella mia esperienza, è il più efficace per affrontare le richieste di questo insegnamento.

- Dedicate un tempo sufficiente al materiale di base, apparentemente facile; assicuratevi di averlo capito bene. Cercate le lacune nella vostra comprensione. Leggere presentazioni diverse dello stesso materiale (in libri o articoli diversi) può fornire nuove intuizioni.
- Gli errori che facciamo sono i nostri migliori maestri. Istintivamente cerchiamo di dimenticare subito i nostri errori. Ma il miglior modo di imparare è apprendere dagli errori che commettiamo. In questo senso, una soluzione corretta è meno utile di una soluzione sbagliata. Quando commettiamo un errore questo ci fornisce un'informazione importante: ci fa capire qual è il materiale di studio sul quale dobbiamo ritornare e che dobbiamo capire meglio.
- C'è ovviamente un aspetto “psicologico” nello studio. Quando un esercizio o problema ci sembra incomprensibile, la cosa migliore da fare è dire: “mi arrendo”, “non ho idea di cosa fare!”. Questo ci rilassa: ci siamo già arresi, quindi non abbiamo niente da perdere, non dobbiamo più preoccuparci. Ma non dobbiamo fermarci qui. Le cose “migliori” che faccio (se ci sono) le faccio quando non ho voglia di lavorare. Alle volte, quando c'è qualcosa che non so fare e non ho idea di come affrontare, mi dico: “oggi non ho proprio voglia di fare fatica”, non ho voglia di mettermi nello stato mentale per cui “in 10 minuti devo risolvere il problema perché dopo devo fare altre cose”. Però ho voglia di *divertirmi* con quel problema e allora mi dedico a qualche aspetto “marginale” del problema, che so come affrontare, oppure considero l'aspetto più difficile del problema, quello che non so come risolvere, ma invece di cercare di risolverlo, guardo come altre persone hanno affrontato problemi simili, opppure lo stesso problema in un altro contesto. Non mi pongo l'obiettivo “risolvi il problema in 10 minuti”, ma invece

quello di farmi un’idea “generale” del problema, o quello di capire un caso più specifico e più semplice del problema. Senza nessuna pressione. Infatti, in quel momento ho deciso di non lavorare (ovvero, di non fare fatica). Va benissimo se “parto per la tangente”, ovvero se mi metto a leggere del materiale che sembra avere poco a che fare con il problema centrale (le nostre intuizioni e la nostra curiosità solitamente ci indirizzano sulla strada giusta). Quando faccio così, molto spesso trovo la soluzione del problema che mi ero posto e, paradossalmente, la trovo in un tempo minore di quello che, in precedenza, avevo dedicato a “lavorare” al problema. Allora perché non faccio sempre così? C’è ovviamente l’aspetto dei “10 minuti” che non è sempre facile da dimenticare. Sotto pressione, possiamo solo agire in maniera automatica, ovvero possiamo solo applicare qualcosa che già sappiamo fare. Ma se dobbiamo imparare qualcosa di nuovo, la pressione è un impedimento.

- È utile farsi da soli delle domande sugli argomenti trattati, senza limitarsi a cercare di risolvere gli esercizi che vengono assegnati. Quando studio qualcosa mi viene in mente: “se questo è vero, allora deve succedere quest’altra cosa”. Allora verifico se questo è vero, di solito con una simulazione. Se i risultati della simulazione sono quelli che mi aspetto, allora vuol dire che ho capito. Se i risultati sono diversi da quelli che mi aspettavo, allora mi rendo conto di non avere capito e ritorno indietro a studiare con più attenzione la teoria che pensavo di avere capito – e ovviamente mi rendo conto che c’era un aspetto che avevo frainteso. Questo tipo di verifica è qualcosa che dobbiamo fare da soli, in prima persona: nessun altro può fare questo al posto nostro.
- Non aspettatevi di capire tutto la prima volta che incontrate un argomento nuovo.¹ È utile farsi una nota mentalmente delle lacune nella vostra comprensione e tornare su di esse in seguito per carcare di colmarle. L’atteggiamento naturale, quando non capiamo i dettagli di qualcosa, è quello di pensare: “non importa, ho capito in maniera approssimativa questo punto, non devo preoccuparmi del resto”. Ma in realtà non è vero: se la nostra comprensione è superficiale, quando il problema verrà presentato in una nuova forma, non riusciremo a risolverlo. Per cui i dubbi che ci vengono quando studiamo qualcosa sono il nostro alleato più prezioso: ci dicono esattamente quali sono gli aspetti che dobbiamo approfondire per potere migliorare la nostra preparazione.
- È utile sviluppare una visione d’insieme degli argomenti trattati, capire l’obiettivo generale che si vuole raggiungere e avere chiaro il contributo che i vari pezzi di informazione forniscono al raggiungimento di tale obiettivo. Questa organizzazione mentale del materiale di studio facilita la comprensione. È estremamente utile creare degli schemi di ciò che si sta studiando. Non aspettate che sia io a fornirvi un riepilogo di ciò che dovete imparare: sviluppate da soli tali schemi e tali riassunti.

¹Ricordatevi inoltre che gli individui tendono a sottostimare la propria capacità di apprendere (Horn & Loewenstein, 2021).

-
- Tutti noi dobbiamo imparare l'arte di trovare le informazioni, non solo nel caso di questo insegnamento. Quando vi trovate di fronte a qualcosa che non capite, o ottenete un oscuro messaggio di errore da un software, ricordatevi: "Google is your friend".

Corrado Caudek

Febbraio 2022

Nozioni preliminari

Concetti chiave

La *data science* si pone all’intersezione tra statistica e informatica. La statistica è un insieme di metodi per raccogliere i dati ed estrarne informazione; l’informatica implementa tali procedure in un software. Iniziamo la nostra discussione introducendo alcuni concetti fondamentali.

1.1 Popolazioni e campioni

Popolazione. L’analisi dei dati inizia con l’individuazione delle unità portatrici di informazioni circa il fenomeno di interesse. Si dice popolazione (o universo) l’insieme Ω delle entità capaci di fornire informazioni sul fenomeno oggetto dell’indagine statistica. Possiamo scrivere $\Omega = \{\omega_i\}_{i=1,\dots,n} = \{\omega_1, \omega_2, \dots, \omega_n\}$, oppure $\Omega = \{\omega_1, \omega_2, \dots\}$ nel caso di popolazioni finite o infinite, rispettivamente.

L’obiettivo principale della ricerca psicologica è conoscere gli esiti psicologici e i loro fattori trainanti nella popolazione. Questo è l’obiettivo delle sperimentazioni psicologiche e della maggior parte degli studi osservazionali in psicologia. È quindi necessario essere molto chiari sulla popolazione a cui si applicano i risultati della ricerca. La popolazione può essere ben definita, ad esempio, tutte le persone che si trovavano nella città di Hiroshima al momento dei bombardamenti atomici e sono sopravvissute al primo anno, o può essere ipotetica, ad esempio, tutte le persone deppresse che hanno subito o saranno sottoporsi ad un intervento di psicoterapia. Il ricercatore deve sempre essere in grado di determinare se un soggetto appartiene alla popolazione oggetto di interesse.

Una *sottopopolazione* è una popolazione in sé e per sé che soddisfa proprietà ben definite. Negli esempi precedenti, potremmo essere interessati alla sottopopolazione di uomini di età inferiore ai 20 anni o di pazienti depressi sottoposti ad uno specifico intervento psicologico. Molte questioni scientifiche riguardano le differenze tra sottopopolazioni; ad esempio, confrontando i gruppi con o senza psicoterapia per determinare se il trattamento è vantaggioso. I modelli di regressione, introdotti nel Capitolo 22 riguardano le sottopopolazioni, in quan-

to stimano il risultato medio per diversi gruppi (sottopopolazioni) definiti dalle covariate.

Campione. Gli elementi ω_i dell'insieme Ω sono detti *unità statistiche*. Un sottoinsieme della popolazione, ovvero un insieme di elementi ω_i , viene chiamato *campione*. Ciascuna unità statistica ω_i (abbreviata con u.s.) è portatrice dell'informazione che verrà rilevata mediante un'operazione di misurazione.

Un campione è dunque un sottoinsieme della popolazione utilizzato per conoscere tale popolazione. A differenza di una sottopopolazione definita in base a chiari criteri, un campione viene generalmente selezionato tramite un procedura casuale. Il *campionamento casuale* consente allo scienziato di trarre conclusioni sulla popolazione e, soprattutto, di quantificare l'incertezza sui risultati. I campioni di un sondaggio sono esempi di campioni casuali, ma molti studi osservazionali non sono campionati casualmente. Possono essere *campioni di convenienza*, come coorti di studenti in un unico istituto, che consistono di tutti gli studenti sottoposti ad un certo intervento psicologico in quell'istituto. Indipendentemente da come vengono ottenuti i campioni, il loro uso al fine di conoscere una popolazione target significa che i problemi di rappresentatività sono inevitabili e devono essere affrontati.

1.2 Variabili e costanti

Definiamo *variabile statistica* la proprietà (o grandezza) che è oggetto di studio nell'analisi dei dati. Una variabile è una proprietà di un fenomeno che può essere espressa in più valori sia numerici sia categoriali. Il termine “variabile” si contrappone al termine “costante” che descrive una proprietà invariante di tutte le unità statistiche.

Si dice *modalità* ciascuna delle varianti con cui una variabile statistica può presentarsi. Definiamo *insieme delle modalità* di una variabile statistica l'insieme M di tutte le possibili espressioni con cui la variabile può manifestarsi. Le modalità osservate e facenti parte del campione si chiamano *dati* (si veda la Tabella 1.1).

Esempio 1.1. Supponiamo che il fenomeno studiato sia l'intelligenza. In uno studio, la popolazione potrebbe corrispondere all'insieme di tutti gli italiani adulti. La variabile considerata potrebbe essere il punteggio del test standardizzato WAIS-IV. Le modalità di tale variabile potrebbero essere 112, 92, 121, Tale variabile è di tipo quantitativo discreto.

Esempio 1.2. In un altro esempio, il fenomeno studiato è la velocità di esecuzione nel compito Stroop. La popolazione potrebbe corrispondere all'insieme dei bambini dai 6 agli 8 anni. La variabile considerata potrebbe essere il reciproco dei tempi di reazione in secondi. Le modalità di tale variabile potrebbero essere 1/2.35, 1/1.49, 1/2.93, Tale variabile è di tipo quantitativo continuo.

Esempio 1.3. In un altro esempio ancora, il fenomeno studiato potrebbe essere il disturbo di personalità. La popolazione potrebbe corrispondere all'insieme dei detenuti nelle carceri italiane. La variabile considerata potrebbe essere l'assessment del disturbo di personalità tramite interviste cliniche strutturate. Le

modalità di tale variabile potrebbero essere i Cluster A, Cluster B, Cluster C descritti dal DSM-V. Tale variabile è di tipo qualitativo.

Variabili casuali

Il termine *variabile* usato nella statistica è equivalente al termine *variabile casuale* usato nella teoria delle probabilità. Lo studio dei risultati degli interventi psicologici è lo studio delle variabili casuali che misurano questi risultati. Una variabile casuale cattura una caratteristica specifica degli individui nella popolazione e i suoi valori variano tipicamente tra gli individui. Ogni variabile casuale può assumere in teoria una gamma di valori sebbene, in pratica, osserviamo un valore specifico per ogni individuo. Quando faremo riferimento alle variabili casuali considerate in termini generali useremo lettere maiuscole come X e Y ; quando faremo riferimento ai valori che una variabile casuale assume in determinate circostanze useremo lettere minuscole come x e y .

Variabili indipendenti e variabili dipendenti

Un primo compito fondamentale in qualsiasi analisi dei dati è l'identificazione delle variabili dipendenti (Y) e delle variabili indipendenti (X). Le variabili dipendenti sono anche chiamate variabili di esito o di risposta e le variabili indipendenti sono anche chiamate predittori o covariate. Ad esempio, nell'analisi di regressione, che esamineremo in seguito, la domanda centrale è quella di capire come Y cambia al variare di X . Più precisamente, la domanda che viene posta è: se il valore della variabile indipendente X cambia, qual è la conseguenza per la variabile dipendente Y ? In parole povere, le variabili indipendenti e dipendenti sono analoghe a “cause” ed “effetti”, laddove le virgolette usate qui sottolineano che questa è solo un'analogia e che la determinazione delle cause può avvenire soltanto mediante l'utilizzo di un appropriato disegno sperimentale e di un'adeguata analisi statistica.

Se una variabile è una variabile indipendente o dipendente dipende dalla domanda di ricerca. A volte può essere difficile decidere quale variabile è dipendente e quale è indipendente, in particolare quando siamo specificamente interessati ai rapporti di causa/effetto. Ad esempio, supponiamo di indagare l'associazione tra esercizio fisico e insonnia. Vi sono evidenze che l'esercizio fisico (fatto al momento giusto della giornata) può ridurre l'insonnia. Ma l'insonnia può anche ridurre la capacità di una persona di fare esercizio fisico. In questo caso, dunque, non è facile capire quale sia la causa e quale l'effetto, quale sia la variabile dipendente e quale la variabile indipendente. La possibilità di identificare il ruolo delle variabili (dipendente/indipendente) dipende dalla nostra comprensione del fenomeno in esame.

Esempio 1.4. Uno psicologo convoca 120 studenti universitari per un test di memoria. Prima di iniziare l'esperimento, a metà dei soggetti viene detto che si tratta di un compito particolarmente difficile; agli altri soggetti non viene data alcuna indicazione. Lo psicologo misura il punteggio nella prova di memoria di ciascun soggetto.

In questo esperimento, la variabile indipendente è l'informazione sulla difficoltà della prova. La variabile indipendente viene manipolata dallo sperimentatore

assegnando i soggetti (di solito in maniera causale) o alla condizione (modalità “informazione assegnata” o “informazione non data”. La variabile dipendente è ciò che viene misurato nell’esperimento, ovvero il punteggio nella prova di memoria di ciascun soggetto.

La matrice dei dati

Le realizzazioni delle variabili esaminate in una rilevazione statistica vengono organizzate in una *matrice dei dati*. Le colonne della matrice dei dati contengono gli insiemi dei dati individuali di ciascuna variabile statistica considerata. Ogni riga della matrice contiene tutte le informazioni relative alla stessa unità statistica. Una generica matrice dei dati ha l’aspetto seguente:

$$D_{m,n} = \begin{pmatrix} \omega_1 & a_1 & b_1 & \cdots & x_1 & y_1 \\ \omega_2 & a_2 & b_2 & \cdots & x_2 & y_2 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots \\ \omega_n & a_n & b_n & \cdots & x_n & y_n \end{pmatrix}$$

dove, nel caso presente, la prima colonna contiene il nome delle unità statistiche, la seconda e la terza colonna si riferiscono a due mutabili statistiche (variabili categoriali; A e B) e ne presentano le modalità osservate nel campione mentre le ultime due colonne si riferiscono a due variabili statistiche (X e Y) e ne presentano le modalità osservate nel campione. Generalmente, tra le unità statistiche ω_i non esiste un ordine progressivo; l’indice attribuito alle unità statistiche nella matrice dei dati si riferisce semplicemente alla riga che esse occupano.

1.3 Parametri e modelli

Ogni variabile casuale ha una *distribuzione* che descrive la probabilità che la variabile assuma qualsiasi valore in un dato intervallo.¹ Senza ulteriori specificazioni, una distribuzione può fare riferimento a un’intera famiglia di distribuzioni. I parametri, tipicamente indicati con lettere greche come μ e σ , ci permettono di specificare di quale membro della famiglia stiamo parlando. Quindi, si può parlare di una variabile casuale con una distribuzione Normale, ma se viene specificata la media $\mu = 100$ e la varianza $\sigma^2 = 15$, viene individuata una specifica distribuzione Normale – nell’esempio, la distribuzione del quoziente di intelligenza.

I metodi statistici parametrici specificano la famiglia delle distribuzioni e quindi utilizzano i dati per individuare, stimando i parametri, una specifica distribuzione all’interno della famiglia di distribuzioni ipotizzata. Se f è la PDF di una variabile casuale Y , l’interesse può concentrarsi sulla sua media e varianza. Nell’analisi di regressione, ad esempio, cerchiamo di spiegare come i parametri di f dipendano dalle covariate X . Nella regressione lineare classica, assumiamo che Y abbia una distribuzione normale con media $\mu = \mathbb{E}(Y)$, e stimiamo come

¹In questo e nei successivi Paragrafi di questo Capitolo introduco gli obiettivi della *data science* utilizzando una serie di concetti che saranno chiariti solo in seguito. Questa breve panoramica risulterà dunque solo in parte comprensibile ad una prima lettura e serve solo per definire la *big picture* dei temi trattati in questo insegnamento. Il significato dei termini qui utilizzati sarà chiarito nei Capitoli successivi.

$\mathbb{E}(Y)$ dipenda da X . Poiché molti esiti psicologici non seguono una distribuzione normale, verranno introdotte distribuzioni più appropriate per questi risultati. I metodi non parametrici, invece, non specificano una famiglia di distribuzioni per f . In queste dispense faremo riferimento a metodi non parametrici quando discuteremo della statistica descrittiva.

Il termine *modello* è onnipresente in statistica e nella *data science*. Il modello statistico include le ipotesi e le specifiche matematiche relative alla distribuzione della variabile casuale di interesse. Il modello dipende dai dati e dalla domanda di ricerca, ma raramente è unico; nella maggior parte dei casi, esiste più di un modello che potrebbe ragionevolmente usato per affrontare la stessa domanda di ricerca e avendo a disposizione i dati osservati. Nella previsione delle aspettative future dei pazienti depressi che discuteremo in seguito (Zetsche et al., 2019), ad esempio, la specifica del modello include l'insieme delle covariate candidate, l'espressione matematica che collega i predittori con le aspettative future e qualsiasi ipotesi sulla distribuzione della variabile dipendente. La domanda di cosa costituisca un buon modello è una domanda su cui torneremo ripetutamente in questo insegnamento.

1.4 Effetto

L'*effetto* è una qualche misura dei dati. Dipende dal tipo di dati e dal tipo di test statistico che si vuole utilizzare. Ad esempio, se viene lanciata una moneta 100 volte e esce testa 66 volte, l'effetto sarà 66/100. Diventa poi possibile confrontare l'effetto ottenuto con l'effetto nullo che ci si aspetterebbe da una moneta bilanciata (50/100), o con qualsiasi altro effetto che può essere scelto. La *dimensione dell'effetto* si riferisce alla differenza tra l'effetto misurato nei dati e l'effetto nullo (di solito un valore che ci si aspetta di ottenere in base al caso soltanto).

1.5 Stima e inferenza

La stima è il processo mediante il quale il campione viene utilizzato per conoscere le proprietà di interesse della popolazione. La media campionaria è una stima naturale della media della popolazione e la mediana campionaria è una stima naturale della mediana della popolazione. Quando parliamo di stimare una proprietà della popolazione (a volte indicata come parametro della popolazione) o di stimare la distribuzione di una variabile casuale, stiamo parlando dell'utilizzo dei dati osservati per conoscere le proprietà di interesse della popolazione. L'inferenza statistica è il processo mediante il quale le stime campionarie vengono utilizzate per rispondere a domande di ricerca e per valutare specifiche ipotesi relative alla popolazione. Discuteremo le procedure bayesiane dell'inferenza nell'ultima parte di queste dispense.

1.6 Metodi e procedure della psicologia

Un modello psicologico di un qualche aspetto del comportamento umano o della mente ha le seguenti proprietà:

1. CONCETTI CHIAVE

1. descrive le caratteristiche del comportamento in questione,
2. formula predizioni sulle caratteristiche future del comportamento,
3. è sostenuto da evidenze empiriche,
4. deve essere falsificabile (ovvero, in linea di principio, deve potere fare delle predizioni su aspetti del fenomeno considerato che non sono ancora noti e che, se venissero indagati, potrebbero portare a rigettare il modello, se si dimostrassero incompatibili con esso).

L'analisi dei dati valuta un modello psicologico utilizzando strumenti statistici.

Questa dispensa è strutturata in maniera tale da rispecchiare la suddivisione tra i temi della misurazione, dell'analisi descrittiva e dell'inferenza. Nel prossimo Capitolo sarà affrontato il tema della misurazione e, nell'ultima parte della dispensa verrà discusso l'argomento più difficile, quello dell'inferenza. Prima di affrontare il secondo tema, l'analisi descrittiva dei dati, sarà necessario introdurre il linguaggio di programmazione statistica R (un'introduzione a R è fornita in Appendice). Inoltre, prima di potere discutere l'inferenza, dovranno essere introdotti i concetti di base della teoria delle probabilità, in quanto l'inferenza non è che l'applicazione della teoria delle probabilità all'analisi dei dati.

La misurazione in psicologia

Introduco il problema della misurazione in psicologia parlando dell'intelligenza. In quanto psicologi, siamo abituati a pensare alla misurazione dell'intelligenza, ma anche le persone che non sono psicologi sono ben familiari con la misurazione dell'intelligenza: tra le misurazioni delle caratteristiche psicologiche, infatti, la misurazione dell'intelligenza è forse la più conosciuta.

I test di intelligenza consistono in una serie di problemi di carattere verbale, numerico o simbolico. Come ci si può aspettare, alcune persone riescono a risolvere correttamente un numero maggiore di problemi di altre. Possiamo contare il numero di risposte corrette e osservare le differenze individuali nei punteggi calcolati. Scopriamo in questo modo che le differenze individuali nell'abilità di risolvere tali problemi risultano sorprendentemente stabili nell'età adulta. Inoltre, diversi test di intelligenza tendono ad essere correlati positivamente: le persone che risolvono un maggior numero di problemi verbali, in media, tenderanno anche a risolvere correttamente un numero più grande di numerici e simbolici. Esiste quindi una notevole coerenza delle differenze osservate tra le persone, sia nel tempo sia considerando diverse procedure di test e valutazione.

Avendo stabilito che ci sono differenze individuali tra le persone, è possibile esaminare le associazioni tra i punteggi dei test di intelligenza e altre variabili. Possiamo indagare se le persone con punteggi più alti nei test di intelligenza, rispetto a persone che ottengono punteggi più bassi, hanno più successo sul lavoro; se guadagnano di più; se votano in modo diverso; o se hanno un'aspettativa di vita più alta. Possiamo esaminare le differenze nei punteggi dei test di intelligenza in funzione di variabili come il genere, il gruppo etnico-razziale o lo stato socio-economico. Possiamo fare ricerche sull'associazione tra i punteggi dei test di intelligenza e l'efficienza dell'elaborazione neuronale, i tempi di reazione o la quantità di materia grigia all'interno della scatola cranica. Tutte queste ricerche sono state condotte e gli psicologi hanno scoperto una vasta gamma di associazioni tra le misure dell'intelligenza e altre variabili. Alcune di queste associazioni sono grandi e stabili, altre sono piccole e difficili da replicare. In riferimento all'intelligenza, dunque, gli psicologi hanno condotto un enorme numero

di ricerche ponendosi domande diverse. In quali condizioni si verificano determinati effetti? Quali variabili mediano o moderano le relazioni tra i punteggi dei test di intelligenza e altre variabili? Queste relazioni si mantengono stabili in diversi gruppi di persone? Le ricerche sull'intelligenza umana sono un campo in continuo sviluppo.

Tuttavia, tuttavia una domanda sorge spontanea: i test di intelligenza misurano davvero qualcosa e, in caso affermativo, che cos'è questo qualcosa? Infatti, dopo un secolo di teoria e ricerca sui punteggi dei test di intelligenza e, in generale, sui test psicologici, non sappiamo ancora con precisione cosa effettivamente questi test misurano. Queste considerazioni relative ai test di intelligenza ci conducono dunque alla domanda che ha motivato le precedenti considerazioni: cosa significa misurare un attributo psicologico? Questa è una domanda a cui è difficile rispondere, una domanda a cui è dedicata un'intera area di ricerca, quella della teoria della misurazione psicologica.

Non possiamo qui entrare nel merito delle complessità formali della teoria della misurazione psicologica – questo argomento verrà approfondito nei successivi insegnamenti sulla testistica psicologica. Ci limiteremo invece a presentare alcune nozioni di base su un tema centrale della teoria della misurazione psicologica: il tema delle scale delle misure psicologiche.

2.1 Le scale di misura

In generale possiamo dire che la teoria della misurazione si occupa dello studio delle relazioni esistenti tra due domini: il “mondo fisico” e il “mondo psicologico”. Secondo la teoria della misurazione, la misurazione è un’attività rappresentativa, cioè è un processo di assegnazione di numeri in modo tale da preservare, all’interno del dominio numerico, le relazioni qualitative che sono state osservate nel mondo empirico. La teoria della misurazione ha lo scopo di specificare le condizioni necessarie per la costruzione di una rappresentazione adeguata delle relazioni empiriche all’interno di un sistema numerico. Da una prospettiva formale, le operazioni descritte dalla teoria della misurazione possono essere concettualizzate in termini di mappatura tra le relazioni esistenti all’interno di due insiemi (quello empirico e quello numerico). Il risultato di questa attività è chiamato “scala di misurazione”.

Una famosa teoria delle scale di misura è stata proposta da Stevens (1946). Stevens ci fa notare che, in linea di principio, le variabili psicologiche sono in grado di rappresentare (preservare) con diversi gradi di accuratezza le relazioni qualitative che sono state osservate nei fenomeni psicologici. Secondo la teoria di Stevens, possiamo distinguere tra quattro scale di misura: le scale nominali (*nominal scales*), ordinali (*ordinal scales*), a intervalli (*interval scales*), di rapporti (*ratio scales*). Tali scale di misura consentono operazioni aritmetiche diverse, come indicato nella tabella successiva, in quanto ciasuna di esse è in grado di “catturare” soltanto alcune delle proprietà dei fenomeni psicologici che intende misurare.

Scale di modalità	Operazioni aritmetiche
nominali	enumerare le classi di equivalenza e/o le frequenze per ciascuna classe di equivalenza
ordinali	enumerare le classi di equivalenza e/o le frequenze per ciascuna classe di equivalenza
intervallari	differenze (rapporti tra differenze)
di rapporti	rapporti diretti tra le misure

Scala nominale

Il livello di misurazione più semplice è quello della scala nominale. Questa scala di misurazione corrisponde ad una tassonomia. I simboli o numeri che costituiscono questa scala non sono altro che i nomi delle categorie che utilizziamo per classificare i fenomeni psicologici. In base alle misure fornite da una scala nominale, l'unica cosa che siamo in grado di dire a proposito di una caratteristica psicologica è se essa è uguale o no ad un'altra caratteristica psicologica.

La scala nominale raggruppa dunque i dati in categorie qualitative *mutuamente esclusive* (cioè nessun dato si può collocare in più di una categoria). Esiste la sola relazione di equivalenza tra le misure delle u.s., cioè nella scala nominale gli elementi del campione appartenenti a classi diverse sono differenti, mentre tutti quelli della stessa classe sono tra loro equivalenti: $x_i = x_j$ oppure $x_i \neq x_j$.

L'unica operazione algebrica che possiamo compiere sulle modalità della scala nominale è quella di contare le u.s. che appartengono ad ogni modalità e contare il numero delle modalità (classi di equivalenza). Dunque la descrizione dei dati avviene tramite le frequenze assolute e le frequenze relative.

A partire da una scala nominale è possibile costruire altre scale nominali che sono equivalenti alla prima trasformando i valori della scala di partenza in modo tale da cambiare i nomi delle modalità, ma lasciando però inalterata la suddivisione u.s. nelle medesime classi di equivalenza. Questo significa che prendendo una variabile misurata su scala nominale e cambiando i nomi delle sue categorie otteniamo una nuova variabile esattamente corrispondente alla prima.

Scala ordinale

La scala ordinale conserva la proprietà della scala nominale di classificare ciascuna u.s. all'interno di una e una sola categoria, ma alla relazione di equivalenza tra elementi di una stessa classe aggiunge la relazione di ordinamento tra le classi di equivalenza. Essendo basata su una relazione d'ordine, una scala ordinale descrive soltanto l'ordine di rango tra le modalità, ma non ci dà alcuna informazione su quanto una modalità sia più grande di un'altra. Non ci dice, per esempio, se la distanza tra le modalità a e b sia uguale, maggiore o minore della distanza tra le modalità b e c .

Esempio 2.1. Un esempio classico di scala ordinale è quello della scala Mohs per la determinazione della durezza dei minerali. Per stabilire la durezza dei

minerali si usa il criterio empirico della scalfittura. Vengono stabiliti livelli di durezza crescente da 1 a 10 con riferimento a dieci minerali: talco, gesso, calcite, fluorite, apatite, ortoclasio, quarzo, topazio, corindone e diamante. Un minerale appartenente ad uno di questi livelli se scalfisce quello di livello inferiore ed è scalfito da quello di livello superiore.

Scala ad intervalli

La scala ad intervalli include le proprietà di quella nominale e di quella ordinale, e in più consente di misurare le distanze tra le coppie di u.s. nei termini di un intervallo costante, chiamato *unità di misura*, a cui viene attribuito il valore “1”. La posizione dell’origine della scala, cioè il punto zero, è scelta arbitrariamente, nel senso che non indica l’assenza della quantità che si sta misurando. Avendo uno zero arbitrario, questa scala di misura consente valori negativi. Lo zero, infatti, *non* viene attribuito all’u.s. in cui la proprietà misurata risulta assente.

La scala a intervalli equivalenti ci consente di effettuare operazioni algebriche basate sulla differenza tra i numeri associati ai diversi punti della scala, operazioni algebriche non era possibile eseguire nel caso di misure a livello di scala ordinale o nominale. Il limite della scala ad intervalli è quello di non consentire il calcolo del rapporto tra coppie di misure. Possiamo dire, per esempio, che la distanza tra a e b è la metà della distanza tra c e d . Oppure che la distanza tra a e b è uguale alla distanza tra c e d . Non possiamo dire, però, che a possiede la proprietà misurata in quantità doppia rispetto b . Non possiamo cioè stabilire dei rapporti diretti tra le misure ottenute. Solo per le *differenze* tra le modalità sono dunque permesse tutte le operazioni aritmetiche: le differenze possono essere tra loro sommate, elevate a potenza oppure divise, determinando così le quantità che stanno alla base della statistica inferenziale.

Nelle scale ad intervalli equivalenti, l’unità di misura è arbitraria, ovvero può essere cambiata attraverso una dilatazione, operazione che consiste nel moltiplicare tutti i valori della scala per una costante positiva. Poiché l’aggiunta di una costante non altera le differenze tra i valori della scala, è anche ammessa la traslazione, operazione che consiste nel sommare una costante a tutti i valori della scala. Essendo la scala invariante rispetto alla traslazione e alla dilatazione, le trasformazioni ammissibili sono le *trasformazioni lineari*:

$$y' = a + by, \quad b > 0.$$

L’aspetto che rimane invariante a seguito di una trasformazione lineare è l’ugualanza dei rapporti fra intervalli.

Esempio 2.2. Esempio di scala ad intervalli è la temperatura misurata in gradi Celsius o Fahrenheit, ma non Kelvin. Come per la scala nominale, è possibile stabilire se due modalità sono uguali o diverse: $30^{\circ}\text{C} \neq 20^{\circ}\text{C}$. Come per la scala ordinale è possibile mettere due modalità in una relazione d’ordine: $30^{\circ}\text{C} > 20^{\circ}\text{C}$. In aggiunta ai casi precedenti, però, è possibile definire una unità di misura per cui è possibile dire che tra 30°C e 20°C c’è una differenza di $30^{\circ} - 20^{\circ} = 10^{\circ}\text{C}$. I valori di temperatura, oltre a poter essere ordinati secondo l’intensità del fenomeno, godono della proprietà che le differenze tra loro sono direttamente confrontabili e quantificabili.

Il limite della scala ad intervalli è quello di non consentire il calcolo del rapporto tra coppie di misure. Ad esempio, una temperatura di 80°C non è il doppio di una di 40°C . Se infatti esprimiamo le stesse temperature nei termini della scala Fahrenheit, allora i due valori non saranno in rapporto di 1 a 2 tra loro. Infatti, $20^{\circ}\text{C} = 68^{\circ}\text{F}$ e $40^{\circ}\text{C} = 104^{\circ}\text{F}$. Questo significa che la relazione “il doppio di” che avevamo individuato in precedenza si applicava ai numeri della scala centigrada, ma non alla proprietà misurata (cioè la temperatura). La decisione di che scala usare (Centigrada vs. Fahrenheit) è arbitraria. Ma questa arbitrarietà non deve influenzare le inferenze che traiamo dai dati. Queste inferenze, infatti, devono dirci qualcosa a proposito della realtà empirica e non possono in nessun modo essere condizionate dalle nostre scelte arbitrarie che ci portano a scegliere la scala Centigrada piuttosto che quella Fahrenheit.

Consideriamo ora l’aspetto invariante di una trasformazione lineare, ovvero l’uguaglianza dei rapporti fra intervalli. Prendiamo in esame, ad esempio, tre temperature: $20^{\circ}\text{C} = 68^{\circ}\text{F}$, $15^{\circ}\text{C} = 59^{\circ}\text{F}$, $10^{\circ}\text{C} = 50^{\circ}\text{F}$.

È facile rendersi conto del fatto che i rapporti fra intervalli restano costanti indipendentemente dall’unità di misura che è stata scelta:

$$\frac{20^{\circ}\text{C} - 10^{\circ}\text{C}}{20^{\circ}\text{C} - 15^{\circ}\text{C}} = \frac{68^{\circ}\text{F} - 50^{\circ}\text{F}}{68^{\circ}\text{F} - 59^{\circ}\text{F}} = 2.$$

Scala di rapporti

Nella scala a rapporti equivalenti la posizione dello zero non è arbitraria, ma corrisponde all’elemento dotato di intensità nulla rispetto alla proprietà misurata. Una scala a rapporti equivalenti si costruisce associando il numero 0 all’elemento con intensità nulla; viene poi scelta un’unità di misura u e, ad ogni elemento, si assegna un numero a definito come:

$$a = \frac{d}{u}$$

dove d rappresenta la distanza dall’origine. Alle u.s. vengono dunque assegnati dei numeri tali per cui le differenze e i rapporti tra i numeri riflettono le differenze e i rapporti tra le intensità della proprietà misurata.

Operazioni aritmetiche sono possibili non solo sulle differenze tra i valori della scala (come per la scala a intervalli equivalenti), ma anche sui valori stessi della scala. L’unica arbitrarietà riguarda l’unità di misura che si utilizza. L’unità di misura può cambiare, ma qualsiasi unità di misura si scelga, lo zero deve sempre indicare l’intensità nulla della proprietà considerata.

Le trasformazioni ammissibili a questo livello di scala sono dette trasformazioni di similarità:

$$y' = by, \quad b > 0.$$

A questo livello di scala, a seguito delle trasformazioni ammissibili, rimangono invariati anche i rapporti:

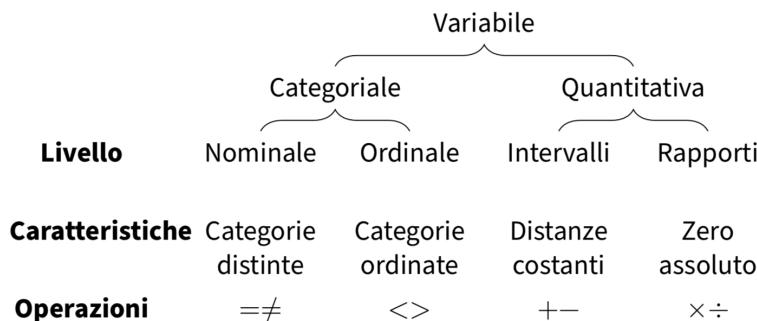
$$\frac{y_i}{y_j} = \frac{y'_i}{y'_j}.$$

2.2 Gerarchia dei livelli di scala di misura

Stevens (1946) parla di *livelli di scala* poiché i quattro tipi di scala di misura stanno in una precisa gerarchia: la scala nominale rappresenta il livello più basso della misurazione, la scala a rapporti equivalenti è invece il livello più alto.

Scale di modalità	Operazioni aritmetiche
nominali	enumerare le classi di equivalenza e/o le frequenze per ciascuna classe di equivalenza
ordinali	enumerare le classi di equivalenza e/o le frequenze per ciascuna classe di equivalenza
intervallari di rapporti	differenze (rapporti tra differenze) rapporti diretti tra le misure

Passando da un livello di misurazione ad uno più alto aumenta il numero di operazioni aritmetiche che possono essere compiute sui valori della scala, come indicato nella figura seguente.

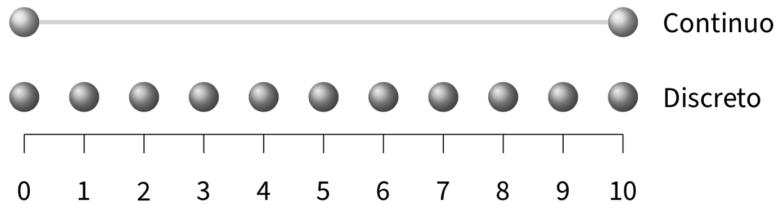


Per ciò che riguarda le trasformazioni ammissibili, più il livello di scala è basso, più le funzioni sono generali (sono minori cioè i vincoli per passare da una rappresentazione numerica ad un'altra equivalente). Salendo la gerarchia, la natura delle funzioni di trasformazione si fa più restrittiva.

2.3 Variabili discrete o continue

Le variabili a livello di intervalli e di rapporti possono essere discrete o continue. Le variabili discrete possono assumere alcuni valori ma non altri. Una volta che l'elenco di valori accettabili è stato specificato, non ci sono casi che cadono tra questi valori. Le variabili discrete di solito assumono valori interi.

Quando una variabile può assumere qualsiasi valore entro un intervallo specificato, allora si dice che la variabile è continua. In teoria, ciò significa che frazioni e decimali possono essere utilizzati per raggiungere un livello di precisione qualsiasi. In pratica, a un certo punto dobbiamo arrotondare i numeri, rendendo tecnicamente la variabile discreta. In variabili veramente discrete, tuttavia, non è possibile aumentare a piacimento il livello di precisione della misurazione.



Esempio 2.3. Il numero di biciclette possedute da una persona è una variabile discreta poiché tale variabile può assumere come modalità solo i numeri interi non negativi. Frazioni di bicicletta non hanno senso.

2.4 Alcune misure sono migliori di altre

In psicologia, ciò che vogliamo misurare non è una caratteristica fisica, ma invece è un concetto teorico inosservabile, ovvero un costrutto.

Un costrutto rappresenta il risultato di una fondata riflessione scientifica, non è per definizione accessibile all'osservazione diretta, ma viene inferito dall'osservazione di opportuni indicatori (Sartori, 2005).

Ad esempio, supponiamo che un docente voglia valutare quanto bene uno studente comprenda la distinzione tra le quattro diverse scale di misura che sono state descritte sopra. Il docente potrebbe predisporre un test costituito da un insieme di domande e potrebbe contare a quante domande lo studente risponde correttamente. Questo test, però, può o può non essere una buona misura del costrutto relativo alla conoscenza effettiva delle quattro scale di misura. Per esempio, se il docente scrive le domande del test in modo ambiguo o se usa una linguaggio troppo tecnico che lo studente non conosce, allora i risultati del test potrebbero suggerire che lo studente non conosce la materia in questione anche se in realtà questo non è vero. D'altra parte, se il docente prepara un test a scelta multipla con risposte errate molto ovvie, allora lo studente può ottenere dei buoni risultati al test anche senza essere in grado di comprendere adeguatamente le proprietà delle quattro scale di misura.

In generale non è possibile misurare un costrutto senza una certa quantità di errore. Poniamoci dunque il problema di determinare in che modo una misurazione possa dirsi adeguata.

Tipologie di errori

L'errore è, per definizione, la differenza tra il valore vero e il valore misurato della grandezza in esame. Gli errori sono classificati come sistematici (o determinati) e casuali (o indeterminati). Gli errori casuali sono fluttuazioni, in eccesso o in difetto rispetto al valore reale, delle singole determinazioni e sono dovuti alle molte variabili incontrollabili che influenzano ogni misura psicologica. Gli errori sistematici, invece, influiscono sulla misurazione sempre nello stesso senso e, solitamente, per una stessa quantità (possono essere additivi o proporzionali).

Le differenze tra le due tipologie di errori, sistematici e casuali, introducono i concetti di accuratezza e di precisione della misura. Una misura viene definita:

- **accurata**, quando vi è un accordo tra la misura effettuata ed il valore reale;
- **precisa** quando, ripetendo più volte la misura, i risultati ottenuti sono concordanti, cioè differiscono in maniera irrilevante tra loro.

La metafora del tiro a bersaglio illustra la relazione tra precisione e accuratezza.

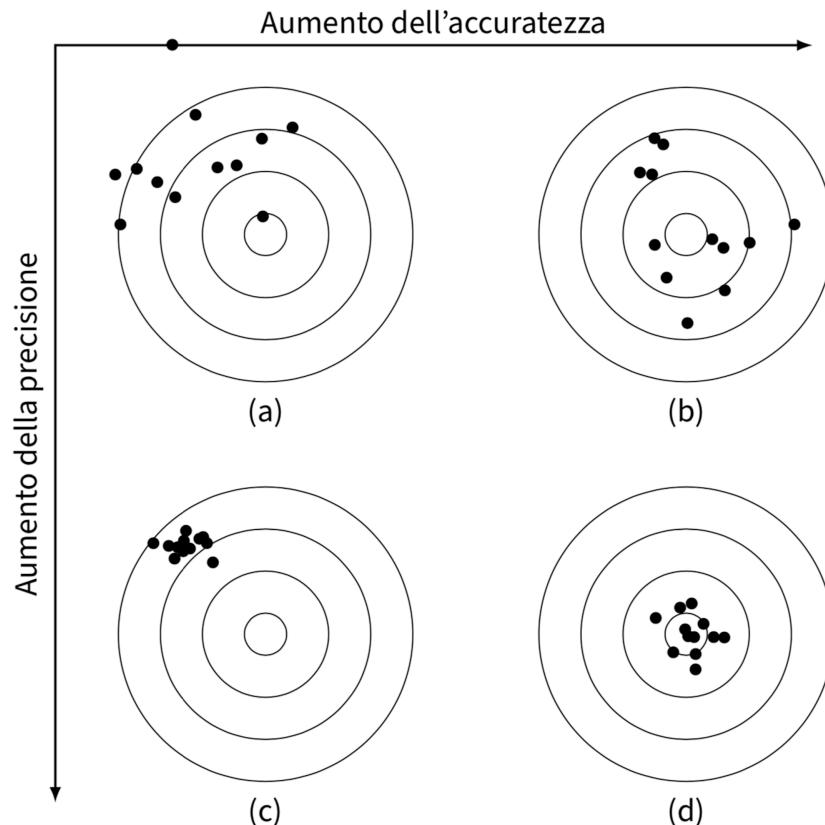


Figura 2.1: Metafora del tiro al bersaglio.

Per tenere sotto controllo l'incidenza degli errori, sono stati introdotti in psicologia i concetti di attendibilità e validità.

Uno strumento si dice **attendibile** quando valuta in modo coerente e stabile la stessa variabile: i risultati ottenuti si mantengono costanti dopo ripetute somministrazione ed in assenza di variazioni psicologiche e fisiche dei soggetti sottoposti al test o cambiamenti dell'ambiente in cui ha luogo la somministrazione.

L'attendibilità di uno strumento, però, non è sufficiente: in primo luogo uno strumento di misura deve essere **valido**, laddove la validità rappresenta il grado in cui uno strumento misura effettivamente ciò che dovrebbe misurare. In genere, si fa riferimento ad almeno quattro tipi di validità.

- La **validità di costrutto** riguarda il grado in cui un test misura ciò per cui è stato costruito. Essa si suddivide in: validità convergente e validità divergente. La validità convergente fa riferimento alla concordanza tra uno

strumento e un altro che misura lo stesso costrutto. La validità divergente, al contrario, valuta il grado di discriminazione tra strumenti che misurano costrutti differenti. Senza validità di costrutto le altre forme di validità non hanno senso.

- In base alla **validità di contenuto**, un test fornisce una misura valida di un attributo psicologico se il dominio dell'attributo è rappresentato in maniera adeguata dagli item del test. Un requisito di base della validità di contenuto è la rilevanza e la rappresentatività del contenuto degli item in riferimento all'attributo che il test intende misurare.
- La **validità di criterio** valuta il grado di concordanza tra i risultati dello strumento considerato e i risultati ottenuti da altri strumenti che misurano lo stesso costrutto, o tra i risultati dello strumento considerato e un criterio esterno. Nella validità concorrente, costrutto e criterio vengono misurati contestualmente, consentendo un confronto immediato. Nella validità predittiva, il costrutto viene misurato prima e il criterio in un momento successivo, consentendo la valutazione della capacità dello strumento di predire un evento futuro.
- Infine, la **validità di facciata** fa riferimento al grado in cui il test appare valido ai soggetti a cui esso è diretto. La validità di facciata è importante in ambiti particolari, quali ad esempio la selezione del personale per una determinata occupazione. In questo caso è ovviamente importante che chi si sottopone al test ritenga che il test vada a misurare quegli aspetti che sono importanti per le mansioni lavorative che dovranno essere svolte, piuttosto che altre cose. In generale, la validità di facciata non è utile, tranne in casi particolari.

Conclusioni

Una domanda che uno psicologo spesso si pone è: “sulla base delle evidenze osservate, possiamo concludere dicendo che l'intervento psicologico è efficace nel trattamento e nella cura del disturbo?” Le considerazioni svolte in questo capitolo dovrebbero farci capire che, prima di cercare di rispondere a questa domanda con l'analisi statistica dei dati, devono essere affrontati i problemi della validità e dell'attendibilità delle misure (oltre a stabilire l'appropriato livello di scala di misura delle osservazioni). L'attendibilità è un prerequisito della validità. Se gli errori di misurazione sono troppo grandi, i dati sono inutili. Inoltre, uno strumento di misurazione può essere preciso ma non valido. La validità e l'attendibilità delle misurazioni sono dunque entrambe necessarie.

In generale, l'attendibilità e la validità delle misure devono essere valutate per capire se i dati raccolti da un ricercatore siano adeguati (1) per fornire una risposta alla domanda della ricerca, e (2) per giungere alla conclusione proposta dal ricercatore alla luce dei risultati dell'analisi statistica che è stata eseguita. È chiaro che le informazioni fornite in questo capitolo si limitano a scalfire la superficie di questi problemi. I concetti qui introdotti, però, devono sempre essere tenuti a mente e costituiscono il fondamento di quanto verrà esposto nei capitoli successivi.

Statistica descrittiva ed analisi esplorativa dei dati

Statistica descrittiva

3.1 Introduzione all'esplorazione dei dati

Le analisi esplorative dei dati e la statistica descrittiva costituiscono la prima fase dell'analisi dei dati psicologici. Ci consentono di capire come i dati sono distribuiti. Inoltre, ci aiutano ad individuare outliers ed errori di tabulazione. Sono anche molto utili per studiare le relazioni tra le variabili. Insomma, sono indispensabili per condurre una qualsiasi analisi statistica, dal livello base a quello avanzato, in modo corretto.

Si parla di analisi descrittiva se l'obiettivo è quello di descrivere le caratteristiche di un campione. Si parla di analisi esplorativa dei dati (*Exploratory Data Analysis* o EDA) se l'obiettivo è quello di esplorare i dati alla ricerca di nuove informazioni e relazioni tra variabili. Questa distinzione, seppur importante a livello teorico, nella pratica è più fumosa perché spesso entrambe le situazioni si verificano contemporaneamente nella stessa indagine statistica e le metodologie di analisi che si utilizzano sono molto simili.

Né il calcolo delle statistiche descrittive né l'analisi esplorativa dei dati possono essere condotte senza utilizzare un software. Le descrizioni dei concetti di base della EDA saranno dunque fornite di pari passo alla spiegazione di come le quantità discusse possono essere calcolate in pratica utilizzando R.

3.2 Un excursus storico

Nel 1907 Francis Galton, cugino di Charles Darwin, matematico e statistico autodidatta, geografo, esploratore, teorico della dattilosopia (ovvero, dell'uso delle impronte digitali a fini identificativi) e dell'eugenetica, scrisse una lettera alla rivista scientifica *Nature* sulla sua visita alla *Fat Stock and Poultry Exhibition* di Plymouth. Lì vide alcuni membri del pubblico partecipare ad un gioco il cui scopo era quello di indovinare il peso della carcassa di un grande bue che era appena stato scuoziato. Galton si procurò i 787 dei biglietti che erano stati

compilati dal pubblico e considerò il valore medio di 547 kg come la “scelta democratica” dei partecipanti, in quanto “ogni altra stima era stata giudicata troppo alta o troppo bassa dalla maggioranza dei votanti”. Il punto interessante è che il peso corretto di 543 kg si dimostrò essere molto simile alla “scelta democratica” basata sulle stime dei 787 partecipanti. Galton intitolò la sua lettera a *Nature Vox Populi* (voce del popolo), ma questo processo decisionale è ora meglio conosciuto come la “saggezza delle folle” (*wisdom of crowds*). Possiamo dire che, nel suo articolo del 1907, Galton effettuò quello che ora chiamiamo un riepilogo dei dati, ovvero calcolò un indice sintetico a partire da un insieme di dati. In questo capitolo esamineremo le tecniche che sono state sviluppate nel secolo successivo per riassumere le grandi masse di dati con cui sempre più spesso ci dobbiamo confrontare. Vedremo come calcolare e interpretare gli indici di posizione e di dispersione, discuteremo le distribuzioni di frequenze e le relazioni tra variabili. Vedremo inoltre quali sono le tecniche di visualizzazione che ci consentono di rappresentare questi sommari dei dati mediante dei grafici. Ma prima di entrare nei dettagli, prendiamoci un momento per capire perché abbiamo bisogno della statistica e, per ciò che stiamo discutendo qui, della statistica descrittiva.

In generale, che cos’è la statistica? Ci sono molte definizioni. Fondamentalmente, la statistica è un insieme di tecniche che ci consentono di dare un senso al mondo attraverso i dati. Ciò avviene tramite il processo di analisi statistica. L’analisi statistica traduce le domande che abbiamo a proposito del mondo in modelli matematici, utilizza i dati per scegliere i modelli matematici che sono appropriati per descrivere il mondo e, infine, applica tali modelli per trovare una risposta alle domande che ci siamo posti. La statistica consente quindi di collegare le nostre domande a proposito del mondo ai dati, di utilizzare i dati per trovare le risposte alle domande che ci siamo posti e di valutare l’impatto delle risposte che abbiamo trovato.

3.3 Riassumere i dati

Iniziamo a porci una domanda. Quando riassumiamo i dati, necessariamente buttiamo via delle informazioni; ma è una buona idea procedere in questo modo? Non sarebbe meglio conservare le informazioni specifiche di ciascun soggetto che partecipa ad un esperimento psicologico, al di là di ciò che viene trasmesso dagli indici riassuntivi della statistica descrittiva? Che dire delle informazioni che descrivono come sono stati raccolti i dati, come l’ora del giorno o l’umore del partecipante? Tutte queste informazioni vengono perse quando riassumiamo i dati. La risposta alla domanda che ci siamo posti è che, in generale, non è una buona idea conservare tutti i dettagli di ciò che sappiamo. È molto più utile riassumere le informazioni perché la semplificazione risultante consente i processi di *generalizzazione*.

In un contesto letterario, l’importanza della generalizzazione è stata sottolineata da Jorge Luis Borges nel suo racconto “Funes o della memoria”, che descrive un individuo che perde la capacità di dimenticare. Borges si concentra sulla relazione tra generalizzazione e pensiero:

Pensare è dimenticare una differenza, generalizzare, astrarre. Nel mondo troppo pieno di Funes, c’erano solo dettagli.

Come possiamo ben capire, la vita di Funes non è facile. Se facciamo riferimento alla psicologia possiamo dire che gli psicologi hanno studiato a lungo l'utilità della generalizzazione per il pensiero. Un esempio è fornito dal fenomeno della formazione dei concetti e lo psicologo che viene in mente a questo proposito è sicuramente Eleanor Rosch, la quale ha studiato i principi di base della categorizzazione. I concetti ci forniscono uno strumento potente per organizzare le conoscenze. Noi siamo in grado di riconoscere facilmente i diversi esemplare di un concetto – per esempio, “gli uccelli” – anche se i singoli esemplari che fanno parte di una categoria sono molto diversi tra loro (l'aquila, il gabbiano, il pettirosso). L'uso dei concetti, cioè la generalizzazione, è utile perché ci consente di fare previsioni sulle proprietà dei singoli esemplari che appartengono ad una categoria, anche se non abbiamo mai avuto esperienza diretta con essi – per esempio, possiamo fare la predizione che tutti gli uccelli possono volare e mangiare vermi, ma non possono guidare un'automobile o parlare in inglese. Queste previsioni non sono sempre corrette, ma sono utili.

Le statistiche descrittive, in un certo senso, ci fornisce l'analogo dei “prototipi” che, secondo Eleanor Rosch, stanno alla base del processo psicologico di creazione dei concetti. Un prototipo è l'esemplare più rappresentativo di una categoria. In maniera simile, una statistica descrittiva come la media, ad esempio, potrebbe essere intesa come l'osservazione “tipica”.

La statistica descrittiva ci fornisce gli strumenti per riassumere i dati che abbiamo a disposizione in una forma visiva o numerica. Le rappresentazioni grafiche più usate della statistica descrittiva sono gli istogrammi, i diagrammi a dispersione o i box-plot, e gli indici sintetici più comuni sono la media, la mediana, la varianza e la deviazione standard.

3.4 Distribuzioni di frequenze

Per introdurre i principali strumenti della statistica descrittiva considereremo qui i dati raccolti da Zetsche et al. (2019)¹. Questi autori hanno studiato le aspettative negative le quali sono state evidenziate come un meccanismo chiave nel mantenimento e nella reiterazione della depressione. Zetsche et al. (2019) hanno valutato le aspettative di individui depressi circa il loro umore futuro ed si sono chiesti se queste aspettative fossero accurate oppure distorte negativamente.

In uno degli studi descritti viene esaminato un campione costituito da 30 soggetti con almeno un episodio depressivo maggiore e da 37 controlli sani. Gli autori hanno misurato il livello depressivo con il *Beck Depression Inventory* (BDI-II). Ma qual è la gravità della depressione riportata dai soggetti nel campione esaminato da Zetsche et al. (2019)?

Per rispondere a questa domanda, iniziamo a leggere in R i dati, assumendo che il file `data.mood.csv` si trovi nella cartella `data` contenuta nella *working directory*.

```
df <- read.csv(  
  here("data", "data.mood.csv"),
```

¹Si veda l'Appendice H.

3. STATISTICA DESCRITTIVA

```
header = TRUE  
)
```

C'è un solo valore BDI-II per ciascun soggetto ma tale valore viene ripetuto tante volte quante volte sono le righe del `data.frame` associate ad ogni soggetto (ciascuna riga corrispondente ad una prova diversa). È dunque necessario trasformare il `data.frame` in modo tale da avere un'unica riga per ciascun soggetto, ovvero un unico valore BDI-II per soggetto.

```
bysubj <- df %>%
  group_by(esm_id) %>%
  summarise(
    bdi = mean(bdi)
  ) %>%
  na.omit()
```

Ci sono dunque 66 soggetti i quali hanno ottenuto i valori sulla scala del BDI-II stampati di seguito. Per semplicità, li presentiamo ordinati dal più piccolo al più grande.

È chiaro che i dati grezzi sono di difficile lettura. Poniamoci dunque il problema di creare una rappresentazione sintetica e comprensibile di questo insieme di valori.

Uno dei modi che ci consentono di effettuare una sintesi dei dati è quello di generare una *distribuzione di frequenze*. Una distribuzione di frequenze è un riepilogo del conteggio della frequenza con cui le modalità osservate in un insieme di dati si verificano in un intervallo di valori.

Per creare una distribuzione di frequenze possiamo procedere effettuando una partizione delle modalità della variabile di interesse in m classi (denotate con Δ_i) tra loro disgiunte. In tale partizione, la classe i -esima coincide con un intervallo di valori aperto a destra $[a_i, b_i)$ o aperto a sinistra $(a_i, b_i]$. Ad ogni classe Δ_i avente a_i e b_i come limite inferiore e superiore associamo l'ampiezza $b_i - a_i$ (non necessariamente uguale per ogni classe) e il valore centrale \bar{x}_i . La scelta delle classi è arbitraria, ma è buona norma non definire classi con un numero troppo piccolo (< 5) di osservazioni. Poiché ogni elemento dell'insieme $\{x_i\}_{i=1}^n$ appartiene ad una ed una sola classe Δ_i , possiamo calcolare le quantità elencate di seguito.

- La *frequenza assoluta* n_i di ciascuna classe, ovvero il numero di osservazioni che ricadono nella classe Δ_i . Proprietà: $n_1 + n_2 + \dots + n_m = n$.
 - La *frequenza relativa* $f_i = n_i/n$ di ciascuna classe. Proprietà: $f_1 + f_2 + \dots + f_m = 1$.

- La *frequenza cumulata* N_i , ovvero il numero totale delle osservazioni che ricadono nelle classi fino alla i -esima compresa: $N_i = \sum_{i=1}^m n_i$.
- La *frequenza cumulata relativa* F_i , ovvero $F_i = f_1 + f_2 + \dots + f_m = \frac{N_i}{n} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^m f_i$.

Calcoliamo ora la distribuzione di frequenza assoluta e la distribuzione di frequenza relativa per i valori del BDI-II del campione clinico di Zetsche et al. (2019). Per costruire una distribuzione di frequenza è innanzitutto necessario scegliere gli intervalli delle classi. Facendo riferimento ai cut-off usati per l'interpretazione del BDI-II, definiamo i seguenti *intervalli aperti a destra*:

- depressione minima: [0, 13.5),
- depressione lieve: [13.5, 19.5),
- depressione moderata: [19.5, 28.5),
- depressione severa: [28.5, 63).

Esaminando i dati, possiamo notare che 36 soggetti cadono nella prima classe, uno nella seconda classe, e così via. La distribuzione di frequenza della variabile `bdi2` è riportata nella tabella seguente. Questa distribuzione di frequenza ci aiuta a capire meglio cosa sta succedendo. Se consideriamo la frequenza relativa, ad esempio, possiamo notare che ci sono due valori maggiormente ricorrenti e tali valori corrispondono alle due classi più estreme. Questo ha senso nel caso presente, in quanto il campione esaminato da Zetsche et al. (2019) includeva due gruppi di soggetti: soggetti sani (con valori BDI-II bassi) e soggetti depressi (con valori BDI-II alti).² In una distribuzione di frequenza tali valori tipici vanno sotto il nome di *mode* della distribuzione.

²In una sezione successiva di questo capitolo discuteremo i principi che, secondo Edward Tufte, devono guidare la Data Science. Parlando delle rappresentazioni grafiche dei dati, Edward Tufte ci dice che la prima cosa da fare è “mostrare i dati”. Questa può sembrare una tautologia, considerato che questo è lo scopo della statistica descrittiva: trasformare i dati attraverso vari indici riassuntivi o rappresentazioni grafiche, in modo tale da renderli *comprendibili*. Tuttavia, spesso le tecniche statistiche vengono usate per *nascondere* e non per *mostrare* i dati. L’uso delle frequenze relative offre un chiaro esempio di questo. Di questi tempi capita spesso di incontrare, sulla stampa, notizie a proposito un nuovo farmaco che, in una prova clinica, ha mostrato risultati incoraggianti che suggeriscono la sua efficacia come possibile trattamento del COVID-19. Alle volte i risultati della sperimentazione clinica sono riportati nei termini di una *frequenza relativa*. Ad esempio, potremmo leggere che l’uso del farmaco ha portato ad una riduzione del 21% dei ricoveri o dei decessi. Sembra tanto. Ma è necessario guardare i dati! Ovvero, molto spesso, quello che *non* viene riportato dai comunicati stampa. Infatti, una riduzione del 21% può corrispondere ad un cambiamento dal 5% al 4%. E una riduzione del 44% può corrispondere ad una differenza di 10 contro 18, o di 5 contro 9, o di 15 contro 27. In altri termini, una proporzione, anche grande, può corrispondere ad una differenza *assoluta* piuttosto piccola: un piccolo passo in avanti, ma non ad un balzo! Per questa ragione, per capire cosa i dati significano, è necessario guardare i dati da diversi punti di vista, utilizzando diverse statistiche descrittive, senza limitarci alla statistica descrittiva che racconta la storia che piace di più. Perché la scelta della statistica descrittiva da utilizzare per riassumere i dati dipende dagli scopi di chi esegue l’analisi statistica: il nostro scopo è quello di capire se il farmaco funziona; lo scopo delle compagnie farmaceutiche è quello di vendere il farmaco. Sono obiettivi molto diversi.

3. STATISTICA DESCRITTIVA

Limiti delle classi	Freq. ass.	Freq. rel.	Freq. ass. cum.	Freq. rel. cum.
[0, 13.5)	36	36/66	36	36/66
[13.5, 19.5)	1	1/66	37	37/66
[19.5, 28.5)	12	12/66	49	49/66
[28.5, 63)	17	17/66	66	66/66

Poniamoci ora il problema di costruire la tabella precedente utilizzando R. Per fare questo useremo la funzione `cut()` che divide il *campo di variazione* (ovvero, la differenza tra il valore massimo di una distribuzione ed il valore minimo) di una variabile continua `x` in intervalli e codifica ciascun valore `x` nei termini dell'intervallo a cui appartiene. Così facendo otteniamo:

```
bysubj$bdi_level <- cut(
  bysubj$bdi,
  breaks = c(0, 13.5, 19.5, 28.5, 63),
  include.lowest = TRUE,
  labels = c(
    "minimal", "mild", "moderate", "severe"
  )
)

bysubj$bdi_level
#> [1] moderate severe  severe  moderate severe  severe
#> [7] severe   severe  moderate severe  moderate mild
#> [13] severe   minimal minimal minimal  severe  moderate
#> [19] minimal   minimal minimal minimal  minimal moderate
#> [25] minimal   minimal minimal minimal  minimal minimal
#> [31] minimal   severe  minimal minimal  severe  minimal
#> [37] moderate  minimal minimal minimal  severe  minimal
#> [43] minimal   severe  severe  moderate severe  severe
#> [49] minimal   moderate minimal moderate severe  moderate
#> [55] moderate  minimal minimal minimal  minimal minimal
#> [61] minimal   minimal minimal minimal  minimal minimal
#> Levels: minimal mild moderate severe
```

Possiamo ora usare la funzione `table()` la quale ritorna un elenco che associa la frequenza assoluta a ciascuna modalità della variabile – ovvero, ritorna la distribuzione di frequenza assoluta.

```
table(bysubj$bdi_level)
#>
#> minimal     mild moderate   severe
#>      36        1       12       17
```

La distribuzione di frequenza relativa si ottiene dividendo ciascuna frequenza assoluta per il numero totale di osservazioni:

```
table(bysubj$bdi_level) / sum(table(bysubj$bdi_level))
#>
#>   minimal      mild   moderate     severe
#> 0.54545455 0.01515152 0.18181818 0.25757576
```

I risultati sono riportati qui sotto:

Limiti delle classi	Frequenza assoluta	Frequenza relativa
[0, 13.5)	36	36/66
[13.5, 19.5)	1	1/66
[19.5, 28.5)	12	12/66
[28.5, 63]	17	17/66

3.5 Istogramma

I dati che sono stati sintetizzati in una distribuzione di frequenze possono essere rappresentati graficamente in un istogramma. Un istogramma si costruisce riportando sulle ascisse i limiti delle classi Δ_i e sulle ordinate i valori della funzione costante a tratti

$$\varphi_n(x) = \frac{f_i}{b_i - a_i}, \quad x \in \Delta_i, i = 1, \dots, m$$

che misura la *densità della frequenza relativa* della variabile X nella classe Δ_i , ovvero il rapporto fra la frequenza relativa f_i e l'ampiezza $(b_i - a_i)$ della classe. In questo modo il rettangolo dell'istogramma associato alla classe Δ_i avrà un'area proporzionale alla frequenza relativa f_i . Si noti che l'area totale dell'istogramma delle frequenze relative è data della somma delle aree dei singoli rettangoli e quindi vale 1.0.

Poniamoci ora il problema di costruire in R un istogramma per i dati BDI-II di Zetsche et al. (2019). Per fare ciò è possibile usare le funzioni del pacchetto `ggplot2`, come indicato di seguito.

```
bysubj %>%
  ggplot(aes(x = bdi)) +
  geom_histogram(
    aes(y = ..density..),
    breaks = c(0, 13.5, 19.5, 28.5, 44.1)
    # il valore BDI-II massimo è 44
  ) +
  scale_x_continuous(
    breaks = c(0, 13.5, 19.5, 28.5, 44.1)
  ) +
  labs(
    x = "BDI-II",
    y = "Densità di frequenza"
  )
```

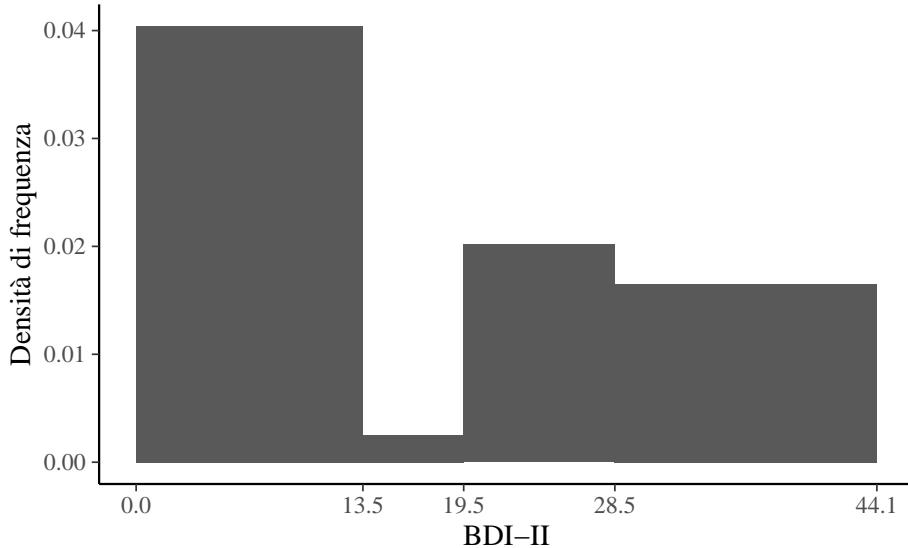


Figura 3.1: Istogramma per i valori BDI-II riportati da Zetsche et al. (2019).

Con i quattro intervalli individuati dai cut-off del BDI-II otteniamo la rappresentazione riportata nella figura 3.1. Per chiarezza, precisiamo che `ggplot()` utilizza intervalli aperti a destra.

Nel caso della prima barra dell’istogramma, l’ampiezza dell’intervallo è pari a 13.5 e l’area della barra (ovvero, la frequenza relativa) è uguale a 36/66. Dunque l’altezza della barra è uguale a $(36/66)/13.5 = 0.040$. Lo stesso procedimento si applica per il calcolo dell’altezza degli altri rettangoli.

Anche se nel caso presente è sensato usare ampiezze diverse per gli intervalli delle classi, in generale gli istogrammi si costruiscono utilizzando intervalli riportati sulle ascisse con un’ampiezza uguale. Questo è il caso dell’istogramma della figura 3.2.

```
bysubj %>%  
  ggplot(aes(x = bdi)) +  
  geom_histogram(  
    aes(y = ..density..),  
    breaks = seq(0, 44.1, length.out = 7)  
  ) +  
  scale_x_continuous(  
    breaks = c(  
      0.00, 7.35, 14.70, 22.05,  
      29.40, 36.75, 44.10  
    )  
  ) +  
  labs(  
    x = "BDI-II",  
    y = "Densità di frequenza"  
  )
```

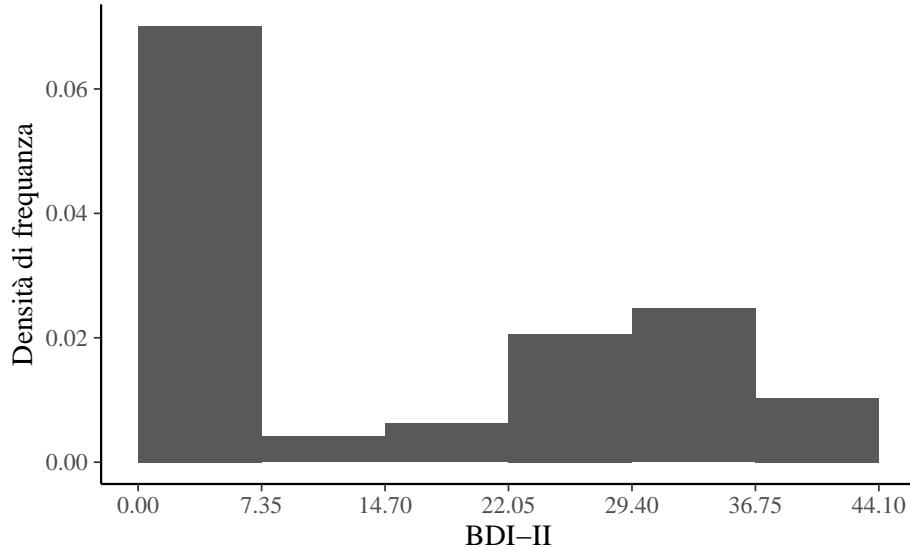


Figura 3.2: Una rappresentazione più comune per l’istogramma dei valori BDI-II nella quale gli intervalli delle classi hanno ampiezze uguali.

3.6 Kernel density plot

Il confronto tra le figure 3.1 e 3.2 rende chiaro il limite dell’istogramma: il profilo dell’istogramma è arbitrario, in quanto dipende dal numero e dall’ampiezza delle classi. Questo rende difficile l’interpretazione.

Il problema precedente può essere alleviato utilizzando una rappresentazione alternativa della distribuzione di frequenza, ovvero la stima della densità della frequenza dei dati (detta anche stima *kernel di densità*). Un modo semplice per pensare a tale rappresentazione, che in inglese va sotto il nome di *kernel density plot* (cioè i grafici basati sulla stima kernel di densità), è quello di immaginare un grande campione di dati, in modo che diventi possibile definire un enorme numero di classi di equivalenza di ampiezza molto piccola, le quali non risultino vuote. In tali circostanze, la funzione di densità empirica non è altro che il profilo *lisciatto* dell’istogramma. La stessa idea si applica anche quando il campione è piccolo. In tali circostanze, invece di raccogliere le osservazioni in barre come negli istogrammi, lo stimatore di densità kernel colloca una piccola “gobba” (*bump*), determinata da un fattore K (kernel) e da un parametro h di smussamento detto ampiezza di banda (*bandwidth*), in corrispondenza di ogni osservazione, quindi somma le gobbe risultanti generando una curva smussata.

L’interpretazione che possiamo attribuire al kernel density plot è simile a quella che viene assegnata agli istogrammi: l’area sottesa al kernel density plot in un certo intervallo rappresenta la proporzione di casi della distribuzione che hanno valori compresi in quell’intervallo.

Esempio 3.1. Vediamo ora come rappresentare con R sia l’istogramma sia il kernel density plot di una variabile numerica impiegando i valori BDI-II di Zetsche et al. (2019).

```

bysubj %>%
  ggplot(aes(x = bdi)) +
  geom_histogram(
    aes(y = ..density..),
    breaks = seq(0, 44.1, length.out = 7)
  ) +
  geom_density(
    aes(x = bdi),
    adjust = 0.5,
    size = 0.8,
    # fill = colors[2],
    alpha = 0.5
  ) +
  labs(
    x = "BDI-II",
    y = "Densità di frequenza"
  )

```

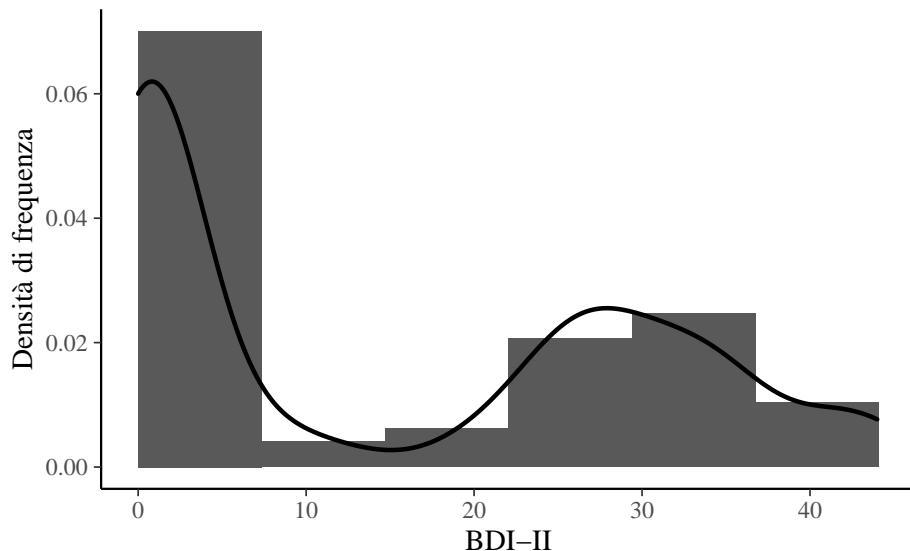


Figura 3.3: Kernel density plot e corrispondente istogramma per i valori BDI-II.

3.7 Forma di una distribuzione

In generale, la forma di una distribuzione descrive come i dati si distribuiscono intorno ai valori centrali. Distinguiamo tra distribuzioni simmetriche e asimmetriche, e tra distribuzioni unimodali o multimodali. Un’illustrazione grafica è fornita nella figura 3.4. Nel pannello 1 la distribuzione è unimodale con asimmetria negativa; nel pannello 2 la distribuzione è unimodale con asimmetria positiva; nel pannello 3 la distribuzione è simmetrica e unimodale; nel pannello 4 la distribuzione è bimodale.

Esempio 3.2. Il kernel density plot della figura 3.3 indica che la distribuzione dei valori del BDI-II nel campione di Zetsche et al. (2019) è bimodale. Ciò indica

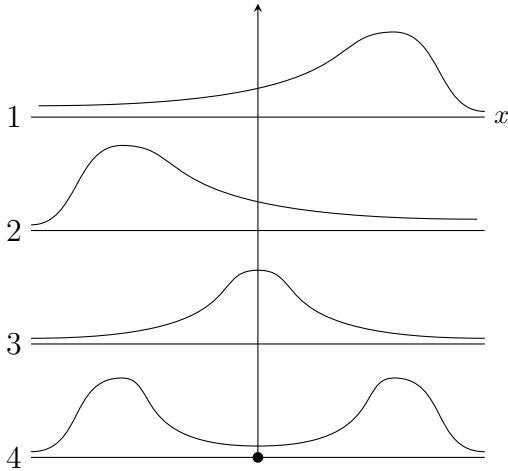


Figura 3.4: 1: Asimmetria negativa. 2: Asimmetria positiva. 3: Distribuzione unimodale. 4: Distribuzione bimodale.

che le osservazioni della distribuzione si addensano in due cluster ben distinti: un gruppo di osservazioni tende ad avere valori BDI-II bassi, mentre l'altro gruppo tende ad avere BDI-II alti. Questi due cluster di osservazioni corrispondono al gruppo di controllo e al gruppo clinico nel campione di dati esaminato da Zetsche et al. (2019).

3.8 Indici di posizione

Nuovamente, se preferite un'introduzione “soft” alla nozione di “tendenza centrale” di una distribuzione statistica, vi rimando nuovamente al [link](#) che ho già suggerito in precedenza.

Quantili

La descrizione della distribuzione dei valori BDI-II di Zetsche et al. (2019) può essere facilitata dalla determinazione di alcuni valori caratteristici che sintetizzano le informazioni contenute nella distribuzione di frequenze. Si dicono *quantili* (o *frattili*) quei valori caratteristici che hanno le seguenti proprietà. I *quartili* sono quei valori che ripartiscono i dati x_i in quattro parti ugualmente numerose (pari ciascuna al 25% del totale). Il primo quartile, q_1 , lascia alla sua sinistra il 25% del campione pensato come una fila ordinata (a destra quindi il 75%). Il secondo quartile q_2 lascia a sinistra il 50% del campione (a destra quindi il 50%). Esso viene anche chiamato *mediana*. Il terzo quartile lascia a sinistra il 75% del campione (a destra quindi il 25%). Secondo lo stesso criterio, si dicono *decili* i quantili di ordine p multiplo di 0.10 e *percentili* i quantili di ordine p multiplo di 0.01.

Come si calcolano i quantili? Consideriamo la definizione di quantile *non interpolato* di ordine p ($0 < p < 1$). Si procede innanzitutto ordinando i dati in ordine crescente, $\{x_1, x_2, \dots, x_n\}$. Ci sono poi due possibilità. Se il valore np non è intero, sia k l'intero tale che $k < np < k + 1$ – ovvero, la parte intera di np . Allora $q_p = x_{k+1}$. Se $np = k$ con k intero, allora $q_p = \frac{1}{2}(x_k + x_{k+1})$.

Se vogliamo calcolare il primo quartile q_1 , ad esempio, utilizziamo $p = 0.25$. Dovendo calcolare gli altri quantili basta sostituire a p il valore appropriato[²].

Gli indici di posizione, tra le altre cose, hanno un ruolo importante, ovvero vengono utilizzati per creare una rappresentazione grafica di una distribuzione di valori che è molto popolare e può essere usata in alternativa ad un istogramma (in realtà vedremo poi come possa essere combinata con un istogramma). Tale rappresentazione va sotto il nome di box-plot.

Esempio 3.3. Per fare un esempio, consideriamo i nove soggetti del campione clinico di Zetsche et al. (2019) che hanno riportato un unico episodio di depressione maggiore. Per tali soggetti i valori ordinati del BDI-II (per semplicità li chiameremo x) sono i seguenti: 19, 26, 27, 28, 28, 33, 33, 41, 43. Per il calcolo del secondo quartile (non interpolato), ovvero per il calcolo della mediana, dobbiamo considerare la quantità $np = 9 \cdot 0.5 = 4.5$, non intero. Quindi, $q_1 = x_{4+1} = 27$. Per il calcolo del quantile (non interpolato) di ordine $p = 2/3$ dobbiamo considerare la quantità $np = 9 \cdot 2/3 = 6$, intero. Quindi, $q_{\frac{2}{3}} = \frac{1}{2}(x_6 + x_7) = \frac{1}{2}(33 + 33) = 33$.

Diagramma a scatola

Il *diagramma a scatola* (o box plot) è uno strumento grafico utile al fine di ottenere informazioni circa la dispersione e l'eventuale simmetria o asimmetria di una distribuzione. Per costruire un box-plot si rappresenta sul piano cartesiano un rettangolo (cioè la “scatola”) di altezza arbitraria la cui base corrisponde alla distanza interquartile ($IQR = q_{0.75} - q_{0.25}$). La linea interna alla scatola rappresenta la mediana $q_{0.5}$. Si tracciano poi ai lati della scatola due segmenti di retta i cui estremi sono detti “valore adiacente” inferiore e superiore. Il valore adiacente inferiore è il valore più piccolo tra le osservazioni che risulta maggiore o uguale al primo quartile meno la distanza corrispondente a 1.5 volte la distanza interquartile. Il valore adiacente superiore è il valore più grande tra le osservazioni che risulta minore o uguale a $Q_3 + 1.5 \cdot IQR$. I valori esterni ai valori adiacenti (chiamati *valori anomali*) vengono rappresentati individualmente nel box-plot per meglio evidenziarne la presenza e la posizione.

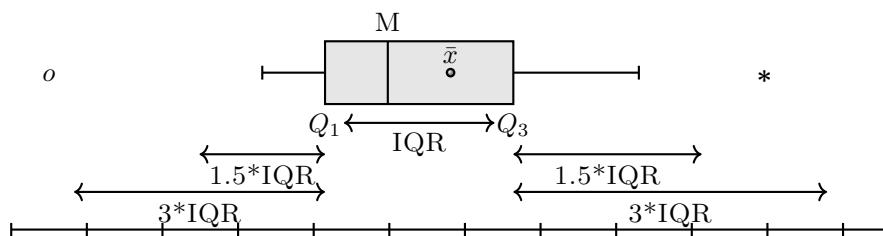


Figura 3.5: Box-plot: M è la mediana, \bar{x} è la media aritmetica e IQR è la distanza interquartile ($Q_3 - Q_1$).

Esempio 3.4. Consideriamo ora un caso concreto nel quale viene utilizzato un box-plot. Nel caso dei dati di Zetsche et al. (2019) ci chiediamo in che modo si differenziano le distribuzioni del BDI-II tra i due gruppi considerati, ovvero tra il gruppo dei pazienti e il gruppo di controllo. La figura 3.6 fornisce due rappresentazioni grafiche che possono essere utilizzate per rispondere a questa domanda.

```

library("patchwork")
bysubj <- df %>%
  group_by(esm_id, group) %>%
  summarise(
    bdi = mean(bdi),
    nr_of_episodes = mean(nr_of_episodes, na.rm = TRUE)
  ) %>%
  na.omit()
p1 <- bysubj %>%
  ggplot(aes(x = group, y = bdi)) +
  geom_violin(trim = FALSE) +
  geom_dotplot(binaxis = "y", stackdir = "center", dotsize = 0.7) +
  labs(
    x = "Gruppo",
    y = "BDI-II"
  )
p2 <- bysubj %>%
  ggplot(aes(x = group, y = bdi)) +
  geom_violin(trim = FALSE) +
  geom_boxplot(width = 0.05) +
  labs(
    x = "Gruppo",
    y = "BDI-II"
  )
p1 + p2

```

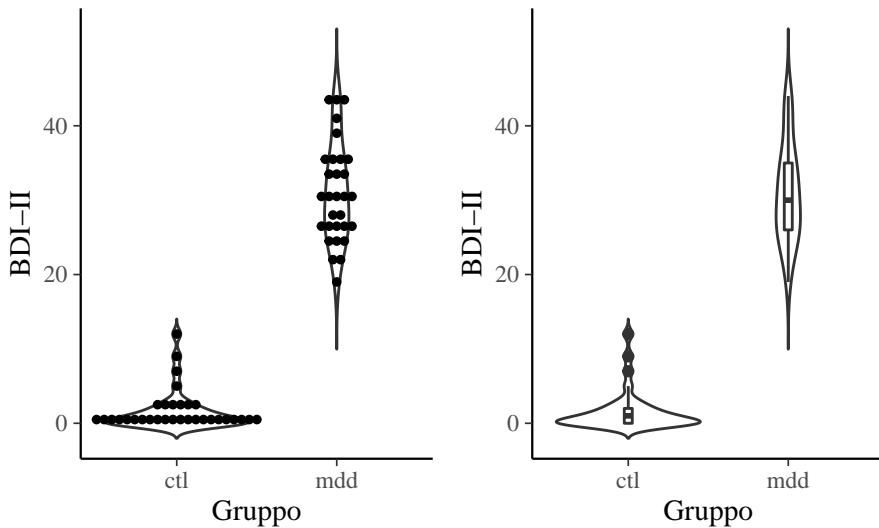


Figura 3.6: Due versioni di un violin plot per i valori BDI-II di ciascuno dei due gruppi di soggetti esaminati da @zetschefuture2019.

Nella figura 3.6 sinistra sono rappresentati i dati grezzi: questa è la pratica migliore quando il numero di osservazioni è piccolo. La linea curva che circonda (simmetricamente) le osservazioni è l'*istogramma lisciano* (kernel density plot) che abbiamo descritto in precedenza. Nella figura 3.6 destra sono rappresentanti

gli stessi dati: il kernel density plot è lo stesso di prima, ma al suo interno è stato collocato un box-plot. Questa seconda rappresentazione è da preferire quando ci sono molte osservazioni e non è utile rappresentare singolarmente ciascun dato. Entrambe le rappresentazioni suggeriscono che la distribuzione dei dati è all'incirca simmetrica nel gruppo clinico (codificato come `mdd`). Il gruppo di controllo (`ctl`) mostra invece un'asimmetria positiva, con tre osservazioni evidenziate nel boxplot come “valori anomali”, ovvero, valori che si discostano dalla mediana di una quantità maggiore di 1.5 IQR.

L'eccellenza grafica

Non c'è un modo “corretto” per rappresentare in forma grafica un insieme di dati. Ciascuno dei grafici che abbiamo discusso ha i suoi pregi e i suoi difetti. Un ricercatore che ha influenzato molto il modo in cui viene realizzata la visualizzazione dei dati scientifici è Edward Tufte, soprannominato dal New York Times il “Leonardo da Vinci dei dati.” Secondo Tufte, “l'eccellenza nella grafica consiste nel comunicare idee complesse in modo chiaro, preciso ed efficiente”. Nella visualizzazione delle informazioni, l’“eccellenza grafica” ha l’obiettivo di comunicare al lettore il maggior numero di idee nel minor tempo possibile, con meno inchiostro possibile, usando il minor spazio possibile. Secondo Tufte (2001), le rappresentazioni grafiche dovrebbero:

1. mostrare i dati;
2. indurre l'osservatore a riflettere sulla sostanza piuttosto che sulla progettazione grafica, o qualcos'altro;
3. evitare di distorcere quanto i dati stanno comunicando (“integrità grafica”);
4. presentare molte informazioni in forma succinta;
5. rivelare la coerenza tra le molte dimensioni dei dati;
6. incoraggiare l'osservatore a comparare differenti porzioni di dati;
7. rivelare i dati a diversi livelli di dettaglio, da una visione ampia alla struttura di base;
8. servire ad uno scopo preciso (descrizione, esplorazione, o la risposta a qualche domanda);
9. essere fortemente integrate con le descrizioni statistiche e verbali dei dati fornite nel testo.

In base a questi principi, la funzione di densità empirica fornisce una rappresentazione migliore dei dati di Zetsche et al. (2019) di quanto lo faccia un istogramma. Inoltre, se oltre al gruppo di appartenenza non ci sono altre dimensioni importanti da mettere in evidenza, allora la nostra scelta dovrebbe ricadere sul pannello di sinistra della figura 3.6. Il seguente [link](#) fornisce diverse interessanti illustrazioni dei principi elencati sopra.

3.9 Indici di tendenza centrale

L'analisi grafica, esaminata in precedenza, costituisce la base di partenza di qualsivoglia analisi quantitativa dei dati. Tramite l'analisi grafica possiamo capire alcune caratteristiche importanti di una distribuzione: per esempio, se

è simmetrica o asimmetrica; oppure se è unimodale o multimodale. Successivamente, possiamo calcolare degli indici numerici che descrivono in modo sintetico le caratteristiche di base dei dati esaminati. Tra le misure di tendenza centrale, ovvero tra gli indici che forniscono un'idea dei valori attorno ai quali sono prevalentemente concentrati i dati di un campione, quella più comunemente usata è la media.

Media

Tutti conosciamo la media aritmetica di $\{x_1, x_2, \dots, x_n\}$, ovvero il numero reale \bar{x} definito da

$$\bar{x} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i. \quad (3.1)$$

Nell'eq. (3.1) abbiamo usato la notazione delle sommatorie per descrivere una somma di valori. Questa notazione è molto usata in statistica e viene descritta in Appendice.

La media gode della seguente importante proprietà: la somma degli scarti tra ciascuna modalità x_i e la media aritmetica \bar{x} è nulla, cioè

$$\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x}) = 0.$$

Infatti,

$$\begin{aligned} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x}) &= \sum_i x_i - \sum_i \bar{x} \\ &= \sum_i x_i - n\bar{x} \\ &= \sum_i x_i - \sum_i x_i = 0. \end{aligned}$$

Ciò ci consente di pensare alla media come al baricentro della distribuzione.

Un'altra proprietà della media è la seguente. La somma dei quadrati degli scarti tra ciascuna modalità x_i e una costante arbitraria $a \in \mathfrak{R}$, cioè

$$\varphi(a) = \sum_{i=1}^n (x_i - a)^2,$$

è minima per $a = \bar{x}$.

Il concetto statistico di media ha suscitato molte battute. Per esempio, il fatto che, in media, ciascuno di noi ha un numero di gambe circa pari a 1.9999999. Oppure, il fatto che, in media, ciascuno di noi ha un testicolo. Ma la media ha altri problemi, oltre al fatto di ispirare battute simili alle precedenti. In particolare, dobbiamo notare che la media non è sempre l'indice che meglio rappresenta la tendenza centrale di una distribuzione. In particolare, ciò non accade quando la distribuzione è asimmetrica, o in presenza di valori anomali (*outlier*) – si veda il pannello di destra della figura 3.6. In tali circostanze, la tendenza centrale della distribuzione è meglio rappresentata dalla mediana o dalla media sputata.

Esempio 3.5. Calcoliamo la media dei valori BDI-II per i due gruppi di soggetti di Zetsche et al. (2019).

```
bysubj %>%
  group_by(group) %>%
  summarise(
    avg_bdi = mean(bdi)
  )
#> # A tibble: 2 x 2
#>   group avg_bdi
#>   <fct>   <dbl>
#> 1 ctl     1.69
#> 2 mdd    30.9
```

Media spuntata

La *media spuntata* \bar{x}_t (*trimmed mean*) non è altro che la media dei dati calcolata considerando solo il 90% (o altra percentuale) dei dati centrali. Per calcolare \bar{x}_t si ordinano i dati secondo una sequenza crescente, $x_1 \leq x_2 \leq x_3 \leq \dots \leq x_n$, per poi eliminare il primo 5% e l'ultimo 5% dei dati della serie così ordinata. La media spuntata è data dalla media aritmetica dei dati rimanenti.

Esempio 3.6. Calcoliamo la media spuntata dei valori BDI-II per i due gruppi di soggetti di Zetsche et al. (2019) escludendo il 10% dei valori più estremi in ciascun gruppo.

```
bysubj %>%
  group_by(group) %>%
  summarise(
    avg_trim_bdi = mean(bdi, trim = 0.1)
  )
#> # A tibble: 2 x 2
#>   group avg_trim_bdi
#>   <fct>      <dbl>
#> 1 ctl        1
#> 2 mdd      30.6
```

Moda e mediana

In precedenza abbiamo già incontrato altri due popolari indici di tendenza centrale: la *moda* (Mo), ovvero il valore centrale della classe con la frequenza massima (può succedere che una distribuzione abbia più mode; in tal caso si dice *multimodale* e questo operatore perde il suo significato di indice di tendenza centrale) e la *mediana* \tilde{x} .

Esempio 3.7. Calcoliamo i quantili di ordine 0.25, 0.5 e 0.75 dei valori BDI-II per i due gruppi di soggetti di Zetsche et al. (2019).

```
bysubj %>%
  group_by(group) %>%
  summarise(
    q25 = quantile(bdi, probs = 0.25),
```

```

q50 = quantile(bdi, probs = 0.50),
q75 = quantile(bdi, probs = 0.75)
)
#> # A tibble: 2 x 4
#>   group    q25    q50    q75
#>   <fct> <dbl> <dbl> <dbl>
#> 1 ctl      0     1     2
#> 2 mdd     26    30    35

```

Si noti che solitamente i software restituiscono un valore **interpolato** del p -esimo quantile q_p ($0 < p < 1$), il quale viene calcolato mediante specifiche procedure. Il risultato fornito dai software, dunque, non sarà identico a quello trovato utilizzando la definizione non interpolata di quantile che abbiamo presentato qui. Se, per qualche ragione, vogliamo conoscere l'algoritmo usato per la determinazione dei quantili interpolati, dobbiamo leggere la documentazione del software.

3.10 Indici di dispersione

Le medie e gli indici di posizione descritti in precedenza forniscono delle sintesi dei dati che mettono in evidenza la tendenza centrale delle osservazioni. Tali indici, tuttavia, non considerano un aspetto importante della distribuzione dei dati, ovvero la variabilità dei valori numerici della variabile statistica. È dunque necessario sintetizzare la distribuzione di una variabile statistica oltre che con le misure di posizione anche tramite l'utilizzo di indicatori che valutino la dispersione delle unità statistiche.

Anche in questo caso, un'introduzione “soft” è fornita nel [link](#).

Indici basati sull'ordinamento dei dati

È possibile calcolare degli indici di variabilità basati sull'ordinamento dei dati. L'indice più ovvio è l'intervallo di variazione, ovvero la distanza tra il valore massimo e il valore minimo di una distribuzione di modalità, mentre in precedenza abbiamo già incontrato la differenza interquartile. Questi due indici, però, hanno il limite di essere calcolati sulla base di due soli valori della distribuzione (x_{\max} e x_{\min} , oppure $x_{0.25}$ e $x_{0.75}$). Pertanto non utilizzano tutte le informazioni che sono disponibili. Inoltre, l'intervallo di variazione ha il limite di essere pesantemente influenzato dalla presenza di valori anomali.

Varianza

Dati i limiti delle statistiche precedenti è più comune misurare la variabilità di una variabile statistica come la dispersione dei dati attorno ad un indice di tendenza centrale. Infatti, la misura di variabilità di gran lunga più usata per valutare la variabilità di una variabile statistica è senza dubbio la varianza. La varianza

$$s^2 = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 \quad (3.2)$$

è la media dei quadrati degli scarti $x_i - \bar{x}$ tra ogni valore e la media della distribuzione. La varianza è una misura di dispersione più complessa di quelle esaminate in precedenza. È appropriata solo nel caso di distribuzioni simmetriche e, anch'essa, è fortemente influenzata dai valori anomali. Inoltre, è espressa in un'unità di misura che è il quadrato dell'unità di misura dei dati originari e quindi ad essa non può essere assegnata un'interpretazione intuitiva.

Esempio 3.8. Calcoliamo la varianza dei punteggi BDI-II nei due gruppi di soggetti di Zetsche et al. (2019).

```
bysubj %>%
  group_by(group) %>%
  summarise(
    variance = var(bdi)
  )
#> # A tibble: 2 x 2
#>   group variance
#>   <fct>     <dbl>
#> 1 ctl      8.03
#> 2 mdd     43.7
```

Deviazione standard

Per le ragioni espresse sopra, la misura più usata della dispersione di una distribuzione di dati è la *deviazione standard*, ovvero la radice quadrata della varianza. A differenza della varianza, dunque, la deviazione standard è espressa nella stessa unità di misura dei dati. Come nel caso della varianza, anche la deviazione standard s dovrebbe essere usata soltanto quando la media è adeguata per misurare il centro della distribuzione, ovvero, nel caso di distribuzioni simmetriche. Come nel caso della media \bar{x} , anche la deviazione standard è fortemente influenzata dai dati anomali (*outlier*), ovvero dalla presenza di uno o di pochi dati che sono molto più distanti dalla media rispetto agli altri valori della distribuzione. Quando tutte le osservazioni sono uguali, $s = 0$, altrimenti $s > 0$.

Alla deviazione standard può essere assegnata una semplice interpretazione: la deviazione standard è **simile** (ma non identica) allo scostamento medio semplice dalla media. La deviazione standard ci dice, dunque, quanto sono distanti, in media, le singole osservazioni dal centro della distribuzione.

Esempio 3.9. Calcoliamo la deviazione standard per il BDI-II dei due gruppi di soggetti di Zetsche et al. (2019).

```
bysubj %>%
  group_by(group) %>%
  summarise(
    stdev = sd(bdi)
  )
#> # A tibble: 2 x 2
#>   group stdev
#>   <fct> <dbl>
```

```
#> 1 ctl    2.83
#> 2 mdd    6.61
```

Deviazione mediana assoluta

Una misura robusta della dispersione statistica di un campione è la deviazione mediana assoluta (Median Absolute Deviation, MAD) definita come la mediana del valore assoluto delle deviazioni dei dati dalla mediana, ovvero:

$$\text{MAD} = \text{median}(|X_i - \text{median}(X)|)$$

Nel caso di una distribuzione dei dati unimodale simmetrica di forma campanulare (ovvero, normale) si ha che

$$\text{deviazione standard} \approx 1.4826 \text{ MAD}.$$

Pertanto, solitamente i software restituiscono il valore MAD moltiplicato per una tale costante.

Esempio 3.10. Calcoliamo il valore MAD per il BDI-II dei due gruppi di soggetti di Zetsche et al. (2019).

```
1.4826 * median(abs(bysubj$bdi - median(by subj$bdi)))
#> [1] 15.5673
```

Oppure, per i due gruppi:

```
by subj %>%
  group_by(group) %>%
  summarise(
    MAD = mad(bdi)
  )
#> # A tibble: 2 x 2
#>   group   MAD
#>   <fct> <dbl>
#> 1 ctl     1.48
#> 2 mdd     6.67
```

Indici di variabilità relativi

A volte può essere interessante effettuare un confronto fra due misure di variabilità di grandezze incommensurabili, ovvero di caratteri rilevati mediante differenti unità di misura. In questi casi, le misure di variabilità precedentemente descritte si rivelano inadeguate in quanto dipendono dall'unità di misura adottata. Diventa dunque necessario ricorrere a particolari numeri adimensionali detti indici relativi di variabilità. Il più importante di tali indici è il coefficiente di variazione, ovvero il numero puro

$$C_v = \frac{\sigma}{\bar{x}}$$

ottenuto dal rapporto tra la deviazione standard e la media dei dati. Un altro indice relativo di variabilità è la differenza interquartile rapportata al primo quartile oppure al terzo quartile oppure alla mediana, cioè:

$$\frac{x_{0.75} - x_{0.25}}{x_{0.25}}, \quad \frac{x_{0.75} - x_{0.25}}{x_{0.75}}, \quad \frac{x_{0.75} - x_{0.25}}{x_{0.50}}.$$

3.11 Le relazioni tra variabili

Zetsche et al. (2019) hanno misurato il livello di depressione dei soggetti del loro esperimento utilizzando due scale psicometriche: il Beck Depression Inventory II (BDI-II) e la Center for Epidemiologic Studies Depression Scale (CES-D). Il BDI-II è uno strumento self-report che valutare la presenza e l'intensità di sintomi depressivi in pazienti adulti e adolescenti di almeno 13 anni di età con diagnosi psichiatrica mentre la CES-D è una scala self-report progettata per misurare i sintomi depressivi che sono stati vissuti nella settimana precedente nella popolazione generale, specialmente quella degli adolescenti/giovani adulti. Una domanda ovvia che ci può venire in mente è: quanto sono simili le misure ottenute mediante queste due scale?

È chiaro che i numeri prodotti dalle scale BDI-II e CES-D non possono essere identici, e questo per due motivi: (1) la presenza degli errori di misurazione e (2) l'unità di misura delle due variabili. L'errore di misurazione corrompe sempre, almeno in parte, qualunque operazione di misurazione. E questo è vero specialmente in psicologia dove l'*attendibilità* degli strumenti di misurazione è minore che in altre discipline (quali la fisica, ad esempio). Il secondo motivo per cui i valori delle scale BDI-II e CES-D non possono essere uguali è che l'unità di misura delle due scale è arbitraria. Infatti, qual è l'unità di misura della depressione? Chi può dirlo! Ma, al di là delle differenze derivanti dall'errore di misurazione e dalla differente unità di misura, ci aspettiamo che, se le due scale misurano entrambe lo stesso costrutto, allora i valori prodotti dalle due scale dovranno essere tra loro *linearmente associati*. Per capire cosa si intende con “associazione lineare” iniziamo a guardare i dati. Per fare questo utilizziamo una rappresentazione grafica che va sotto il nome di diagramma a dispersione.

Diagramma a dispersione

Il diagramma di dispersione è la rappresentazione grafica delle coppie di punti individuati da due variabili X e Y .

Il diagramma di dispersione per le variabili BDI-II e CES-D si ottiene ponendo, ad esempio, i valori BDI-II sull'asse delle ascisse e quelli del CES-D sull'asse delle ordinate. In tale grafico, fornito dalla figura 3.7, ciascun punto corrisponde ad un individuo del quale, nel caso presente, conosciamo il livello di depressione misurato dalle due scale psicometriche.

```
bysubj <- df %>%
  group_by(esm_id, group) %>%
  summarise(
    bdi = mean(bdi),
    cesd = mean(cesd_sum)
```

```

) %>%
na.omit() %>%
ungroup()

m_cesd <- mean(bysubj$cesd)
m_bdi <- mean(bysubj$bdi)
FONT_SIZE <- 10

bysubj %>%
  ggplot(
    aes(x = bdi, y = cesd, color = group)
  ) +
  geom_point(size = 1) +
  geom_hline(yintercept = m_cesd, linetype = "dashed", color = "gray") +
  geom_vline(xintercept = m_bdi, linetype = "dashed", color = "gray") +
  geom_text(x = -1, y = 46, label = "I", color = "gray", size = FONT_SIZE) +
  geom_text(x = 0, y = 46, label = "IV", color = "gray", size = FONT_SIZE) +
  geom_text(x = 18, y = 46, label = "III", color = "gray", size = FONT_SIZE) +
  geom_text(x = 18, y = 16, label = "II", color = "gray", size = FONT_SIZE) +
  labs(
    x = "BDI-II",
    y = "CESD"
  ) +
  theme(legend.position = "none")

```

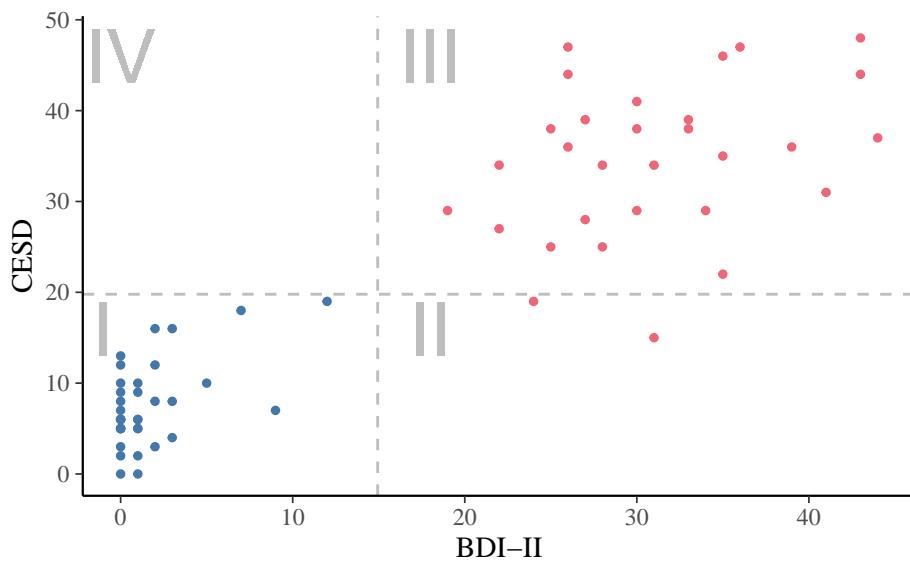


Figura 3.7: Associazione tra le variabili BDI-II e CES-D nello studio di @zetschefuturo2019. In rosso sono rappresentate le osservazioni del gruppo di controllo; in blu quelle dei pazienti.

Dalla figura 3.7 possiamo vedere che i dati mostrano una tendenza a disporsi attorno ad una retta – nel gergo statistico, questo fatto viene espresso dicendo che i punteggi CES-D tendono ad essere linearmente associati ai punteggi BDI-II.

È ovvio, tuttavia, che tale relazione lineare è lungi dall'essere perfetta – se fosse perfetta, tutti i punti del diagramma a dispersione si disporrebbero esattamente lungo una retta.

Covarianza

Il problema che ci poniamo è quello di trovare un indice numerico che descriva di quanto la nube di punti si discosta da una perfetta relazione lineare tra le due variabili. Per risolvere tale problema dobbiamo specificare un indice statistico che descriva la direzione e la forza della relazione lineare tra le due variabili. Ci sono vari indici statistici che possiamo utilizzare a questo scopo.

Iniziamo a considerare il più importante di tali indici, chiamato *covarianza*. In realtà la definizione di questo indice non ci sorprenderà più di tanto in quanto, in una forma solo apparentemente diversa, l'abbiamo già incontrato in precedenza. Ci ricordiamo infatti che la varianza di una generica variabile X è definita come la media degli scarti quadratici di ciascuna osservazione dalla media:

$$S_{XX} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X})(X_i - \bar{X}). \quad (3.3)$$

Infatti, la varianza viene talvolta descritta come la “covarianza di una variabile con sé stessa”.

Adesso facciamo un passo ulteriore. Invece di valutare la dispersione di una sola variabile, chiediamoci come due variabili X e Y “variano insieme” (co-variano). È facile capire come una risposta a tale domanda possa essere fornita da una semplice trasformazione della formula precedente che diventa:

$$S_{XY} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X})(Y_i - \bar{Y}). \quad (3.4)$$

L'eq. (3.4) ci fornisce dunque la definizione della covarianza.

Per capire il significato dell'eq. (3.4), supponiamo di dividere il grafico della figura 3.7 in quattro quadranti definiti da una retta verticale passante per la media dei valori BDI-II e da una retta orizzontale passante per la media dei valori CES-D. Numeriamo i quadranti partendo da quello in basso a sinistra e muovendoci in senso antiorario.

Se prevalgono punti nel I e III quadrante, allora la nuvola di punti avrà un andamento crescente (per cui a valori bassi di X tendono ad associarsi valori bassi di Y e a valori elevati di X tendono ad associarsi valori elevati di Y) e la covarianza segno positivo. Mentre se prevalgono punti nel II e IV quadrante la nuvola di punti avrà un andamento decrescente (per cui a valori bassi di X tendono ad associarsi valori elevati di Y e a valori elevati di X tendono ad associarsi valori bassi di Y) e la covarianza segno negativo. Dunque, il segno della covarianza ci informa sulla direzione della relazione lineare tra due variabili: l'associazione lineare si dice positiva se la covarianza è positiva, negativa se la covarianza è negativa.

Il segno della covarianza ci informa sulla direzione della relazione, ma invece il valore assoluto della covarianza ci dice ben poco. Esso, infatti, dipende dall'unità di misura delle variabili. Nel caso presente questo concetto è difficile da

comprendere, dato che le due variabili in esame non hanno un'unità di misura (ovvero, hanno un'unità di misura arbitraria e priva di significato). Ma quest'idea diventa chiara se pensiamo alla relazione lineare tra l'altezza e il peso delle persone, ad esempio. La covarianza tra queste due quantità è certamente positiva, ma il valore assoluto della covarianza diventa più grande se l'altezza viene misurata in millimetri e il peso in grammi, e diventa più piccolo l'altezza viene misurata in metri e il peso in chilogrammi. Dunque, il valore della covarianza cambia al mutare dell'unità di misura delle variabili anche se l'associazione tra le variabili resta costante.

Correlazione

Dato che il valore assoluto della covarianza è di difficile interpretazione – in pratica, non viene mai interpretato – è necessario trasformare la covarianza in modo tale da renderla immune alle trasformazioni dell'unità di misura delle variabili. Questa operazione si dice *standardizzazione* e corrisponde alla divisione della covarianza per le deviazioni standard (s_X, s_Y) delle due variabili:

$$r_{XY} = \frac{S_{XY}}{s_X s_Y}. \quad (3.5)$$

La quantità che si ottiene in questo modo viene chiamata *correlazione* di Bravais-Pearson (dal nome degli autori che, indipendentemente l'uno dall'altro, la hanno introdotta).

Il coefficiente di correlazione ha le seguenti proprietà:

- ha lo stesso segno della covarianza, dato che si ottiene dividendo la covarianza per due numeri positivi;
- è un numero puro, cioè non dipende dall'unità di misura delle variabili;
- assume valori compresi tra -1 e +1.

Ad esso possiamo assegnare la seguente interpretazione:

1. $r_{XY} = -1 \rightarrow$ perfetta relazione negativa: tutti i punti si trovano esattamente su una retta con pendenza negativa (dal quadrante in alto a sinistra al quadrante in basso a destra);
2. $r_{XY} = +1 \rightarrow$ perfetta relazione positiva: tutti i punti si trovano esattamente su una retta con pendenza positiva (dal quadrante in basso a sinistra al quadrante in alto a destra);
3. $-1 < r_{XY} < +1 \rightarrow$ presenza di una relazione lineare di intensità diversa;
4. $r_{XY} = 0 \rightarrow$ assenza di relazione lineare tra X e Y .

Esempio 3.11. Per i dati della figura 3.7, la covarianza è 207.426. Il segno positivo della covarianza ci dice che tra le due variabili c'è un'associazione lineare positiva. Per capire qual è l'intensità della relazione lineare tra le due variabili calcoliamo la correlazione. Essendo le deviazioni standard del BDI-II e del CES-D rispettivamente uguali a 15.37 e 14.93, la correlazione diventa uguale a $\frac{207.426}{15.38 \cdot 14.93} = 0.904$. Tale valore è prossimo a 1.0, il che vuol dire che i punti del diagramma a dispersione non si discostano troppo da una retta con una pendenza positiva.

3.12 Correlazione e causazione

Facendo riferimento nuovamente alla figura 3.7, possiamo dire che, in molte applicazioni (ma non nel caso presente!) l'asse x rappresenta una quantità nota come *variabile indipendente* e l'interesse si concentra sulla sua influenza sulla *variabile dipendente* tracciata sull'asse y . Ciò presuppone però che sia nota la direzione in cui l'influenza causale potrebbe risiedere. È importante tenere bene a mente che la correlazione è soltanto un indice descrittivo della relazione lineare tra due variabili e in nessun caso può essere usata per inferire alcunché sulle relazioni **causali** che legano le variabili. È ben nota l'espressione: “correlazione non significa causazione”.

Di opinione diversa era invece Karl Pearson (1911), il quale ha affermato:

Quanto spesso, quando è stato osservato un nuovo fenomeno, sentiamo che viene posta la domanda: ‘qual è la sua causa?’. Questa è una domanda a cui potrebbe essere assolutamente impossibile rispondere. Invece, può essere più facile rispondere alla domanda: ‘in che misura altri fenomeni sono associati con esso?’. Dalla risposta a questa seconda domanda possono risultare molte preziose conoscenze.

Che alla seconda domanda posta da Pearson sia facile rispondere è indubbio. Che la nostra comprensione di un fenomeno possa aumentare sulla base delle informazioni fornite unicamente dalle correlazioni, invece, è molto dubbio e quasi certamente falso.

Usi della correlazione

Anche se non può essere usata per studiare le relazioni causali, la correlazione viene usata per molti altri scopi tra i quali, per esempio, quello di misurare la *validità concorrente* di un test psicologico. Se un test psicologico misura effettivamente ciò che ci si aspetta che misuri (nel caso dell'esempio presente, la depressione), allora dovremo aspettarci che fornisca una correlazione alta con i risultati di altri test che misurano lo stesso costrutto – come nel caso dei dati di (Zetsche et al., 2019). Un'altra proprietà desiderabile di un test psicométrico è la *validità divergente*: i risultati di test psicométrici che misurano costrutti diversi dovrebbero essere poco associati tra loro. In altre parole, in questo secondo caso dovremmo aspettarci che la correlazione sia bassa.

Correlazione di Spearman

Una misura alternativa della relazione lineare tra due variabili è fornita dal coefficiente di correlazione di Spearman e dipende soltanto dalla relazione d'ordine dei dati, non dagli specifici valori dei dati. Tale misura di associazione è appropriata quando, del fenomeno in esame, gli psicologi sono stati in grado di misurare soltanto le relazioni d'ordine tra le diverse modalità della risposta dei soggetti, non l'intensità della risposta. Le variabili psicologiche che hanno questa proprietà si dicono *ordinali*. Nel caso di variabili ordinali, non è possibile sintetizzare i dati mediante le statistiche descrittive che abbiamo introdotto in questo capitolo, quali ad esempio la media e la varianza, ma è invece solo

possibile riassumere i dati mediante una distribuzione di frequenze per le varie modalità della risposta.

Correlazione nulla

Un ultimo aspetto da mettere in evidenza a proposito della correlazione riguarda il fatto che la correlazione descrive la direzione e l'intensità della relazione lineare tra due variabili. Relazioni non lineari tra le variabili, anche se sono molto forti, non vengono catturate dalla correlazione. È importante rendersi conto che una correlazione pari a zero non significa che non c'è relazione tra le due variabili, ma solo che tra esse non c'è una relazione *lineare*.

Esempio 3.12. Un esempio di correlazione nulla in presenza di una chiara relazione (non lineare) tra le variabili è fornito dalla figura 3.8.

```
library("datasauRus")
slant <- ggplot(
  datasaurus_dozen_wide,
  aes(x = slant_down_x, y = slant_down_y),
  colour = dataset
)
slant <- slant +
  geom_point()
slant <- slant +
  theme_void()
slant <- slant +
  theme(
    legend.position = "none",
    panel.border = element_rect(colour = "black", fill = NA, size = 1),
    plot.margin = margin(0, 2, 0, 2), aspect.ratio = 1
  )

dino <- ggplot(
  datasaurus_dozen_wide,
  aes(x = dino_x, y = dino_y),
  colour = dataset
) +
  geom_point()

dino <- dino + theme_void()
dino <- dino +
  theme(
    legend.position = "none",
    panel.border = element_rect(colour = "black", fill = NA, size = 1),
    plot.margin = margin(0, 2, 0, 2), aspect.ratio = 1
  )

slant + dino
```

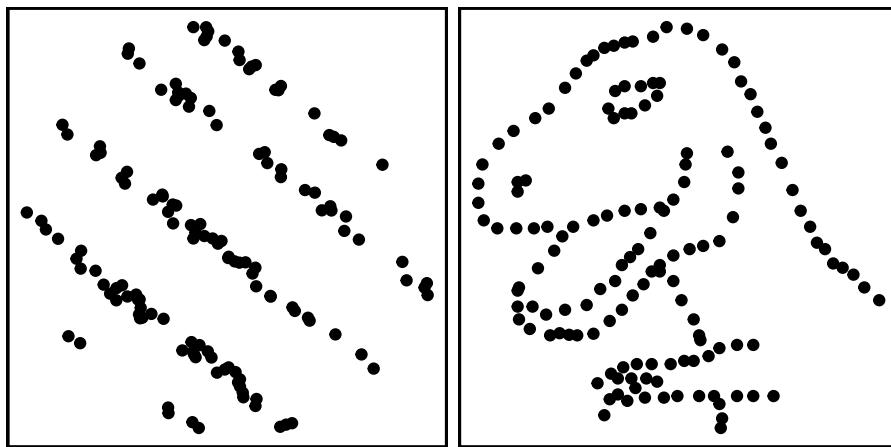


Figura 3.8: Due insiemi di dati (fittizi) per i quali i coefficienti di correlazione di Pearson sono entrambi 0. Ma questo non significa che non vi sia alcuna relazione tra le variabili.

Considerazioni conclusive

La prima fase dell'analisi dei dati ci porta a riassumere i dati mediante gli strumenti della statistica descrittiva. Le tipiche domande che vengono affrontate in questa fase sono: qual è la distribuzione delle variabili di interesse? Quali relazioni a coppie si possono osservare nel campione? Ci sono delle osservazioni ‘anomale’, ovvero estremamente discrepanti rispetto alle altre, sia quando si esaminano le statistiche descrittive univariate (ovvero, quelle che riguardano le caratteristiche di una variabile presa singolarmente), sia quando vengono esaminate le statistiche bivariate (ovvero, le statistiche che descrivono l'associazione tra le variabili)? È importante avere ben chiare le idee su questi punti prima di procedere con qualsiasi procedura statistica di tipo inferenziale. Per rispondere alle domande che abbiamo elencato sopra, ed ad altre simili, è molto utile procedere con delle rappresentazioni grafiche dei dati. È chiaro che, quando disponiamo di grandi moli di dati (come è sempre il caso in psicologia), le operazioni descritte sopra devono essere svolte mediante un software statistico.

Nozioni di base

Il calcolo delle probabilità

4.1 La probabilità come la logica della scienza

La figura 4.1 fornisce una rappresentazione schematica del processo dell'indagine scientifica. Possiamo pensare al progresso scientifico come alla ripetizione di questo ciclo mentre i fenomeni naturali (e, ovviamente psicologici) vengono esplorati e i ricercatori imparano sempre di più sul loro funzionamento. Le caselle della figura riportano le varie fasi del processo di indagine scientifica e lungo le frecce sono riportati i compiti che conducono i ricercatori da una fase alla successiva.

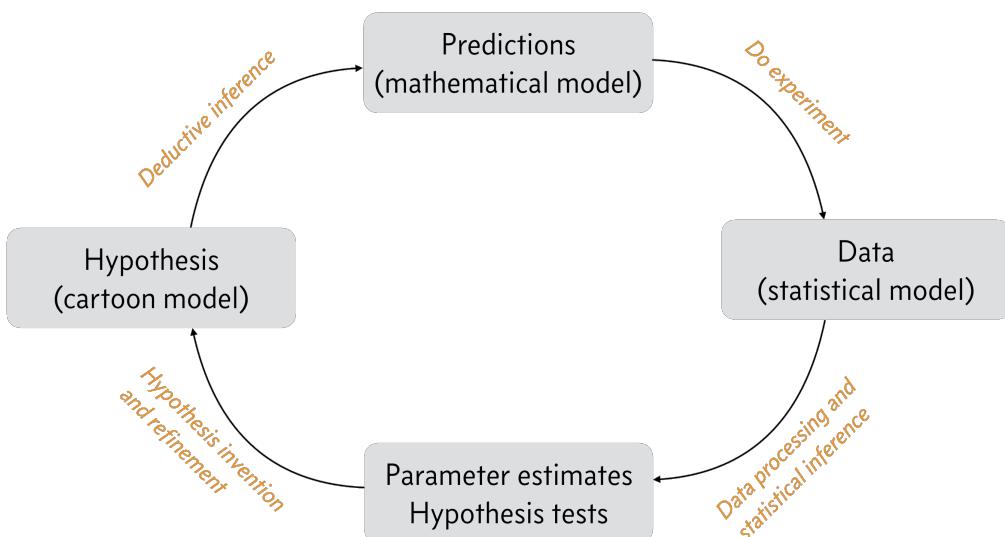


Figura 4.1: Rappresentazione schematica del processo scientifico (figura adattata dalla Fig. 1.1 di P. Gregory, *Bayesian Logical Data Analysis for the Physical Sciences*, Cambridge, 2005).

Consideriamo i compiti e le fasi dell'indagine scientifica. Iniziamo in basso a

sinistra.

- *Invenzione e perfezionamento delle ipotesi* In questa fase del processo scientifico, i ricercatori pensano ai fenomeni naturali, a ciò che è presente nella letteratura scientifica, anche ai risultati dei loro esperimenti, e formulano ipotesi o teorie che possono valutare con degli esperimenti. Questo passaggio richiede innovazione e creatività.
- L'*inferenza deduttiva* procede in maniera deterministica dai fatti verso le conclusioni. Ad esempio, se dico che tutti gli uomini sono mortali e che Socrate è un uomo, posso concludere deduttivamente che Socrate è mortale. Quando i ricercatori progettano i loro esperimenti in base alle loro ipotesi, usano la logica deduttiva per dire: “Se A è vero, allora B è vero”, dove A è l’ipotesi considerata e B è un’osservazione sperimentale.
- *Esecuzione degli esperimenti.* Questa fase richiede molte risorse, di tempo e denaro. Richiede anche innovazione e creatività. Nello specifico, i ricercatori devono pensare attentamente a come costruire il loro esperimento per verificare l’ipotesi di interesse. Il risultato degli esperimenti sono i dati.
- L'*inferenza induttiva*, invece, procede dalle osservazioni ai fatti. Se pensiamo ai fatti come a ciò che governa o genera le osservazioni, allora l’induzione è una sorta di inferenza inversa. Supponiamo di avere osservato B. Questo rende A vero? Non necessariamente. Ma può rendere A più plausibile. Questo è un sillogismo debole. Ad esempio, si consideri la seguente coppia ipotesi/osservazioni.
 - A = L’iniezione di acque reflue dopo la fratturazione idraulica, nota come fracking, può portare a una maggiore frequenza di terremoti.
 - B = La frequenza dei terremoti in Oklahoma è aumentata di 100 volte dal 2010, quando il fracking è diventato una pratica comune.
 - Poiché B è stato osservato, A è più plausibile. A non è necessariamente vero, ma decisamente più plausibile.
- L'*inferenza statistica* è un tipo di inferenza induttiva che è specificamente formulata come un problema inverso. L’inferenza statistica è quell’insieme di procedure che hanno lo scopo di quantificare quanto più plausibile è A dopo aver osservato B. Per svolgere l’inferenza statistica, è necessario quantificare la plausibilità. Lo strumento che ci consente di fare questo è la teoria della probabilità.

L’inferenza statistica è l’aspetto del processo dell’indagine scientifica che è l’oggetto centrale di questo insegnamento. Il risultato dell’inferenza statistica è la conoscenza di quanto siano plausibili le ipotesi e le stime dei parametri sotto le ipotesi considerate. Ma l’inferenza statistica richiede una teoria della probabilità, laddove la teoria della probabilità può essere vista come una generalizzazione della logica. A causa di questa connessione con la logica e del suo ruolo cruciale nella scienza, E. T. Jaynes afferma infatti che la probabilità è la “logica della scienza”. È dunque necessario esaminare preliminarmente alcune nozioni di base della teoria della probabilità.

4.2 Che cos'è la probabilità?

La definizione della probabilità è un problema estremamente dibattuto ed aperto. Sono state fornite due possibili soluzioni al problema di definire il concetto di probabilità.

- (a) La natura della probabilità è “ontologica” (ovvero, basata sulla metafisica): la probabilità è una proprietà della realtà, del mondo, di come sono le cose, indipendentemente dalla nostra esperienza. È una visione che qualcuno chiama “oggettiva”.
- (b) La natura della probabilità è “epistemica” (ovvero, basata sulla conoscenza): la probabilità si riferisce alla conoscenza che abbiamo del mondo, non al mondo in sé. Di conseguenza è detta, in contrapposizione alla precedente definizione, “soggettiva”.

In termini epistemici, la probabilità fornisce una misura della nostra incertezza sul verificarsi di un fenomeno, alla luce delle informazioni disponibili. Potremmo dire che c'è una “scala” naturale che ha per estremi il vero (1: evento certo) da una parte ed il falso (0: evento impossibile) dall'altra. La probabilità è la quantificazione di questa scala: quantifica lo stato della nostra incertezza rispetto al contenuto di verità di una proposizione (ovvero, quantifica la plausibilità di una proposizione).

- Nell'interpretazione frequentista della probabilità, la probabilità $P(A)$ rappresenta la frequenza relativa a lungo termine nel caso di un grande numero di ripetizioni di un esperimento casuale sotto le medesime condizioni. L'evento A deve essere una proposizione relativa alle variabili casuali¹.
- Nell'interpretazione bayesiana della probabilità $P(A)$ rappresenta direttamente il grado di credenza, o plausibilità, a proposito di A , dove A può essere qualsiasi proposizione logica.

In questo insegnamento utilizzeremo l'interpretazione bayesiana della probabilità.

4.3 Variabili casuali e probabilità di un evento

Esaminiamo qui di seguito alcuni concetti di base della teoria della probabilità.

Variabili casuali

Sia Y il risultato del lancio di moneta equilibrata. Non di un generico lancio di una moneta, ma un'istanza specifica del lancio di una specifica moneta in

¹Viene stressata qui l'idea che ciò di cui parliamo è qualcosa che emerge nel momento in cui è possibile ripetere l'esperimento casuale tante volte sotto le medesime condizioni. Le variabili casuali, infatti, forniscono una quantificazione dei risultati che si ottengono ripetendo tante volte l'esperimento casuale sotto le medesime condizioni.

un dato momento. Definita in questo modo, Y è una *variabile casuale*, ovvero una variabile che assume valori diversi con probabilità diverse. Se la moneta è equilibrata, c'è una probabilità del 50% che il lancio della moneta dia come risultato “testa” e una probabilità del 50% che dia come risultato “croce”.

Per facilitare la trattazione, le variabili casuali assumono solo valori numerici. Per lo specifico lancio della moneta in questione, diciamo, ad esempio, che la variabile casuale Y assume il valore 1 se esce testa e il valore 0 se esce croce.

Eventi e probabilità

Nella teoria della probabilità il risultato “testa” nel lancio di una moneta è chiamato *evento*.² Ad esempio, $Y = 1$ denota l'evento in cui il lancio di una moneta produce come risultato testa.

Il funzionale $Pr[\cdot]$ definisce la probabilità di un evento. Ad esempio, per il lancio di una moneta equilibrata, la probabilità dell'evento “il risultato del lancio della moneta è testa” è scritta come

$$Pr[Y = 1] = 0.5.$$

Se la moneta è equilibrata dobbiamo anche avere $Pr[Y = 0] = 0.5$. I due eventi $Y = 1$ e $Y = 0$ sono *mutuamente esclusivi* nel senso che non possono entrambi verificarsi contemporaneamente. Nella notazione probabilistica,

$$Pr[Y = 1 \text{ e } Y = 0] = 0.$$

Gli eventi $Y = 1$ e $Y = 0$ si dicono *esaustivi*, nel senso che almeno uno di essi deve verificarsi e nessun altro tipo di evento è possibile. Nella notazione probabilistica,

$$Pr[Y = 1 \text{ o } Y = 0] = 1.$$

Il connettivo logico “e” specifica eventi *congiunti*, ovvero eventi che possono verificarsi contemporaneamente (eventi *compatibili*) e per i quali, perciò, la probabilità della loro congiunzione è $Pr(A \text{ e } B) > 0$. Il connettivo logico “o” specifica eventi *disgiunti*, ovvero eventi che non possono verificarsi contemporaneamente (eventi *incompatibili*) e per i quali, perciò, la probabilità della loro congiunzione è $Pr(A \text{ e } B) = 0$.

4.4 Spazio campionario e risultati possibili

Anche se il lancio di una moneta produce sempre uno specifico risultato nel mondo reale, noi possiamo anche immaginare i possibili risultati alternativi che si sarebbero potuti osservare. Quindi, anche se in uno specifico lancio la moneta dà testa ($Y = 1$), possiamo immaginare la possibilità che il lancio possa avere prodotto croce ($Y = 0$). Tale ragionamento controfattuale è la chiave per comprendere la teoria della probabilità e l'inferenza statistica.

I risultati possibili che si possono osservare come conseguenza del lancio di una moneta determinano i valori possibili che la variabile casuale può assumere. L'insieme di tutti i risultati possibili è chiamato *spazio campionario*. Lo spazio

²Per un ripasso delle nozioni di base della teoria degli insiemi, si veda l'Appendice C.

campionario può essere concettualizzato come un’urna contenente una pallina per ogni possibile risultato del lancio della moneta. Su ogni pallina è scritto il valore della variabile casuale. Uno specifico lancio di una moneta – ovvero, l’osservazione di uno specifico valore di una variabile casuale – è chiamato *esperimento casuale*.

Il lancio di un dado ci fornisce l’esempio di un altro esperimento casuale. Supponiamo di essere interessati all’evento “il lancio del dado produce un numero dispari”. Un *evento* seleziona un sottoinsieme dello spazio campionario: in questo caso, l’insieme dei risultati {1, 3, 5}. Se esce 3, per esempio, diciamo che si è verificato l’evento “dispari” (ma l’evento “dispari” si sarebbe anche verificato anche se fosse uscito 1 o 5).

4.5 Usare la simulazione per stimare le probabilità

I metodi basati sulla simulazione ci consentono di stimare le probabilità degli eventi in un modo diretto se siamo in grado di generare realizzazioni molteplici e casuali delle variabili casuali coinvolte nelle definizioni degli eventi. Per simulare il lancio di una moneta equilibrata in R iniziamo a definire un vettore che contiene i possibili risultati del lancio della moneta (ovvero i possibili valori della variabile casuale Y):

```
coin <- c(0, 1)
```

L’estrazione casuale di uno di questi due possibili valori (ovvero, la simulazione di uno specifico lancio di una moneta) si realizza con la funzione `sample()`:

```
sample(coin, size = 1)
#> [1] 0
```

In maniera equivalente, lo stesso risultato si ottiene mediante l’istruzione

```
rbinom(1, 1, 0.5)
#> [1] 1
```

Supponiamo di ripetere questo esperimento casuale 100 volte e di registrare i risultati così ottenuti. La stima della probabilità dell’evento $Pr[Y = 1]$ è data dalla frequenza relativa del numero di volte in cui abbiamo osservato l’evento di interesse ($Y = 1$):

```
M <- 10
y <- rep(NA, M)
for (m in 1:M) {
  y[m] <- rbinom(1, 1, 0.5)
}
estimate <- sum(y) / M

cat("estimated Pr[Y = 1] =", estimate)
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.7
```

Ripetiamo questa procedura 10 volte.

```
flip_coin <- function(M) {  
  y <- rep(NA, M)  
  for (m in 1:M) {  
    y[m] <- rbinom(1, 1, 0.5)  
  }  
  estimate <- sum(y) / M  
  cat("estimated Pr[Y = 1] =", estimate, "\n")  
}  
  
for (i in 1:10) {  
  flip_coin(10)  
}  
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.5  
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.7  
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.4  
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.6  
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.6  
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.5  
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.3  
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.4  
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.7  
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.7
```

Dato che la moneta è equilibrata, la stima delle probabilità dell'evento $Pr[Y = 1]$ è simile a al valore che ci aspettiamo ($Pr[Y = 1] = 0.5$), ma il risultato ottenuto nelle varie simulazioni non è sempre esatto. Proviamo ad aumentare il numero di lanci in ciascuna simulazione:

```
for (i in 1:10) {  
  flip_coin(100)  
}  
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.54  
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.35  
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.48  
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.41  
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.48  
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.5  
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.49  
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.45  
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.47  
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.48
```

In questo secondo caso, gli errori tendono ad essere più piccoli della simulazione precedente. Cosa succede se in ciascuna simulazione esaminiamo i risultati di 10,000 lanci della moneta?

```

for (i in 1:10) {
  flip_coin(1e4)
}
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.5045
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.5004
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.4965
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.4986
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.5092
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.5033
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.5028
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.5011
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.4974
#> estimated Pr[Y = 1] = 0.5024

```

Ora le stime ottenute sono molto vicine alla vera probabilità che vogliamo stimare (cioè 0.5, perché la moneta è equilibrata). I risultati delle simulazioni precedenti pongono dunque il problema di determinare quale sia il numero di lanci di cui abbiamo bisogno per assicurarci che le stime siano accurate (ovvero, vicine al valore corretto della probabilità)

4.6 La legge dei grandi numeri

La visualizzazione mediante grafici contribuisce alla comprensione dei concetti della statistica e della teoria della probabilità. Un modo per descrivere ciò che accade all'aumentare del numero M di ripetizioni del lancio della moneta consiste nel registrare la stima della probabilità dell'evento $Pr[Y = 1]$ in funzione del numero di ripetizioni dell'esperimento casuale per ogni $m \in 1 : M$. Un grafico dell'andamento della stima di $Pr[Y = 1]$ in funzione di m si ottiene nel modo seguente.

```

nrep <- 1e4
estimate <- rep(NA, nrep)
flip_coin <- function(m) {
  y <- rbinom(m, 1, 0.5)
  phat <- sum(y) / m
  phat
}
for (i in 1:nrep) {
  estimate[i] <- flip_coin(i)
}
d <- data.frame(
  n = 1:nrep,
  estimate
)
d %>%
  ggplot(
    aes(x = n, y = estimate)
  ) +

```

```
geom_line() +  
  theme(legend.title = element_blank()) +  
  labs(  
    x = "Numero di lanci della moneta",  
    y = "Stima Pr[Y = 1]"  
)
```

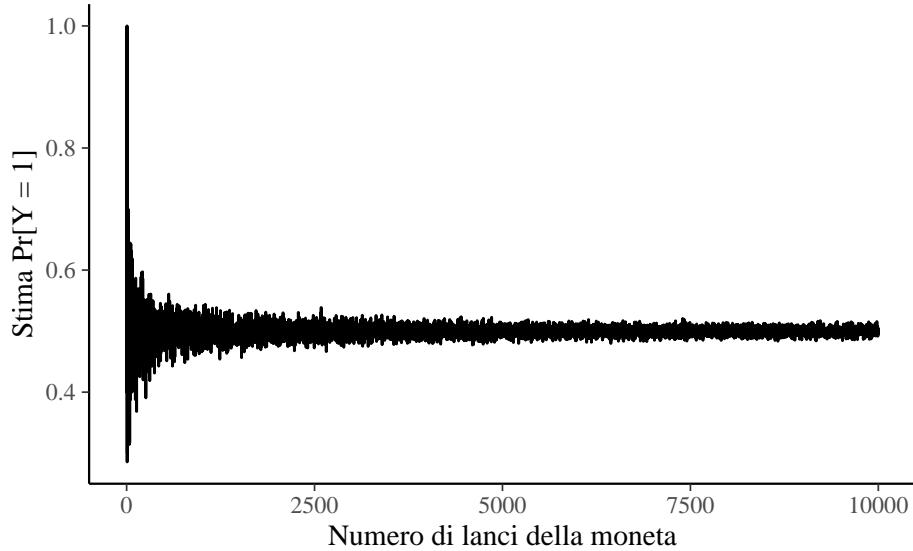


Figura 4.2: Stima della probabilità di successo in funzione del numero di lanci di una moneta.

Dato che il grafico 4.2 su una scala lineare non rivela chiaramente l'andamento della simulazione, utilizzeremo invece un grafico in cui sull'asse x è stata imposta una scala logaritmica. Con l'asse x su scala logaritmica, i valori tra 1 e 10 vengono tracciati all'incirca con la stessa ampiezza come nel caso dei valori tra 50 e 700, eccetera.

```
d %>%  
  ggplot(  
    aes(x = n, y = estimate)  
) +  
  geom_line() +  
  scale_x_log10(  
    breaks = c(  
      1, 3, 10, 50, 200,  
      700, 2500, 10000  
    )  
) +  
  theme(legend.title = element_blank()) +  
  labs(  
    x = "Numero di lanci della moneta",  
    y = "Stima Pr[Y = 1]"  
)
```

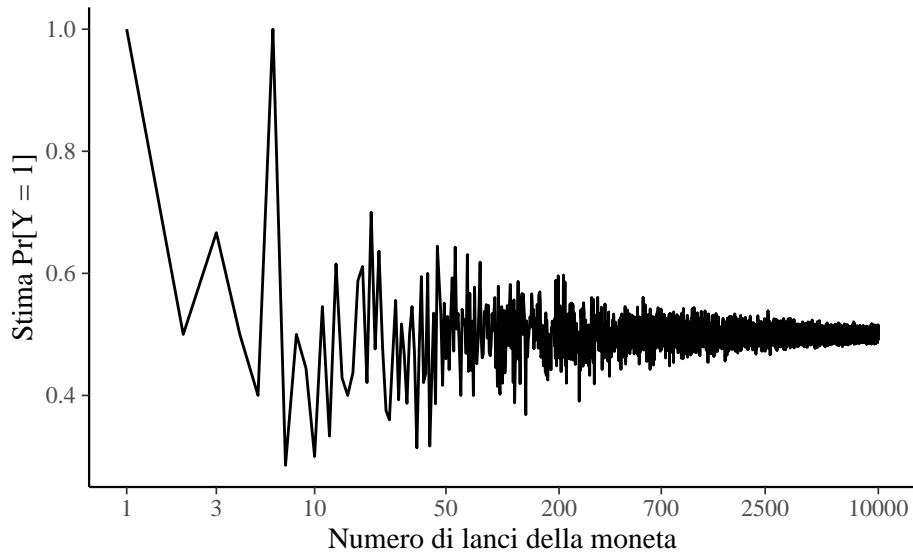


Figura 4.3: Stima della probabilità di successo in funzione del numero di lanci di una moneta – scala logaritmica.

La legge dei grandi numeri ci dice che all'aumentare del numero di ripetizioni dell'esperimento casuale la media dei risultati ottenuti tenderà ad avvicinarsi al valore atteso man mano che verranno eseguite più prove. Nel caso presente, la figura 4.3 mostra appunto che, all'aumentare del numero M di lanci della moneta, la stima di $Pr[Y = 1]$ tende a convergere al vero valore di 0.5.

4.7 Variabili casuali multiple

Le variabili casuali non esistono isolatamente. Abbiamo iniziato con una singola variabile casuale Y che rappresenta il risultato di un singolo, specifico lancio di una moneta equilibrata. Ma supponiamo ora di lanciare la moneta tre volte. Ciò suggerisce che possiamo avere le variabili casuali Y_1, Y_2, Y_3 che rappresentano i risultati di ciascuno dei lanci. Possiamo assumere che ogni lancio sia indipendente, ovvero che non dipenda dal risultato degli altri lanci. Ognuna di queste variabili Y_n per $n \in 1 : 3$ ha $Pr[Y_n = 1] = 0.5$ e $Pr[Y_n = 0] = 0.5$. Possiamo combinare più variabili casuali usando le operazioni aritmetiche. Se Y_1, Y_2, Y_3 sono variabili casuali che rappresentano tre lanci di una moneta equilibrata (o un lancio di tre monete equilibrate), possiamo definire la somma di tali variabili casuali come

$$Z = Y_1 + Y_2 + Y_3.$$

Possiamo simulare i valori assunti dalla variabile casuale Z simulando i valori di Y_1, Y_2, Y_3 per poi sommarli.

```
y1 <- rbinom(1, 1, 0.5)
y2 <- rbinom(1, 1, 0.5)
y3 <- rbinom(1, 1, 0.5)
c(y1, y2, y3)
```

```
#> [1] 0 0 0
z <- sum(c(y1, y2, y3))
cat("z =", z, "\n")
#> z = 0
```

ovvero,

```
y <- rep(NA, 3)
for (i in 1:3) {
  y[i] <- rbinom(1, 1, 0.5)
}
y
#> [1] 1 1 0
z <- sum(y)
cat("z =", z, "\n")
#> z = 2
```

oppure, ancora più semplicemente:

```
y <- rbinom(3, 1, 0.5)
y
#> [1] 1 0 1
z <- sum(y)
cat("z =", z, "\n")
#> z = 2
```

Possiamo ripetere questa simulazione $M = 1e5$ volte:

```
M <- 1e5
z <- rep(NA, M)
for (i in 1:M) {
  y <- rbinom(3, 1, 0.5)
  z[i] <- sum(y)
}
```

e calcolare una stima della probabilità che la variabile casuale Z assuma i valori 0, 1, 2, 3:

```
table(z) / M
#> z
#>      0       1       2       3
#> 0.12608 0.37225 0.37666 0.12501
```

Nel caso di 4 monete equilibrate, avremo:

```
M <- 1e5
z <- rep(NA, M)
for (i in 1:M) {
```

```

y <- rbinom(4, 1, 0.5)
z[i] <- sum(y)
}
table(z) / M
#> z
#>   0    1    2    3    4
#> 0.06303 0.24984 0.37314 0.25090 0.06309

```

Viene detta *variabile casuale discreta* una variabile casuale le cui modalità possono essere costituite solo da numeri interi:

$$\mathbb{Z} = \dots, -2, -1, 0, 1, 2, \dots$$

4.8 Funzione di massa di probabilità

È conveniente avere una funzione che associa ogni possibile valore di una variabile casuale alla sua probabilità. In generale, ciò è possibile se e solo se la variabile casuale è discreta, così com'è stata definita nel Paragrafo precedente.

Ad esempio, se consideriamo $Z = Y_1 + \dots + Y_4$ come il numero di risultati “testa” in 4 lanci della moneta, allora possiamo definire la seguente funzione:

$$\begin{aligned}
p_Z(0) &= 1/16 && \text{TTTT} \\
p_Z(1) &= 4/16 && \text{HTTT, THTT, TTHT, TTTH} \\
p_Z(2) &= 6/16 && \text{HHTT, HTHT, HTTH, THHT, THTH, TTTH} \\
p_Z(3) &= 4/16 && \text{HHHT, HHHT, HTHH, THHH} \\
p_Z(4) &= 1/16 && \text{HHHH}
\end{aligned}$$

Il lancio di quattro monete può produrre sedici possibili risultati. Dato che i lanci sono indipendenti e le monete sono equilibrate, ogni possibile risultato è ugualmente probabile. Nella tabella in alto, le sequenze dei risultati possibili del lancio delle 4 monete sono riportate nella colonna più a destra. Le probabilità si ottengono dividendo il numero di sequenze che producono lo stesso numero di eventi testa per il numero dei risultati possibili.

La funzione p_Z è stata costruita per mappare un valore u per Z alla probabilità dell'evento $Z = u$. Convenzionalmente, queste probabilità sono scritte come

$$p_Z(z) = \Pr[Z = z].$$

La parte a destra dell'uguale si può leggere come: “la probabilità che la variabile casuale Z assuma il valore z ”.

Una funzione definita come sopra è detta *funzione di massa di probabilità* della variabile casuale Z . Ad ogni variabile casuale discreta è associata un'unica funzione di massa di probabilità.

Una rappresentazione grafica della stima della funzione di massa di probabilità per l'esperimento casuale del lancio di quattro monete equilibrate è fornita nella figura 4.4.

```
set.seed(1234)
M <- 1e5
nflips <- 4
u <- rbinom(M, nflips, 0.5)
x <- 0:nflips
y <- rep(NA, nflips + 1)
for (n in 0:nflips) {
  y[n + 1] <- sum(u == n) / M
}
bar_plot <-
  data.frame(Z = x, count = y) %>%
  ggplot(
    aes(x = Z, y = count)
  ) +
  geom_bar(stat = "identity") +
  scale_x_continuous(
    breaks = 0:4,
    labels = c(0, 1, 2, 3, 4)
  ) +
  labs(
    y = "Probabilità stimata Pr[Z = z]"
  )
bar_plot
```

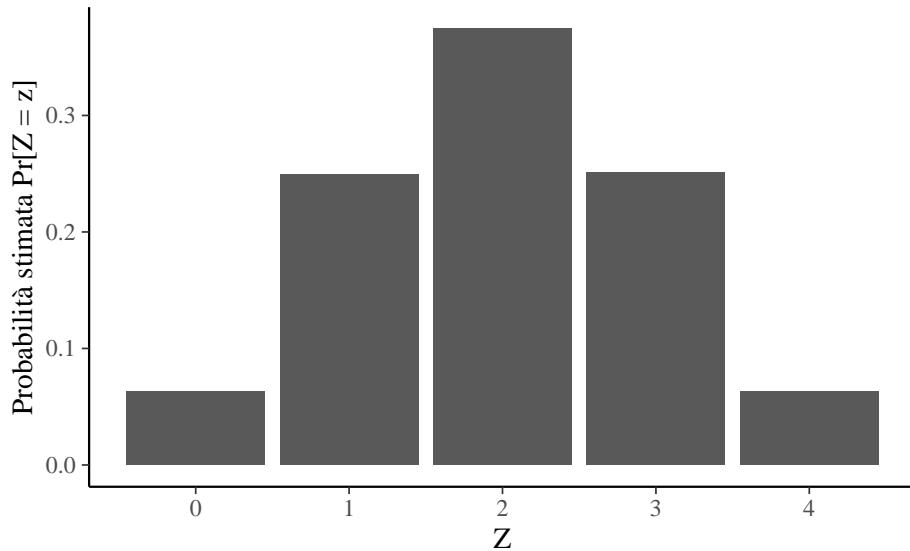


Figura 4.4: Grafico di $M = 100\,000$ simulazioni della funzione di massa di probabilità di una variabile casuale definita come il numero di teste in quattro lanci di una moneta equilibrata.

Se A è un sottoinsieme della variabile casuale Z , allora denotiamo con $P_z(A)$ la probabilità assegnata ad A dalla distribuzione P_z . Mediante una distribuzione di probabilità P_z è dunque possibile determinare la probabilità di ciascun

sottoinsieme $A \subset Z$ come

$$P_z(A) = \sum_{z \in A} P_z(Z).$$

Esempio 4.1. Per esempio, la probabilità che Z sia un numero dispari è

$$Pr(Z \text{ è un numero dispari}) = P_z(Z = 1) + P_z(Z = 3) = \frac{4}{16} + \frac{4}{16} = \frac{1}{2}.$$

Considerazioni conclusive

In questo capitolo abbiamo visto come si costruisce lo spazio campionario di un esperimento casuale, quali sono le proprietà di base della probabilità e come si assegnano le probabilità agli eventi definiti sopra uno spazio campionario discreto. Abbiamo anche introdotto le nozioni di “variabile casuale”, ovvero di una variabile che prende i suoi valori casualmente. E abbiamo descritto il modo di specificare la probabilità con cui sono presi i differenti valori, ovvero la funzione di distribuzione probabilistica

$$F(X) = Pr(X < x),$$

e la funzione di massa di probabilità. Le procedure di analisi dei dati psicologici che discuteremo in seguito faranno un grande uso di questi concetti e della notazione qui introdotta.

Probabilità condizionata

L'attribuzione di una probabilità ad un evento è sempre condizionata dalle conoscenze che abbiamo a disposizione. Per un determinato stato di conoscenze, attribuiamo ad un dato evento una certa probabilità di verificarsi; ma se il nostro stato di conoscenze cambia, allora cambierà anche la probabilità che attribuiamo all'evento in questione. Per esempio, posiamo chiederci quale sia la probabilità che Mario Rossi superi l'esame di Psicometria nel primo appello del presente anno accademico. In assenza di altre informazioni, la migliore stima di tale probabilità è data dalla proporzione di studenti che hanno superato l'esame di Psicometria nel corrispondente appello dei passati anni accademici. Ma se sappiamo che Mario Rossi è particolarmente portato per le materie quantitative, ha un'ottima preparazione di base e ha studiato molto, allora la probabilità sarà sicuramente più alta.

5.1 Probabilità condizionata su altri eventi

La probabilità condizionata è una componente essenziale del ragionamento scientifico dato che chiarisce come sia possibile incorporare le evidenze disponibili, in maniera logica e coerente, nella nostra conoscenza del mondo. Infatti, si può pensare che tutte le probabilità siano probabilità condizionate, anche se l'evento condizionante non è sempre esplicitamente menzionato. Consideriamo il seguente problema.

Esempio 5.1. Supponiamo che lo screening per la diagnosi precoce del tumore mammario si avvalga di test che sono accurati al 90%, nel senso che il 90% delle donne con cancro e il 90% delle donne senza cancro saranno classificate correttamente. Supponiamo che l'1% delle donne sottoposte allo screening abbia effettivamente il cancro al seno. Ci chiediamo: qual è la probabilità che una donna scelta casualmente abbia una mammografia positiva e, se ce l'ha, qual è la probabilità che abbia davvero il cancro?

5. PROBABILITÀ CONDIZIONATA

Per risolvere questo problema, supponiamo che il test in questione venga somministrato ad un grande campione di donne, diciamo a 1000 donne. Di queste 1000 donne, 10 (ovvero, l'1%) hanno il cancro al seno. Per queste 10 donne, il test darà un risultato positivo in 9 casi (ovvero, nel 90% dei casi). Per le rimanenti 990 donne che non hanno il cancro al seno, il test darà un risultato positivo in 99 casi (se la probabilità di un vero positivo è del 90%, la probabilità di un falso positivo è del 10%). Questa situazione è rappresentata nella figura 5.1. Mettendo insieme questi due risultati, vediamo che il test dà un risultato positivo per 9 donne che hanno effettivamente il cancro al seno e per 99 donne che non ce l'hanno, per un totale di 108 risultati positivi. Dunque, la probabilità di ottenere un risultato positivo al test è $\frac{108}{1000} = 11\%$. Ma delle 108 donne che hanno ottenuto un risultato positivo al test, solo 9 hanno il cancro al seno. Dunque, la probabilità di avere il cancro, dato un risultato positivo al test, è pari a $\frac{9}{108} = 8\%$.

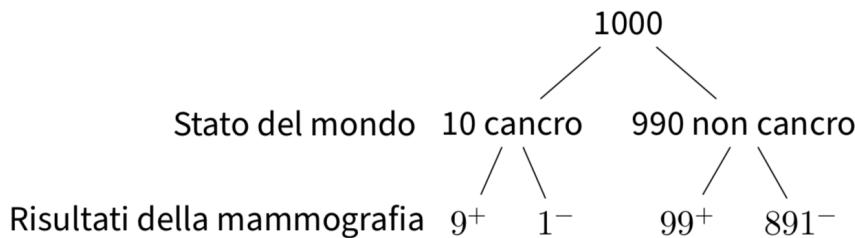


Figura 5.1: Rappresentazione ad albero che riporta le frequenze attese dei risultati di una mammografia in un campione di 1.000 donne

Nell'esercizio precedente, la probabilità dell'evento “ottenere un risultato positivo al test” è una probabilità non condizionata, mentre la probabilità dell'evento “avere il cancro al seno, dato che il test ha dato un risultato positivo” è una probabilità condizionata. In termini generali, la probabilità condizionata $P(A | B)$ rappresenta la probabilità che si verifichi l'evento A sapendo che si è verificato l'evento B (oppure: la probabilità di A in una prova valida solo se si verifica anche B). Ciò ci conduce alla seguente definizione.

Definizione 5.1. Dato un qualsiasi evento A , si chiama *probabilità condizionata* di A dato B il numero

$$P(A | B) = \frac{P(A \cap B)}{P(B)}, \quad \text{con } P(B) > 0, \quad (5.1)$$

dove $P(A \cap B)$ è la probabilità congiunta dei due eventi, ovvero la probabilità che si verifichino entrambi.

In alcuni casi può essere conveniente leggere al contrario la 5.1 e utilizzarla per calcolare la probabilità dell'intersezione di due eventi. Per esempio se conosciamo la probabilità dell'evento B e la probabilità condizionata di A su B , otteniamo

$$P(A \cap B) = P(B)P(A | B), \quad (5.2)$$

mentre se conosciamo la probabilità dell'evento A e la probabilità condizionata di B su A , otteniamo

$$P(A \cap B) = P(A)P(B | A).$$

Esempio 5.2. Da un mazzo di 52 carte (13 carte per ciascuno dei 4 semi) ne viene estratta 1 in modo casuale. Qual è la probabilità che esca una figura di cuori? Sapendo che la carta estratta ha il seme di cuori, qual è la probabilità che il valore numerico della carta sia 7, 8 o 9?

Ci sono 13 carte di cuori, dunque la risposta alla prima domanda è 1/4. Per rispondere alla seconda domanda consideriamo solo le 13 carte di cuori; la probabilità cercata è dunque 3/13.

La fallacia del pubblico ministero

Un errore comune che si commette è quello di credere che $P(A | B)$ sia uguale a $P(B | A)$. Tale fallacia ha particolare risalto in ambito forense tanto che è conosciuta con il nome di “fallacia del procuratore” (*prosecutor's fallacy*). In essa, una piccola probabilità dell'evidenza, data l'innocenza, viene erroneamente interpretata come la probabilità dell'innocenza, data l'evidenza.

Consideriamo il caso di un esame del DNA. Un esperto forense potrebbe affermare, ad esempio, che “se l'imputato è innocente, c'è solo una possibilità su un miliardo che vi sia una corrispondenza tra il suo DNA e il DNA trovato sulla scena del crimine”. Ma talvolta questa probabilità è erroneamente interpretata come avesse il seguente significato: “date le prove del DNA, c'è solo una possibilità su un miliardo che l'imputato sia innocente”.

Le considerazioni precedenti risultano più chiare se facciamo nuovamente riferimento all'esercizio sul tumore mammario descritto sopra. In tale esercizio abbiamo visto come la probabilità di cancro dato un risultato positivo al test sia uguale a 0.08. Tale probabilità è molto diversa dalla probabilità di un risultato positivo al test data la presenza del cancro. Infatti, questa seconda probabilità è uguale a 0.90 ed è descritta nel problema come una delle caratteristiche del test in questione.

5.2 Legge della probabilità composta

Il teorema della probabilità composta deriva dal concetto di probabilità condizionata per cui la probabilità che si verifichino due eventi A_i e A_j è pari alla probabilità di uno dei due eventi moltiplicato con la probabilità dell'altro evento condizionato al verificarsi del primo.

L'equazione (5.2) si estende al caso di n eventi A_1, \dots, A_n nella forma seguente:

$$\begin{aligned} P(A_1 \cap A_2 \cap \dots \cap A_n) &= P(A_1)P(A_2 | A_1)P(A_3 | A_1 \cap A_2) \dots \\ &\quad P(A_n | A_1 \cap A_2 \cap \dots \cap A_{n-1}) \end{aligned} \tag{5.3}$$

la quale esprime in forma generale la legge della probabilità composta.

Esempio 5.3. Da un'urna contenente 6 palline bianche e 4 nere si estrae una pallina per volta, senza reintrodurla nell'urna. Indichiamo con B_i l'evento: “esce

una pallina bianca alla i -esima estrazione” e con N_i l’estrazione di una pallina nera. L’evento: “escono due palline bianche nelle prime due estrazioni” è rappresentato dalla intersezione $\{B_1 \cap B_2\}$ e la sua probabilità vale, per la (5.2)

$$P(B_1 \cap B_2) = P(B_1)P(B_2 | B_1).$$

$P(B_1)$ vale $6/10$, perché nella prima estrazione Ω è costituito da 10 elementi: 6 palline bianche e 4 nere. La probabilità condizionata $P(B_2 | B_1)$ vale $5/9$, perché nella seconda estrazione, se è verificato l’evento B_1 , lo spazio campionario consiste di 5 palline bianche e 4 nere. Si ricava pertanto:

$$P(B_1 \cap B_2) = \frac{6}{10} \cdot \frac{5}{9} = \frac{1}{3}.$$

In modo analogo si ha che

$$P(N_1 \cap N_2) = P(N_1)P(N_2 | N_1) = \frac{4}{10} \cdot \frac{3}{9} = \frac{4}{30}.$$

Se l’esperimento consiste nell’estrazione successiva di 3 palline, la probabilità che queste siano tutte bianche vale, per la (5.3):

$$P(B_1 \cap B_2 \cap B_3) = P(B_1)P(B_2 | B_1)P(B_3 | B_1 \cap B_2),$$

dove la probabilità $P(B_3 | B_1 \cap B_2)$ si calcola supponendo che si sia verificato l’evento condizionante $\{B_1 \cap B_2\}$. Lo spazio campionario per questa probabilità condizionata è costituito da 4 palline bianche e 4 nere, per cui $P(B_3 | B_1 \cap B_2) = 1/2$ e quindi:

$$P(B_1 \cap B_2 \cap B_3) = \frac{6}{10} \cdot \frac{5}{9} \cdot \frac{4}{8} = \frac{1}{6}.$$

La probabilità dell’estrazione di tre palline nere è invece:

$$\begin{aligned} P(N_1 \cap N_2 \cap N_3) &= P(N_1)P(N_2 | N_1)P(N_3 | N_1 \cap N_2) \\ &= \frac{4}{10} \cdot \frac{3}{9} \cdot \frac{2}{8} = \frac{1}{30}. \end{aligned}$$

5.3 L’indipendenza stocastica

Un concetto molto importante per le applicazioni statistiche della probabilità è quello dell’indipendenza stocastica. La definizione (5.1) esprime il concetto intuitivo di indipendenza di un evento da un altro, nel senso che il verificarsi di A non influisce sulla probabilità del verificarsi di B , ovvero non la condiziona. Infatti, per la definizione (5.1) di probabilità condizionata, si ha che, se A e B sono due eventi indipendenti, risulta:

$$P(A | B) = \frac{P(A)P(B)}{P(B)} = P(A).$$

Possiamo dunque dire che due eventi A e B sono indipendenti se

$$\begin{aligned} P(A | B) &= P(A), \\ P(B | A) &= P(B). \end{aligned}$$

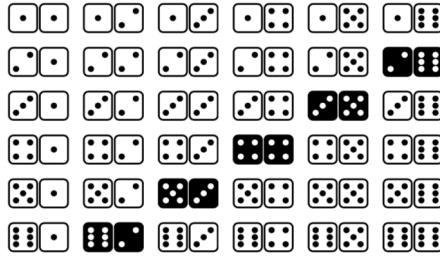


Figura 5.2: Rappresentazione dello spazio campionario dei risultati dell'esperimento casuale corrispondente al lancio di due dadi bilanciati. Sono evidenziati gli eventi elementari che costituiscono l'evento A : esce un 1 o un 2 nel primo lancio.

Esempio 5.4. Nel lancio di due dadi non truccati, si considerino gli eventi: $A = \{\text{esce un 1 o un 2 nel primo lancio}\}$ e $B = \{\text{il punteggio totale è 8}\}$. Gli eventi A e B sono indipendenti?

Rappresentiamo qui sotto lo spazio campionario dell'esperimento casuale.

Gli eventi A e B non sono statisticamente indipendenti. Infatti, le loro probabilità valgono $P(A) = 12/36$ e $P(B) = 5/36$ e la probabilità della loro intersezione è

$$P(A \cap B) = 1/36 = 3/108 \neq P(A)P(B) = 5/108.$$

Si noti che il concetto di indipendenza è del tutto differente da quello di incompatibilità. Due eventi A e B incompatibili (per i quali si ha $A \cap B = \emptyset$) sono statisticamente dipendenti, poiché il verificarsi dell'uno esclude il verificarsi dell'altro: $P(A \cap B) = 0 \neq P(A)P(B)$.

Si noti inoltre che, se due eventi con probabilità non nulla sono statisticamente indipendenti, la legge delle probabilità totali espressa dalla (5.4)

$$P(A \cup B) = P(A) + P(B) - P(A \cap B) \quad (5.4)$$

si modifica nella relazione seguente:

$$P(A \cup B) = P(A) + P(B) - P(A)P(B). \quad (5.5)$$

Considerazioni conclusive

La probabilità condizionata è importante perché ci fornisce uno strumento per precisare il concetto di indipendenza statistica. Una delle domande più importanti delle analisi statistiche è infatti quella che si chiede se due variabili sono associate tra loro oppure no. In questo Capitolo abbiamo discusso il concetto di indipendenza (come contrapposto al concetto di associazione – si veda il Capitolo @ref(#chapter-descript)). In seguito vedremo come sia possibile fare inferenza sull'associazione tra variabili.

Il teorema di Bayes

Il teorema di Bayes ha un ruolo centrale nella statistica Bayesiana, anche se viene utilizzato anche dall'approccio frequentista. Prima di esaminare il teorema di Bayes introdurremo una sua componente, ovvero il teorema della probabilità totale.

6.1 Il teorema della probabilità totale

Il teorema della probabilità totale fa uso della legge della probabilità composta (5.3). Lo discuteremo qui considerando il caso di una partizione dello spazio campionario in tre sottoinsiemi, ma è facile estendere tale discussione al caso di una partizione in un qualunque numero di sottoinsiemi.

Teorema 6.1. *Sia $\{F_1, F_2, F_3\}$ una partizione dello spazio campionario Ω . Se E è un qualunque altro evento, allora:*

$$P(E) = P(E \cap F_1) + P(E \cap F_2) + P(E \cap F_3)$$

ovvero

$$P(E) = P(E | F_1)P(F_1) + P(E | F_2)P(F_2) + P(E | F_3)P(F_3). \quad (6.1)$$

Il teorema della probabilità totale afferma che, se l'evento E è costituito da tutti gli eventi elementari in $E \cap F_1$, $E \cap F_2$ e $E \cap F_3$, allora la probabilità $P(E)$ è data dalla somma delle probabilità di questi tre eventi (figura 6.1).

Esempio 6.1. Si considerino tre urne, ciascuna delle quali contiene 100 palline:

- Urna 1: 75 palline rosse e 25 palline blu,
- Urna 2: 60 palline rosse e 40 palline blu,
- Urna 3: 45 palline rosse e 55 palline blu.

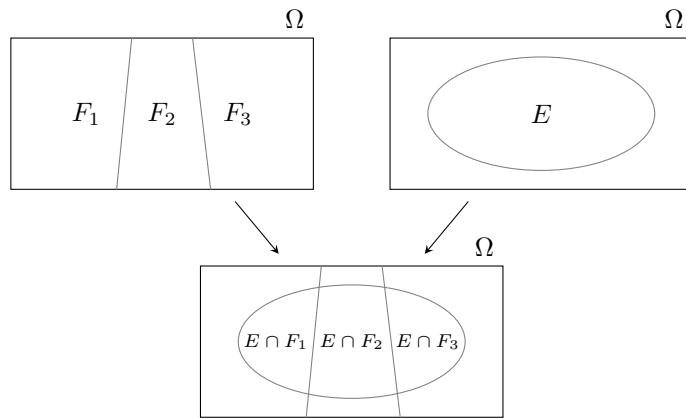


Figura 6.1: Partizione dello spazio campionario Ω .

Una pallina viene estratta a caso da un’urna anch’essa scelta a caso. Qual è la probabilità che la pallina estratta sia di colore rosso?

Sia R l’evento “la pallina estratta è rossa” e sia U_i l’evento che corrisponde alla scelta dell’ i -esima urna. Sappiamo che

$$P(R | U_1) = 0.75, \quad P(R | U_2) = 0.60, \quad P(R | U_3) = 0.45.$$

Gli eventi U_1 , U_2 e U_3 costituiscono una partizione dello spazio campionario in quanto U_1 , U_2 e U_3 sono eventi mutualmente esclusivi ed esaustivi, $P(U_1 \cup U_2 \cup U_3) = 1.0$. In base al teorema della probabilità totale, la probabilità di estrarre una pallina rossa è

$$\begin{aligned} P(R) &= P(R | U_1)P(U_1) + P(R | U_2)P(U_2) + P(R | U_3)P(U_3) \\ &= 0.75 \cdot \frac{1}{3} + 0.60 \cdot \frac{1}{3} + 0.45 \cdot \frac{1}{3} = 0.60. \end{aligned}$$

Esempio 6.2. Consideriamo un’urna che contiene 5 palline rosse e 2 palline verdi. Due palline vengono estratte, una dopo l’altra. Vogliamo sapere la probabilità dell’evento “la seconda pallina estratta è rossa”.

Lo spazio campionario è $\Omega = \{RR, RV, VR, VV\}$. Chiamiamo R_1 l’evento “la prima pallina estratta è rossa”, V_1 l’evento “la prima pallina estratta è verde”, R_2 l’evento “la seconda pallina estratta è rossa” e V_2 l’evento “la seconda pallina estratta è verde”. Dobbiamo trovare $P(R_2)$ e possiamo risolvere il problema usando il teorema della probabilità totale (6.1):

$$\begin{aligned} P(R_2) &= P(R_2 | R_1)P(R_1) + P(R_2 | V_1)P(V_1) \\ &= \frac{4}{6} \cdot \frac{5}{7} + \frac{5}{6} \cdot \frac{2}{7} = \frac{30}{42} = \frac{5}{7}. \end{aligned}$$

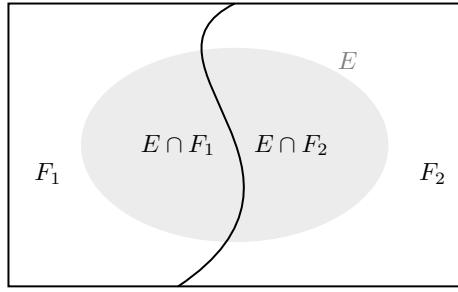
Se la prima estrazione è quella di una pallina rossa, nell’urna restano 4 palline rosse e due verdi, dunque, la probabilità che la seconda estrazione produca una pallina rossa è uguale a $4/6$. La probabilità di una pallina rossa nella prima estrazione è $5/7$. Se la prima estrazione è quella di una pallina verde, nell’urna

restano 5 palline rosse e una pallina verde, dunque, la probabilità che la seconda estrazione produca una pallina rossa è uguale a $5/6$. La probabilità di una pallina verde nella prima estrazione è $2/7$.

6.2 La formula di Bayes

Il teorema di Bayes rappresenta uno dei fondamenti della teoria della probabilità e della statistica. Lo presentiamo qui considerando un caso specifico per poi descriverlo nella sua forma più generale.

Sia $\{F_1, F_2\}$ una partizione dello spazio campionario Ω . Consideriamo un terzo evento $E \subset \Omega$ con probabilità non nulla di cui si conoscono le probabilità condizionate rispetto ad F_1 e a F_2 , ovvero $P(E | F_1)$ e $P(E | F_2)$. È chiaro per le ipotesi fatte che se si verifica E deve anche essersi verificato almeno uno degli eventi F_1 e F_2 . Supponendo che si sia verificato l'evento E , ci chiediamo: qual è la probabilità che si sia verificato F_1 piuttosto che F_2 ?



Per rispondere alla domanda precedente scriviamo:

$$\begin{aligned} P(F_1 | E) &= \frac{P(E \cap F_1)}{P(E)} \\ &= \frac{P(E | F_1)P(F_1)}{P(E)}. \end{aligned}$$

Sapendo che $E = (E \cap F_1) \cup (E \cap F_2)$ e che F_1 e F_2 sono eventi disgiunti, ovvero $F_1 \cap F_2 = \emptyset$, ne segue che possiamo calcolare $P(E)$ utilizzando il teorema della probabilità totale:

$$\begin{aligned} P(E) &= P(E \cap F_1) + P(E \cap F_2) \\ &= P(E | F_1)P(F_1) + P(E | F_2)P(F_2). \end{aligned}$$

Sostituendo il risultato precedente nella formula della probabilità condizionata $P(F_1 | E)$ otteniamo:

$$P(F_1 | E) = \frac{P(E | F_1)P(F_1)}{P(E | F_1)P(F_1) + P(E | F_2)P(F_2)}. \quad (6.2)$$

La (6.2) si generalizza facilmente al caso di più di due eventi disgiunti, come indicato di seguito.

Teorema 6.2. *Sia E un evento contenuto in $F_1 \cup \dots \cup F_k$, dove gli eventi $F_j, j = 1, \dots, k$ sono a due a due incompatibili e necessari. Allora per ognuno dei suddetti eventi F_j vale la seguente formula:*

$$P(F_j | E) = \frac{P(E | F_j)P(F_j)}{\sum_{j=1}^k P(F_j)P(E | F_j)}. \quad (6.3)$$

La (6.3) prende il nome di *Teorema di Bayes* e mostra che la conoscenza del verificarsi dell'evento E modifica la probabilità che abbiamo attribuito all'evento F_j .

Motivazioni per una probabilità bayesiana

La definizione frequentista di probabilità può essere riassunta nel noto limite

$$p(y) = \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{n_y}{n}, \quad (6.4)$$

dove n è il numero totale di prove e n_y il numero di volte in cui è stato ottenuto il risultato y . Nella trattazione frequentista, la probabilità è considerata come un elemento oggettivo della realtà, indipendente dallo stato di conoscenza soggettivo dell'agente che sta effettivamente compiendone l'assegnazione.

È chiaro che definizione di $p(y)$ fornita sopra è empirica ma, se ci pensiamo, è anche chiaro che essa risulta nel contempo mal definita, considerata l'impossibilità pratica di osservare una serie infinita di eventi. Nel paradigma frequentista è dunque necessario assumere che la probabilità $p(y)$ sia una proprietà oggettiva della realtà, ma non osservabile se non in maniera asintotica. Questo assunto viene rifiutato dall'approccio bayesiano.

Le probabilità come grado di fiducia

Il teorema di Bayes rende esplicito il motivo per cui la probabilità non può essere pensata come uno stato oggettivo, quanto piuttosto come un'inferenza soggettiva e condizionata. Nella (6.3) la probabilità condizionata $P(F_j | E)$ prende il nome di probabilità *a posteriori* dell'evento F_j : il termine “a posteriori” sta a significare “dopo che è noto che si è verificato l'evento E ”.

Il denominatore del membro di destra della (6.3) è un semplice fattore di normalizzazione. Nel numeratore compaiono invece due quantità: $P(F_j)$ e $P(E | F_j)$. La probabilità $P(F_j)$ è la probabilità *probabilità a priori (prior)* dell'evento F_j e rappresenta l'informazione che l'agente bayesiano possiede a proposito dell'evento F_j . Diremo che $P(F_j)$ codifica il grado di fiducia che l'agente ripone in F_j , sul quale non possiamo porre vincoli di alcun tipo. La probabilità condizionata $P(E | F_j)$ rappresenta invece la verosimiglianza di F_j e ci dice quant'è plausibile (verosimile) che si verifichi l'evento E condizionatamente al fatto che si sia verificato F_j .

Si noti che l'agente è un concetto privo di valore nel modello frequentista ma che diviene invece centrale in quello bayesiano. Nell'interpretazione bayesiana $P(F_j)$ rappresenta un giudizio personale dell'agente, e non esistono criteri esterni che possano determinare se tale giudizio sia coretto o meno. Il teorema di Bayes

descrive la regola che l'agente deve seguire per aggiornare il suo grado di fiducia in F_j alla luce di un ulteriore evento E . Per questo motivo abbiamo chiamato $P(F_j | E)$ probabilità a posteriori: essa rappresenta infatti la nuova probabilità che l'agente assegna ad F_j affinché rimanga consistente con le nuove informazioni fornitegli da E .

La probabilità a posteriori dipende sia da E , sia dalla conoscenza a priori dell'agente $P(F_j)$. In questo senso è chiaro come non abbia senso parlare di una probabilità oggettiva: per il teorema di Bayes la probabilità è definita condizionatamente alla probabilità a priori, la quale a sua volta, per definizione, è un'assegnazione soggettiva. Ne segue pertanto che ogni probabilità debba essere una rappresentazione del grado di fiducia (soggettiva) dell'agente.

Se ogni assegnazione probabilistica rappresenta uno stato di conoscenza, è altresì vero che un particolare stato di conoscenza è arbitrario e dunque non deve esserci necessariamente accordo a priori tra diversi agenti. Tuttavia, alla luce di nuove informazioni, la teoria delle probabilità ci fornisce uno strumento che consente l'aggiornamento dello stato di conoscenza in un modo razionale.

Aggiornamento bayesiano

Il teorema di Bayes consente di modificare una credenza a priori in maniera dinamica, via via che nuove evidenze vengono raccolte, in modo tale da formulare una credenza a posteriori la quale non è mai definitiva, ma può sempre essere aggiornata in base alle nuove evidenze disponibili. Questo processo si chiama *aggiornamento bayesiano*.

Esempio 6.3. Supponiamo che, per qualche strano errore di produzione, una fabbrica produca due tipi di monete. Il primo tipo di monete ha la caratteristica che, quando una moneta viene lanciata, la probabilità di osservare l'esito “testa” è 0.6. Per semplicità, sia θ la probabilità di osservare l'esito “testa”. Per una moneta del primo tipo, dunque, $\theta = 0.6$. Per una moneta del secondo tipo, invece, la probabilità di produrre l'esito “testa” è 0.4. Ovvero, $\theta = 0.4$.

Noi possediamo una moneta, ma non sappiamo se è del primo tipo o del secondo tipo. Sappiamo solo che il 75% delle monete sono del primo tipo e il 25% sono del secondo tipo. Sulla base di questa conoscenza *a priori* – ovvero sulla base di una conoscenza ottenuta senza avere eseguito l'esperimento che consiste nel lanciare la moneta una serie di volte per osservare gli esiti prodotti – possiamo dire che la probabilità di una prima ipotesi, secondo la quale $\theta = 0.6$, è 3 volte più grande della probabilità di una seconda ipotesi, secondo la quale $\theta = 0.4$. Senza avere eseguito alcun esperimento casuale con la moneta, questo è quello che sappiamo.

Ora immaginiamo di lanciare una moneta due volte e di ottenere il risultato seguente: $\{T, C\}$. Quello che ci chiediamo è: sulla base di questa evidenza, come cambiano le probabilità che associamo alle due ipotesi? In altre parole, ci chiediamo qual è la probabilità di ciascuna ipotesi alla luce dei dati che sono stati osservati: $P(H | y)$, laddove y sono i dati osservati. Tale probabilità si chiama probabilità a posteriori. Inoltre, se confrontiamo le due ipotesi, ci chiediamo quale valore assuma il rapporto $\frac{P(H_1 | y)}{P(H_2 | y)}$. Tale rapporto ci dice quanto è più probabile H_1 rispetto ad H_2 , alla luce dei dati osservati. Infine, ci chiediamo come cambia

il rapporto definito sopra, quando osserviamo via via nuovi risultati prodotti dal lancio della moneta.

Definiamo il problema in maniera più chiara. Conosciamo le probabilità a priori, ovvero $P(H_1) = 0.75$ e $P(H_2) = 0.25$. Quello che vogliamo conoscere sono le probabilità a posteriori $P(H_1 | y)$ e $P(H_2 | y)$.

Per trovare le probabilità a posteriori applichiamo il teorema di Bayes:

$$P(H_1 | y) = \frac{P(y | H_1)P(H_1)}{P(y)} = \frac{P(y | H_1)P(H_1)}{P(y | H_1)P(H_1) + P(y | H_2)P(H_2)}$$

laddove lo sviluppo del denominatore deriva da un'applicazione del teorema della probabilità totale. Inoltre,

$$P(H_2 | y) = \frac{P(y | H_2)P(H_2)}{P(y | H_1)P(H_1) + P(y | H_2)P(H_2)}.$$

Se consideriamo l'ipotesi H_1 = “la probabilità di testa è 0.6”, allora la verosimiglianza dei dati $\{T, C\}$, ovvero la probabilità di osservare questa specifica sequenza di T e C, è uguale a $0.6 \times 0.4 = 0.24$. Dunque, $P(y | H_1) = 0.24$.

Se invece consideriamo l'ipotesi H_2 = “la probabilità di testa è 0.4”, allora la verosimiglianza dei dati $\{T, C\}$ è $0.4 \times 0.6 = 0.24$, ovvero, $P(y | H_2) = 0.24$. In base alle due ipotesi H_1 e H_2 , dunque, i dati osservati hanno la medesima plausibilità di essere osservati. Per semplicità, calcoliamo anche

$$P(y) = P(y | H_1)P(H_1) + P(y | H_2)P(H_2) = 0.24 \cdot 0.75 + 0.24 \cdot 0.25 = 0.24.$$

Le probabilità a posteriori diventano:

$$P(H_1 | y) = \frac{P(y | H_1)P(H_1)}{P(y)} = \frac{0.24 \cdot 0.75}{0.24} = 0.75,$$

$$P(H_2 | y) = \frac{P(y | H_2)P(H_2)}{P(y)} = \frac{0.24 \cdot 0.25}{0.24} = 0.25.$$

Possiamo dunque concludere dicendo che, sulla base dei dati osservati, l'ipotesi H_1 ha una probabilità 3 volte maggiore di essere vera dell'ipotesi H_2 .

È tuttavia possibile raccogliere più evidenze e, sulla base di esse, le probabilità a posteriori cambieranno. Supponiamo di lanciare la moneta una terza volta e di osservare croce. I nostri dati dunque sono $\{T, C, C\}$.

Di conseguenza, $P(y | H_1) = 0.6 \cdot 0.4 \cdot 0.4 = 0.096$ e $P(y | H_2) = 0.4 \cdot 0.6 \cdot 0.6 = 0.144$. Ne segue che le probabilità a posteriori diventano:

$$P(H_1 | y) = \frac{P(y | H_1)P(H_1)}{P(y)} = \frac{0.096 \cdot 0.75}{0.096 \cdot 0.75 + 0.144 \cdot 0.25} = 0.667,$$

$$P(H_2 | y) = \frac{P(y | H_2)P(H_2)}{P(y)} = \frac{0.144 \cdot 0.25}{0.096 \cdot 0.75 + 0.144 \cdot 0.25} = 0.333.$$

In queste circostanze, le evidenze che favoriscono H_1 nei confronti di H_2 sono solo pari ad un fattore di 2.

Se otteniamo ancora croce in un quarto lancio della moneta, i nostri dati diventano: $\{T, C, C, C\}$. Ripetendo il ragionamento fatto sopra, $P(y | H_1) = 0.6 \cdot 0.4 \cdot 0.4 \cdot 0.4 = 0.0384$ e $P(y | H_2) = 0.4 \cdot 0.6 \cdot 0.6 \cdot 0.6 = 0.0864$.

Dunque

$$P(H_1 | y) = \frac{0.0384 \cdot 0.75}{0.0384 \cdot 0.75 + 0.0864 \cdot 0.25} = 0.571,$$

$$P(H_2 | y) = \frac{0.0864 \cdot 0.25}{0.0384 \cdot 0.75 + 0.0864 \cdot 0.25} = 0.429.$$

e le evidenze a favore di H_1 si riducono a 1.33. Se si ottenessse un altro esito croce in un sesto lancio della moneta, l'ipotesi H_2 diventerebbe più probabile dell'ipotesi H_1 .

In conclusione, questo esercizio ci fa capire come sia possibile aggiornare le nostre credenze sulla base delle evidenze disponibili, ovvero come sia possibile passare da un grado di conoscenza del mondo a priori a una conoscenza a posteriori. Se prima di lanciare la moneta ritenevamo che l'ipotesi H_1 fosse tre volte più plausibile dell'ipotesi H_2 , dopo avere osservato uno specifico campione di dati siamo giunti alla conclusione opposta. Il processo di aggiornamento bayesiano, dunque, ci fornisce un metodo per modificare il livello di fiducia in una data ipotesi, alla luce di nuove informazioni.

Considerazioni conclusive

Il teorema di Bayes costituisce il fondamento dell'approccio più moderno della statistica, quello appunto detto bayesiano. Chi usa il teorema di Bayes non è, solo per questo motivo, “bayesiano”: ci vuole ben altro. Ci vuole un modo diverso per intendere il significato della probabilità e un modo diverso per intendere gli obiettivi dell'inferenza statistica. In anni recenti, una gran parte della comunità scientifica ha riconosciuto all'approccio bayesiano il merito di consentire lo sviluppo di modelli anche molto complessi (intrattabili in base all'approccio frequentista) senza richiedere, d'altra parte, conoscenze matematiche troppo avanzate all'utente. Per questa ragione l'approccio bayesiano sta prendendo sempre più piede, anche in psicologia.

Probabilità congiunta

In psicologia e nella vita quotidiana siamo spesso interessati a studiare problemi di probabilità legati al valore congiunto di due o più variabili casuali. Ad esempio, potremmo misurare il QI dei bambini e il loro peso alla nascita, o l'altezza e il peso delle giraffe, o il livello di inquinamento atmosferico e il tasso di malattie respiratorie nelle città, o il numero di amici di Facebook e l'età. Ci potremmo chiedere che relazione esiste tra le coppie di variabili elencate in precedenza.

Per descrivere la relazione tra due variabili casuali è necessario calcolare la *covarianza* e la *correlazione*. Il calcolo di questi due indici richiede la conoscenza della funzione di probabilità congiunta. Obiettivo di questo Capitolo è chiarire cosa si intende per funzione di probabilità congiunta di due variabili casuali X e Y . Esamineremo qui in dettaglio il caso discreto.

7.1 Funzione di probabilità congiunta

Dopo aver trattato della distribuzione di probabilità di una variabile casuale, la quale associa ad ogni evento elementare dello spazio campionario uno ed un solo numero reale, è naturale estendere questo concetto al caso di due o più variabili casuali. Iniziamo a descrivere il caso discreto con un esempio.

Consideriamo l'esperimento casuale corrispondente al lancio di tre monete equilibrate. Lo spazio campionario è

$$\Omega = \{TTT, TTC, TCT, CTT, CCT, CTC, TCC, CCC\}.$$

Dato che i tre lanci sono tra loro indipendenti, non c'è ragione di aspettarsi che uno degli otto risultati possibili dell'esperimento sia più probabile degli altri, dunque possiamo associare a ciascuno degli otto eventi elementari dello spazio campionario la stessa probabilità, ovvero $1/8$.

Su tale spazio campionario consideriamo le variabili aleatorie $X \in \{0, 1, 2, 3\}$ che conta il numero delle teste nei tre lanci e $Y \in \{0, 1\}$ che conta il numero

delle teste al primo lancio. Indicando con T = ‘testa’ e C = ‘croce’, si ottiene dunque la situazione riportata nella tabella 7.1.

Tabella 7.1: Spazio campionario dell’esperimento consistente nel lancio di tre monete equilibrate su cui sono state definite le variabili aleatorie X e Y .

ω	X	Y	$P(\omega)$
$\omega_1 = TTT$	3	1	$1/8$
$\omega_2 = TTC$	2	1	$1/8$
$\omega_3 = TCT$	2	1	$1/8$
$\omega_4 = CTT$	2	0	$1/8$
$\omega_5 = CCT$	1	0	$1/8$
$\omega_6 = CTC$	1	0	$1/8$
$\omega_7 = TCC$	1	1	$1/8$
$\omega_8 = CCC$	0	0	$1/8$

Ci poniamo il problema di associare un livello di probabilità ad ogni coppia (x, y) definita su Ω . La coppia $(X = 0, Y = 0)$ si realizza in corrispondenza di un solo evento elementare, ovvero CCC; avrà dunque una probabilità pari a $P(X = 0, Y = 0) = P(CCC) = 1/8$. Nel caso della coppia $(X = 1, Y = 0)$ ci sono due eventi elementari che danno luogo al risultato considerato, ovvero, CCT e CTC; la probabilità $P(X = 1, Y = 0)$ sarà dunque data dall’unione delle probabilità dei due eventi elementari corrispondenti, cioè $P(X = 1, Y = 0) = P(CCT \cup CTC) = 1/8 + 1/8 = 1/4$. Riportiamo qui sotto i calcoli svolti per tutti i possibili valori di X e Y .

$$\begin{aligned} P(X = 0, Y = 0) &= P(\omega_8 = CCC) = 1/8; \\ P(X = 1, Y = 0) &= P(\omega_5 = CCT) + P(\omega_6 = CTC) = 2/8; \\ P(X = 1, Y = 1) &= P(\omega_7 = TCC) = 1/8; \\ P(X = 2, Y = 0) &= P(\omega_4 = CTT) = 1/8; \\ P(X = 2, Y = 1) &= P(\omega_3 = TCT) + P(\omega_2 = TTC) = 2/8; \\ P(X = 3, Y = 1) &= P(\omega_1 = TTT) = 1/8; \end{aligned}$$

Le probabilità così trovate sono riportate nella tabella 7.2 la quale descrive la distribuzione di probabilità congiunta delle variabili aleatorie X = “numero di realizzazioni con il risultato testa nei tre lanci” e Y = “numero di realizzazioni con il risultato testa nel primo lancio” per l’esperimento casuale consistente nel lancio di tre monete equilibrate.

Tabella 7.2: Distribuzione di probabilità congiunta per i risultati dell’esperimento consistente nel lancio di tre monete equilibrate.

x/y	0	1
0	$1/8$	0
1	$2/8$	$1/8$
2	$1/8$	$2/8$
3	0	$1/8$

In generale, possiamo dire che, dato uno spazio campionario discreto Ω , è possibile associare ad ogni evento elementare ω_i dello spazio campionario una coppia di numeri reali (x, y) , essendo $x = X(\omega)$ e $y = Y(\omega)$, il che ci conduce alla seguente definizione.

Definizione 7.1. Siano X e Y due variabili casuale. La funzione che associa ad ogni coppia (x, y) un livello di probabilità prende il nome di funzione di probabilità congiunta:

$$P(x, y) = P(X = x, Y = y).$$

Il termine “congiunta” deriva dal fatto che questa probabilità è legata al verificarsi di una coppia di valori, il primo associato alla variabile casuale X ed il secondo alla variabile casuale Y . Nel caso di due sole variabili casuali si parla di distribuzione bivariata, mentre nel caso di più variabili casuali si parla di distribuzione multivariata.

Proprietà

Una distribuzione di massa di probabilità congiunta bivariata deve soddisfare due proprietà:

1. $0 \leq P(x_i, y_j) \leq 1$;
2. la probabilità totale deve essere uguale a 1.0. Tale proprietà può essere espressa nel modo seguente

$$\sum_i \sum_j P(x_i, y_j) = 1.0.$$

Eventi

Si noti che dalla probabilità congiunta possiamo calcolare la probabilità di qualsiasi evento definito in base alle variabili aleatorie X e Y . Per capire come questo possa essere fatto, consideriamo nuovamente l'esperimento casuale discusso in precedenza.

Esempio 7.1. Per la distribuzione di massa di probabilità congiunta riportata nella tabella precedente si trovi la probabilità dell'evento $X + Y \leq 1$.

Per trovare la probabilità richiesta dobbiamo semplicemente sommare le probabilità associate a tutte le coppie (x, y) che soddisfano la condizione $X + Y \leq 1$, ovvero

$$P_{XY}(X + Y \leq 1) = P_{XY}(0, 0) + P_{XY}(1, 0) = 3/8.$$

Regola della catena

Regola della catena permette il calcolo di qualsiasi membro della distribuzione congiunta di un insieme di variabili casuali utilizzando solo le probabilità condizionate.

Definizione 7.2. Dati due eventi A e B , la regola della catena (*chain rule*) afferma che

$$P(A \cap B) = P(A)P(B | A).$$

Nel caso di 4 eventi, per esempio, la regola della catena diventa

$$P(A_1, A_2, A_3, A_4) = P(A_1)P(A_2 | A_1)P(A_3 | A_1, A_2)P(A_4 | A_1, A_2, A_3).$$

Funzioni di probabilità marginali

Data la funzione di probabilità congiunta $p(x, y)$ è possibile pervenire alla costruzione della funzione di probabilità della singola variabile casuale X o della singola variabile casuale Y

$$P(X) = \sum_y Pr(X, Y = y), \quad (7.1)$$

$$P(Y) = \sum_x P(X = x, Y), \quad (7.2)$$

che prendono, rispettivamente, il nome di funzione di probabilità marginale di X e funzione di probabilità marginale di Y . Si noti che P_X e P_Y sono normalizzate:

$$\sum_x P_X(x) = 1.0, \quad \sum_y P_Y(y) = 1.0.$$

Esempio 7.2. Per l'esperimento casuale consistente nel lancio di tre monete equilibrate, si calcolino le probabilità marginali di X e Y .

Nell'ultima colonna a destra e nell'ultima riga in basso della tabella 7.3 sono riportate le distribuzioni di probabilità marginali di X e Y . P_X si ottiene sommando su ciascuna riga fissata la colonna j , $P_X(X = j) = \sum_y p_{xy}(x = j, y)$. P_Y si trova sommando su ciascuna colonna fissata la riga i , $P_Y(Y = i) = \sum_x p_{xy}(x, y = i)$.

Tabella 7.3: Distribuzione di probabilità congiunta $p(x, y)$ per i risultati dell'esperimento consistente nel lancio di tre monete equilibrate e probabilità marginali $P(x)$ e $P(y)$.

x/y	0	1	$P(x)$
0	1/8	0	1/8
1	2/8	1/8	3/8
2	1/8	2/8	3/8
3	0	1/8	1/8
$P(y)$	4/8	4/8	1.0

7.2 Marginalizzazione nel caso continuo

Come indicato nel Paragrafo precedente, la marginalizzazione è un metodo che richiede di sommare tutti i possibili valori di una variabile casuale per determinare il contributo marginale di un'altra. Per una v.c. discreta abbiamo

$$Pr(X) = \sum_y Pr(X, Y = y),$$

ovvero

$$P(X) = \sum_y P(X, Y = y) = \sum_y P(X | Y = y)P(Y = y). \quad (7.3)$$

Nel caso continuo abbiamo

$$p(X) = \int_y p(X, Y = y)dy = \int_y p(X | Y = y)p(Y = y). \quad (7.4)$$

7.3 Verosimiglianza marginalizzata

Nella statistica bayesiana, la marginalizzazione serve per calcolare la cosiddetta *verosimiglianza marginalizzata*. Sia $y = \{y_1, \dots, y_n\}$ un campione casuale e si assuma un modello statistico parametrizzato da θ . Il teorema di Bayes è

$$p(\theta | y) = \frac{p(y | \theta)p(\theta)}{p(y)},$$

laddove

$$p(y) = \int_\theta p(y | \theta)p(\theta)d\theta,$$

si integra su tutti i valori del parametro (o dei parametri).

7.4 Indipendenza stocastica

Ora abbiamo tutti gli strumenti per dare una precisa definizione statistica al concetto di indipendenza. La definizione proposta sarà necessariamente coerente con la definizione di indipendenza che abbiamo usato fino ad ora. Ma, espressa in questi nuovi termini, potrà essere utilizzata in indagini probabilistiche e statistiche più complesse. Ricordiamo che gli eventi A e B si dicono indipendenti se $P(A \cap B) = P(A)P(B)$. Diciamo quindi che X e Y sono indipendenti se qualsiasi evento definito da X è indipendente da qualsiasi evento definito da Y . La definizione formale che garantisce che ciò accada è la seguente.

Definizione 7.3. Le variabili aleatorie X e Y sono indipendenti se la loro distribuzione congiunta è il prodotto delle rispettive distribuzioni marginali:

$$P(X, Y) = P_X(x)P_Y(y). \quad (7.5)$$

Nel caso discreto, dunque, l'indipendenza implica che la probabilità riportata in ciascuna cella della tabella di probabilità congiunta deve essere uguale al prodotto delle probabilità marginali di riga e di colonna:

$$P(x_i, y_i) = P_X(x_i)P_Y(y_i).$$

Esempio 7.3. Per la situazione rappresentata nella tabella 7.2 le variabili casuali X e Y sono indipendenti?

Nella tabella le variabili casuali X e Y non sono indipendenti: le probabilità congiunte non sono ricavabili dal prodotto delle marginali. Per esempio, nessuna delle probabilità marginali è uguale a 0 per cui nessuno dei valori dentro la tabella (probabilità congiunte) che risulta essere uguale a 0 può essere il prodotto delle probabilità marginali.

Considerazioni conclusive

La funzione di probabilità congiunta tiene simultaneamente conto del comportamento di due variabili casuali X e Y e di come esse si influenzano reciprocamente. In particolare, si osserva che se le due variabili non si influenzano, cioè se sono statisticamente indipendenti, allora la distribuzione di massa di probabilità congiunta si ottiene come prodotto delle funzioni di probabilità marginali di X e Y : $P_{X,Y}(x, y) = P_X(x)P_Y(y)$.

Funzione di densità di probabilità

Finora abbiamo considerato solo variabili casuali discrete, cioè variabili che assumono solo valori interi. Ma cosa succede se vogliamo usare variabili casuali per rappresentare lunghezze o volumi o distanze una qualsiasi delle altre proprietà continue nel mondo fisico (o psicologico)? È necessario generalizzare l'approccio usato finora.

Le variabili casuali continue assumono valori reali. L'insieme dei numeri reali è *non numerabile* perché è più grande dell'insieme degli interi.¹ Le leggi della probabilità sono le stessa per le variabili casuali discrete e quelle continue. La nozione di funzione di massa di probabilità, invece, deve essere sostituita dal suo equivalente continuo, ovvero dalla funzione di densità di probabilità. Lo scopo di questo Capitolo è quello di chiarire il significato di questa nozione, usando un approccio basato sulle simulazioni.

8.1 Spinner e variabili casuali continue uniformi

Consideriamo il seguente esperimento casuale. Facciamo ruotare ad alta velocità uno spinner simmetrico impenniato su un goniometro e osserviamo la posizione in cui si ferma (individuata dall'angolo acuto con segno tra il suo asse e l'asse orizzontale del goniometro). Chiamiamo Θ la variabile casuale “pendenza dello spinner”. Nella trattazione seguente useremo i gradi e, di conseguenza, $\Theta \in [0, 360]$.

Cosa implica per Θ dire che lo spinner è simmetrico? Possiamo dire che, in ciascuna prova, la rotazione dello spinner produce un angolo qualunque da 0 a 360 gradi. In altri termini, un valore Θ compreso tra 0 e 36 gradi ha la stessa probabilità di essere osservato di un valore Θ compreso tra 200 e 236 gradi. Inoltre, poiché 36 gradi è un decimo del percorso intorno al cerchio, la

¹Georg Cantor dimostrò che era impossibile mappare uno a uno i reali negli interi, dimostrando così che l'insieme dei reali è non numerabile.

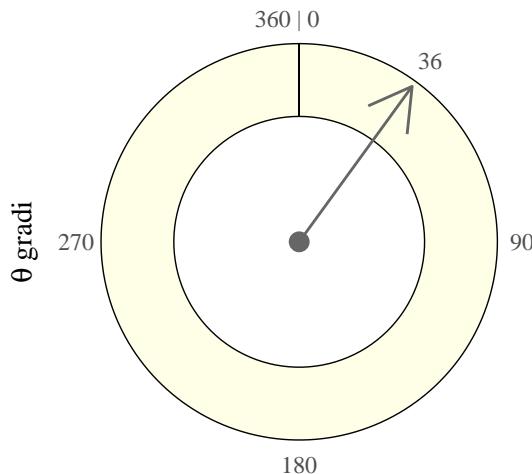


Figura 8.1: Uno spinner che riposa a 36 gradi, o il dieci per cento del percorso intorno al cerchio. La pendenza dello spinner può assumere qualunque valore tra 0 e 360 gradi.

probabilità di ottenere un qualsiasi intervallo di 36 gradi sarà sempre uguale al 10%. Ovvero

$$P[0 \leq \Theta \leq 36] = \frac{1}{10}$$

e

$$P[200 \leq \Theta \leq 236] = \frac{1}{10}.$$

È importante notare che le considerazioni precedenti non si riferiscono al fatto che Θ può assumere uno specifico valore, ma piuttosto alla probabilità di osservare Θ in un particolare intervallo di valori. In generale, la probabilità che la pendenza Θ dello spinner cada in un intervallo è la frazione del cerchio rappresentata dall'intervallo, cioè,

$$P[\theta_1 \leq \Theta \leq \theta_2] = \frac{\theta_2 - \theta_1}{360}, \quad 0 \leq \theta_1 \leq \theta_2 \leq 360.$$

La ragione di questo è che le variabili casuali continue non hanno una massa di probabilità. Invece, una massa di probabilità viene assegnata alla realizzazione della variabile casuale in un intervallo di valori.

Il paradosso delle variabili casuali continue

Nel nostro esempio, la pendenza dello spinner è esattamente 36 gradi; ma avrebbe potuto anche essere 36.0376531 gradi o qualunque altro valore in quel l'intorno. Qual è la probabilità che la pendenza dello spinner sia esattamente 36? Paradossalmente, la risposta è zero:

$$P[\Theta = 36] = 0.$$

Infatti, se la probabilità di un qualunque valore fosse maggiore di zero, ogni altro possibile valore dovrebbe avere la stessa probabilità, dato che abbiamo

assumiamo che tutti i valori Θ sono egualmente probabili. Ma se poi andiamo a sommare tutte queste probabilità il totale diventerà maggiore di uno, il che non è possibile.

Nel caso delle variabili casuali continue dobbiamo dunque rinunciare a qualcosa, e quel qualcosa è l'idea che, in una distribuzione continua, ciascun valore puntuale della variabile casuale possa avere una massa di probabilità maggiore di zero. Il paradosso sorge perché una realizzazione della variabile casuale continua produce sempre un qualche numero, ma ciascuno di tali numeri ha probabilità nulla.

8.2 La funzione di ripartizione per una variabile casuale continua

Supponiamo che $\Theta \sim \text{uniform}(0, 360)$ sia la pendenza dello spinner. La funzione di ripartizione (ovvero, la distribuzione cumulativa) è definita esattamente come nel caso delle variabili casuali discrete:

$$F_\Theta(\theta) = P[\Theta \leq \theta].$$

Cioè, è la probabilità che la variabile casuale Θ assuma un valore minore di o uguale a θ . In questo caso, poiché si presume che lo spinner sia simmetrico, la funzione di distribuzione cumulativa è

$$F_\Theta(\theta) = \frac{\theta}{360}.$$

Questa è una funzione lineare di θ , cioè $\frac{1}{360} \times \theta$, come indicato dal grafico della figura 8.2.

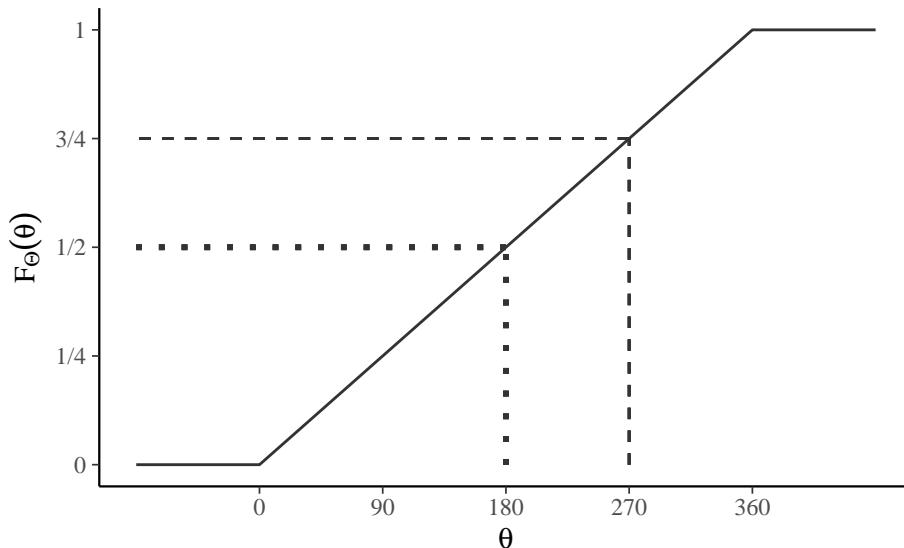


Figura 8.2: Funzione di distribuzione cumulativa per l'angolo θ (in gradi) risultante da una rotazione di uno spinner simmetrico. La linea tratteggiata mostra il valore a 180 gradi, che corrisponde ad una probabilità di 0.5, e la linea tratteggiata a 270 gradi, che corrisponde ad una probabilità di 0.75.

Possiamo verificare questo risultato mediante simulazione. Per stimare la funzione di ripartizione, simuliamo M valori $\theta^{(m)}$ e poi li ordiniamo in ordine crescente.

```

M <- 1000
theta <- runif(M, 0, 360)
theta_asc <- sort(theta)
prob <- (1:M) / M
unif_cdf_df <- data.frame(
  theta = theta_asc,
  prob = prob
)
unif_cdf_plot <-
  unif_cdf_df %>%
  ggplot(aes(x = theta, y = prob)) +
  geom_line() +
  scale_x_continuous(breaks = c(0, 90, 180, 270, 360)) +
  scale_y_continuous(breaks = c(0, 0.25, 0.5, 0.75, 1.0)) +
  xlab(expression(theta)) +
  ylab(expression(F[Theta](theta)))
unif_cdf_plot
    
```

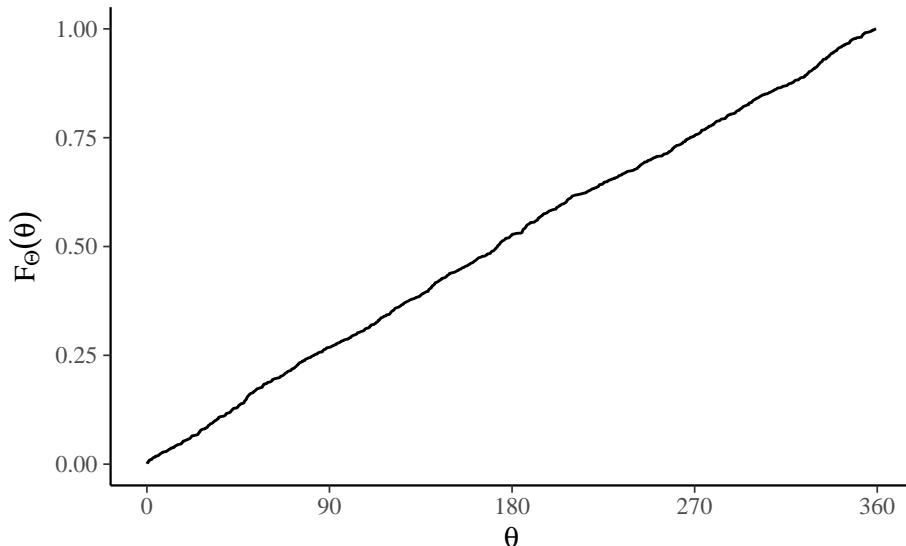


Figura 8.3: Grafico della funzione di ripartizione di una variabile casuale Θ che rappresenta il risultato di una rotazione di uno spinner simmetrico. Come previsto, tale funzione è una semplice funzione lineare perché la variabile sottostante Θ ha una distribuzione uniforme.

Anche con $M = 1000$, tale grafico è praticamente indistinguibile da quello prodotto per via analitica.

Come nel caso delle variabili casuali discrete, la funzione di ripartizione può essere utilizzata per calcolare le probabilità che la variabile casuale assuma valori in un intervallo. Ad esempio

$$\begin{aligned}
 P[180 < \Theta \leq 270] &= P[\Theta \leq 270] - P[\Theta \leq 180] \\
 &= F_\Theta(270) - F_\Theta(180) \\
 &= \frac{3}{4} - \frac{1}{2} \\
 &= \frac{1}{4}.
 \end{aligned} \tag{8.1}$$

8.3 La distribuzione uniforme

Dopo avere visto come generare numeri casuali uniformi da 0 a 360, ora consideriamo una variabile casuale che assume valori nell'intervallo da 0 a 1. Chiamiamo sempre Θ tale variabile casuale, ma assumiamo ora che abbia una distribuzione continua uniforme sull'intervallo $[0, 1]$:

$$\Theta \sim Uniform(0, 1).$$

Poiché le probabilità assumono valori nell'intervallo $[0, 1]$, possiamo pensare a Θ come ad un valore di probabilità preso a caso in ciascuna realizzazione dell'esperimento casuale.

La distribuzione uniforme è la più semplice delle distribuzioni di densità di probabilità. Per chiarire le proprietà di tale distribuzione, iniziamo con una simulazione e generiamo 10,000 valori casuali di Θ . I primi 10 di tali valori sono stampati qui di seguito:

```

set.seed(1234)
M <- 10000
logit <- function(x) log(x / (1 - x))
theta <- runif(M)
alpha <- logit(theta)
for (m in 1:10) {
  print(alpha[m])
}
#> [1] -2.053458
#> [1] 0.4993195
#> [1] 0.4442646
#> [1] 0.5039172
#> [1] 1.822914
#> [1] 0.5767125
#> [1] -4.647369
#> [1] -1.193965
#> [1] 0.6905252
#> [1] 0.05702001

```

Creiamo ora un istogramma che descrive la distribuzione delle 10,000 realizzazioni Θ che abbiamo trovato:

8. FUNZIONE DI DENSITÀ DI PROBABILITÀ

```
df_prob_unif <- data.frame(theta = theta)
unif_prob_plot <-
  ggplot(df_prob_unif, aes(theta)) +
  geom_histogram(
    binwidth = 1 / 34, center = 1 / 68, color = "black",
    size = 0.25
  ) +
  scale_x_continuous(breaks = c(0, 0.25, 0.5, 0.75, 1)) +
  scale_y_continuous(lim = c(0, 1300), breaks = c(500, 1000)) +
  xlab(expression(paste(Theta, " ~ Uniform(0, 1)")))
unif_prob_plot
```

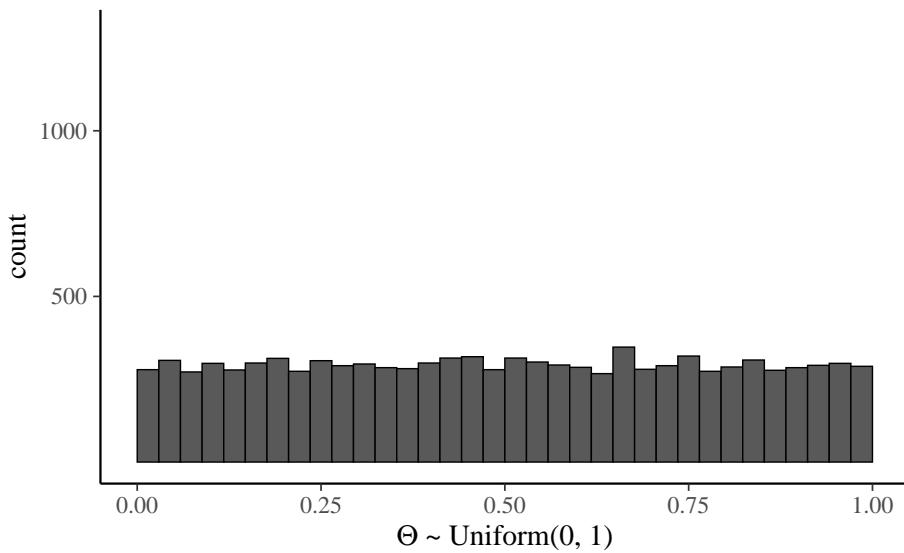
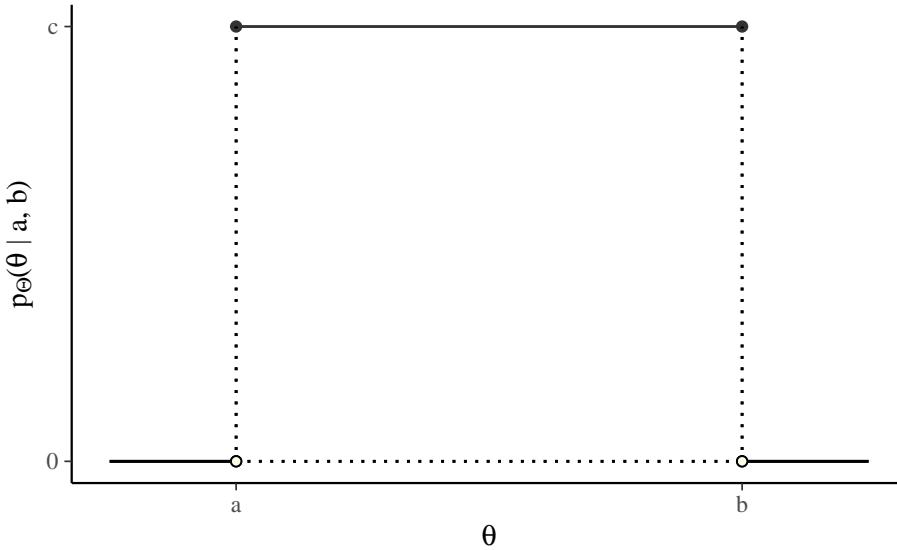


Figura 8.4: Istogramma di 10 000 realizzazioni $\Theta \sim \text{Uniform}(0, 1)$.

È chiaro che, all'aumentare del numero delle realizzazioni Θ , il profilo dell'istogramma tenderà a diventare una linea retta. Ciò significa che la funzione di densità di una variabile casuale uniforme continua è una costante. Cioè, se $\Theta \sim \text{Uniform}(a, b)$, allora $p_\Theta(\theta) = c$, dove c è una costante.

```
uniform_pdf_df <- data.frame(y = c(0, 1), p_y = c(1, 1))
uniform_pdf_plot <-
  ggplot(uniform_pdf_df, aes(x = y, y = p_y)) +
  geom_line(size = 0.5, color = "#333333") +
  geom_point(size = 1.5, color = "#333333") +
  scale_x_continuous(breaks = c(0, 1), labels = c("a", "b")) +
  scale_y_continuous(
    lim = c(0, 1), breaks = c(0, 1),
    labels = c("0", "c")
  ) +
  xlab(expression(theta)) +
  ylab(expression(paste(p[Theta], "(", theta, " | a, b)")))
  geom_segment(aes(x = 0, y = 0, xend = 0, yend = 1), linetype = "dotted") +
```

```
geom_segment(aes(x = 1, y = 0, xend = 1, yend = 1), linetype = "dotted") +
  geom_segment(aes(x = 0, y = 0, xend = 1, yend = 0), linetype = "dotted") +
  geom_segment(aes(x = -0.25, y = 0, xend = 0, yend = 0)) +
  geom_segment(aes(x = 1, y = 0, xend = 1.25, yend = 0)) +
  geom_point(aes(x = 0, y = 0), size = 1.5, shape = 21, fill = "#ffffe6") +
  geom_point(aes(x = 1, y = 0), size = 1.5, shape = 21, fill = "#ffffe6")
uniform_pdf_plot
```



Dal grafico vediamo che l'area sottesa alla funzione di densità è $(b-a) \times c$. Dato che tale area deve essere unitaria, ovvero, $(b-a) \times c = 1$, possiamo trovare c dividendo entrambi i termini per $b-a$,

$$c = \frac{1}{b-a}.$$

Ovvero, se $\Theta \sim \text{Uniform}(a, b)$, allora

$$p_\Theta(\theta) = \text{Uniform}(\theta | a, b),$$

laddove

$$\text{Uniform}(\theta | a, b) = \frac{1}{b-a}.$$

In conclusione, la densità di una variabile casuale continua non dipende da θ — è costante e identica per ogni possibile valore θ .² Vedremo nel prossimo Paragrafo che, eseguendo una trasformazione su questa variabile casuale uniforme, possiamo creare altre variabili casuali di interesse.

²Per comodità, possiamo assumere che i valori impossibili di θ abbiano una densità uguale a zero.

8.4 La trasformazione logit

Supponiamo che Θ sia una variabile casuale con una distribuzione continua uniforme sull'intervallo $[0, 1]$, cioè $\Theta \sim Uniform(0, 1)$. Vedremo ora come, partendo dalla distribuzione uniforme, sia possibile generare una nuova variabile casuale la cui funzione di densità si chiama distribuzione logistica.

Data una variabile casuale uniforme continua $\Theta \in (0, 1)$, possiamo definire i suoi log odds come

$$\text{logit}(\theta) = \log \frac{\theta}{1 - \theta}, \quad (8.2)$$

ovvero come il logaritmo naturale degli odds, $\frac{\theta}{1-\theta}$.

Chiameremo

$$\Phi = \text{logit}(\Theta)$$

la variabile casuale le cui realizzazioni sono i logit (log odds) di Θ .

Per comprendere la distribuzione di Φ facciamo nuovamente ricorso alla simulazione. Iniziamo con il generare un certo numero di realizzazioni Θ dalle quali otteniamo $\Phi = \text{logit}(\Theta)$. Mediante un istogramma esaminiamo la distribuzione dei valori Φ che abbiamo trovato. Notiamo che, anche se $\Theta \sim Uniform(0, 1)$, la variabile casuale $\Phi = \text{logit}(\Theta)$ non è distribuita in maniera uniforme. Un'altra caratteristica di Φ è che la distribuzione dei suoi valori è simmetrica intorno allo zero. Infine, dall'istogramma vediamo che la distribuzione di Φ è quasi completamente contenuta nell'intervallo ± 6 dall'origine.

```
df_log_odds <- data.frame(alpha = alpha)
log_odds_plot <-
  ggplot(df_log_odds, aes(alpha)) +
  geom_histogram(
    binwidth = 0.5, color = "black", size = 0.25
  ) +
  scale_x_continuous(
    breaks = c(-6, -4, -2, 0, 2, 4, 6)
  ) +
  scale_y_continuous(
    lim = c(0, 1300), breaks = c(500, 1000)
  ) +
  xlab(
    expression(paste(Phi, " = ", logit(Theta)))
  )
log_odds_plot
```

Lo zero sulla scala dei logit corrisponde a 0.5 sulla scala delle probabilità, cioè

$$0 = \text{logit}(0.5),$$

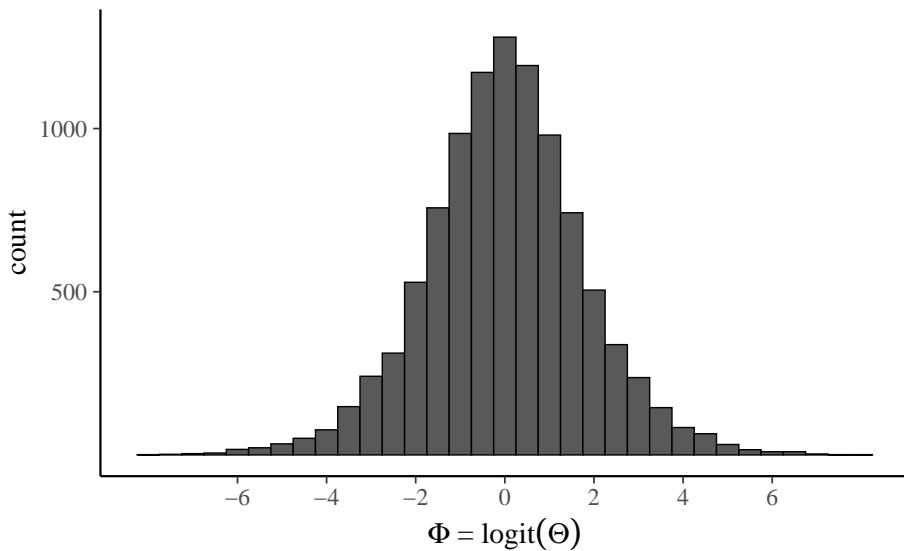


Figura 8.5: Istogramma di 10 000 realizzazioni $\Theta \sim \text{Uniform}(0, 1)$ trasformate mediante la funzione logit $\Phi = \text{logit}(\Theta)$.

o equivalenteente,

$$\text{logit}^{-1}(0) = 0.5.$$

L'inverso della funzione logit è dato dalla *funzione logistica*

$$\text{logit}^{-1}(u) = \frac{1}{1 + \exp(-u)}. \quad (8.3)$$

Questo non è sorprendente dato che

$$\text{logit}^{-1}(-6) = 0.0025$$

e

$$\text{logit}^{-1}(6) = 0.9975$$

sulla scala delle probabilità.

Possiamo anche fare quello che abbiamo fatto per le distribuzioni uniformi e, mediante simulazione, generare la funzione di ripartizione di Φ (figura 8.6).

```
logit <- function(u) log(u / (1 - u))
M <- 1000
phi <- logit(runif(M))
phi_asc <- sort(phi)
prob <- (1:M) / M
logistic_cdf_df <- data.frame(phi = phi_asc, prob = prob)
logistic_cdf_plot <-
  ggplot(logistic_cdf_df, aes(x = phi, y = prob)) +
  geom_line() +
  geom_hline(
    yintercept = 1, size = 0.3, linetype = "dashed",
```

```

color = "#333333"
) +
geom_hline(
  yintercept = 0, size = 0.3, linetype = "dashed",
  color = "#333333"
) +
geom_vline(
  xintercept = 0, size = 0.3, linetype = "dotted",
  color = "#333333"
) +
geom_hline(
  yintercept = 0.5, size = 0.3, linetype = "dotted",
  color = "#333333"
) +
scale_x_continuous(
  lim = c(-7, 7),
  breaks = c(-6, -4, -2, 0, 2, 4, 6)
) +
scale_y_continuous(breaks = c(0, 0.25, 0.5, 0.75, 1.0)) +
xlab(expression(phi)) +
ylab(expression(F[Phi](phi)))
logistic_cdf_plot
    
```

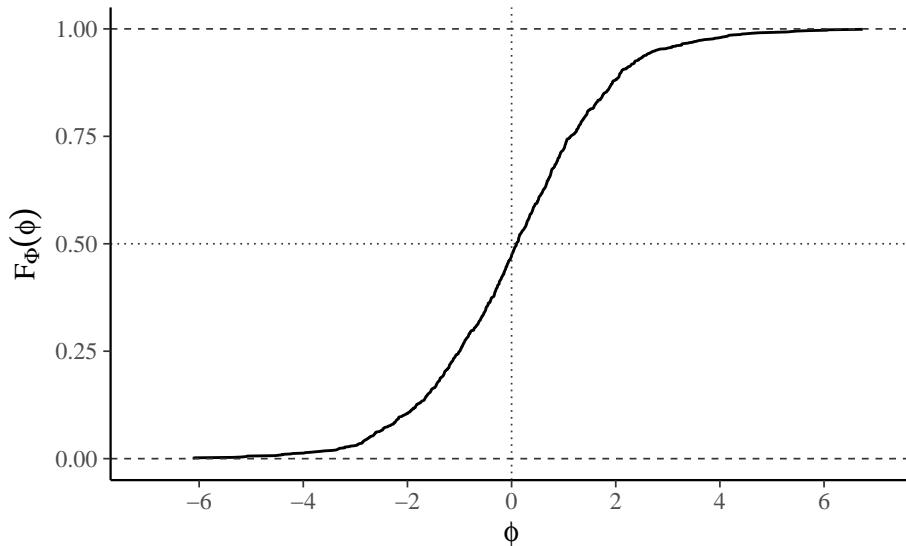


Figura 8.6: Grafico della funzione di distribuzione cumulativa di una variabile casuale $\Phi = \text{logit}(\Theta)$ che rappresenta la trasformazione logaritmica di una variabile casuale distribuita uniformemente $\Theta \sim \text{uniform}(0, 1)$. La curva ha una forma sigmoidale. Gli asintoti a 0 e 1 sono indicati con linee tratteggiate; la curva è simmetrica intorno allo 0 sull'asse x e a 0.5 sull'asse y, come evidenziato dalle linee punteggiate.

Il risultato è una funzione a forma sigmoidale i cui valori sono compresi tra 0 e 1, con asintoti a uno quando θ tende a $+\infty$ e a zero quando θ tende a $-\infty$. In corrispondenza di $\Phi = 0$ troviamo il valore 0.5. La curva prodotta

dalla simulazione è una curva molto nota chiamata *funzione logistica*. In termini analitici, la funzione logistica viene espressa come segue:

$$F_{\Theta}(\theta) = \text{logit}^{-1}(\theta) = \frac{1}{1 + \exp(-\theta)}, \quad (8.4)$$

con $\theta \in [0, 1]$.

8.5 Dagli istogrammi alle densità

Non esiste l'equivalente di una funzione di massa di probabilità per le variabili casuali continue. Esiste invece una *funzione di densità di probabilità* la quale, nei termini di una simulazione, può essere concepita nel modo seguente: avendo a disposizione un numero enorme di casi, quando l'intervallo Δ di ciascuna classe $\rightarrow 0$, la spezzata tende a diventare una curva continua. Tale curva continua $f(x)$ è detta funzione di densità di probabilità.

Come si trasformano gli istogrammi all'aumentare del numero di osservazioni? Nei grafici seguenti, la numerosità cresce da 10 a 1 000 000.

```
set.seed(1234)
df_log_odds_growth <- data.frame()
for (log10M in 1:6) {
  M <- 10^log10M
  alpha <- logit(runif(M))
  df_log_odds_growth <- rbind(
    df_log_odds_growth,
    data.frame(
      alpha = alpha,
      M = rep(sprintf("M = %d", M), M)
    )
  )
}
log_odds_growth_plot <-
  df_log_odds_growth %>%
  ggplot(aes(alpha)) +
  geom_histogram(color = "black", bins = 75) +
  facet_wrap(~M, scales = "free") +
  scale_x_continuous(
    lim = c(-8.5, 8.5), breaks = c(-5, 0, 5)
  ) +
  xlab(expression(paste(Phi, " = ", logit(Theta)))) +
  ylab("proportion of draws") +
  theme(
    axis.text.y = element_blank(),
    axis.ticks.y = element_blank(),
    panel.spacing.x = unit(2, "lines"),
    panel.spacing.y = unit(2, "lines")
)
log_odds_growth_plot
```

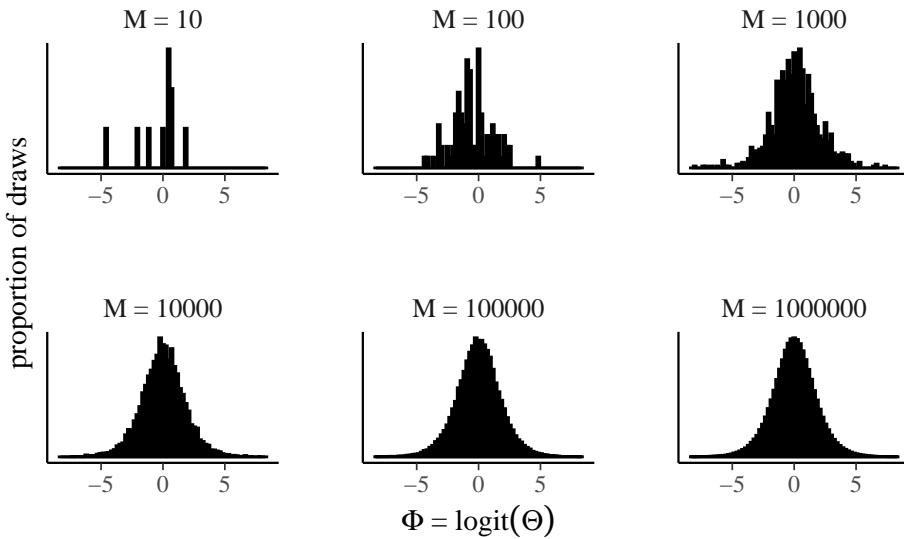


Figura 8.7: Istogramma di M campioni casuali $\Theta \sim \text{Uniform}(0, 1)$ trasformati in valori $\Phi = \text{logit}(\Theta)$. Il profilo limite dell'istogramma è evidenziato nella figura in basso a destra che è stata costruita usando 1 000 000 di osservazioni.

In un istogramma, l’area di ciascuna barra è proporzionale alla frequenza relativa delle osservazioni in quel’intervallo. Perché tutti gli intervalli hanno la stessa ampiezza, anche l’altezza di ciascuna barra sarà proporzionale alla frequenza relativa delle osservazioni in quel’intervallo.

Nella simulazione, possiamo pensare all’area di ciascuna barra dell’istogramma come alla stima della probabilità che la variabile casuale assuma un valore compreso nell’intervallo considerato. All’aumentare del numero M di osservazioni, le probabilità stimate si avvicinano sempre di più ai veri valori della probabilità. All’aumentare del numero degli intervalli (quando l’ampiezza Δ dell’intervallo $\rightarrow 0$), il profilo dell’istogramma tende a diventare una curva continua. Tale curva continua è la funzione di densità di probabilità della variabile casuale. Per l’esempio presente, con $M = 1\,000\,000$, otteniamo il grafico riportato nella figura 8.8.

```
set.seed(1234)
M <- 1e6
alpha <- logit(runif(M))
density_limit_df <- data.frame(alpha = alpha)
density_limit_plot <-
  density_limit_df %>%
  ggplot(aes(alpha)) +
  geom_histogram(
    stat = "density", n = 75, color = "black",
    size = 0.15
  ) +
  stat_function(
    fun = dlogis,
    args = list(location = 0, scale = 1),
    col = "black",
```

```

size = 0.3
) +
scale_x_continuous(
  lim = c(-9, 9),
  breaks = c(-6, -4, -2, 0, 2, 4, 6)
) +
xlab(
  expression(paste(Phi, " = ", logit(Theta)))
) +
ylab("frequenza relativa") +
theme(
  axis.text.y = element_blank(),
  axis.ticks.y = element_blank()
)
density_limit_plot

```

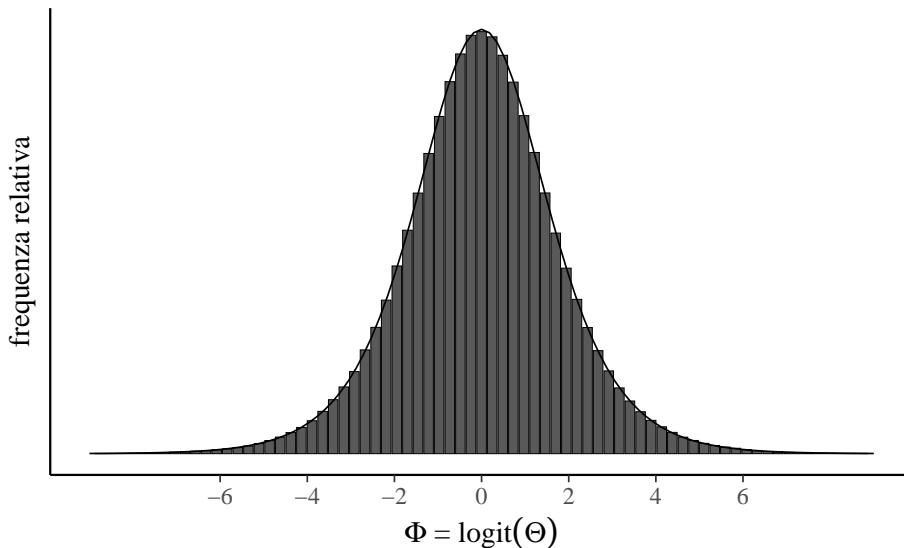


Figura 8.8: Iстограмма di $M = 1\ 000\ 000$ campioni casuali $\Theta \sim \text{Uniform}(0, 1)$ trasformati in valori $\Phi = \text{logit}(\Theta)$. La spezzata nera congiunge i punti centrali superiori delle barre dell'istogramma. Nel limite, quando il numero di osservazioni e di barre tende all'infinito, tale spezzata approssima la funzione di densità di probabilità della variabile casuale.

Nella statistica descrittiva abbiamo già incontrato una rappresentazione che ha lo stesso significato della funzione di densità, ovvero il kernel density plot. La stima della densità del kernel (KDE), infatti, è un modo non parametrico per stimare la funzione di densità di probabilità di una variabile casuale.

Considerazioni conclusive

Sia y una variabile casuale continua con funzione di densità di probabilità $p(y)$. Allora $p(y)$ ha le seguenti proprietà:

- $p(y) \geq 0$, ovvero, l'ordinata della funzione di densità è 0 o positiva;

- $\int_y p(y)dy = 1$, ovvero, l'area sottesa dalla $p(y)$ è unitaria³;
- $P(a < y < b) = \int_a^b p(y)dy$, se $a \leq b$, ovvero, l'area sottesa dalla $p(y)$ tra due punti a e b corrisponde alla probabilità che la v.c. y assuma un valore compreso tra questi due estremi.

Interpretazione. È possibile che $p(y) > 1$, quindi una densità di probabilità non può essere interpretata come una probabilità. Piuttosto, la densità $p(y)$ può essere utilizzata per confrontare la plausibilità relativa di diversi valori Y . Considerata una variabile casuale Y di cui è disponibile un insieme di realizzazioni, tanto maggiore è $p(y_k)$ rispetto a $p(y_l)$, tanto più grande sarà la nostra certezza che valori nell'intorno di y_k verranno osservati con maggiore frequenza di valori nell'intorno di y_l .

³Per quel che riguarda la notazione dell'integrale, ovvero $\int_x dx$, rimando alla discussione di S.P. Thompson: <https://calculusmadeeasy.org/1.html>

Valore atteso e varianza

Spesso risulta utile fornire una rappresentazione sintetica della distribuzione di una variabile casuale attraverso degli indicatori caratteristici piuttosto che fare riferimento ad una sua rappresentazione completa mediante la funzione di ripartizione, o la funzione di massa o di densità di probabilità. Una descrizione più sintetica di una variabile casuale, tramite pochi valori, ci consente di cogliere le caratteristiche essenziali della distribuzione, quali: la posizione, cioè il baricentro della distribuzione di probabilità; la variabilità, cioè la dispersione della distribuzione di probabilità attorno ad un centro; la forma della distribuzione di probabilità, considerando la simmetria e la curtosi (pesantezza delle code). In questo Capitolo intordurremo quegli indici sintetici che descrivono il centro di una distribuzione di probabilità e la sua variabilità.

9.1 Valore atteso

Quando vogliamo conoscere il comportamento tipico di una variabile casuale spesso vogliamo sapere qual è il suo “valore tipico”. La nozione di “valore tipico”, tuttavia, è ambigua. Infatti, essa può essere definita in almeno tre modi diversi:

- la *media* (somma dei valori divisa per il numero dei valori),
- la *mediana* (il valore centrale della distribuzione, quando la variabile è ordinata in senso crescente o decrescente),
- la *moda* (il valore che ricorre più spesso).

Per esempio, la media di $\{3, 1, 4, 1, 5\}$ è $\frac{3+1+4+1+5}{5} = 2.8$, la mediana è 3 e la moda è 1. Tuttavia, la teoria delle probabilità si occupa di variabili casuali piuttosto che di sequenze di numeri. Diventa dunque necessario precisare che cosa intendiamo per “valore tipico” quando facciamo riferimento alle variabili casuali.

Supponiamo di ripetere un esperimento casuale molte volte in modo tale che ciascun valore Y si presenti con una frequenza approssimativamente uguale alla

sua probabilità. Per esempio, possiamo lanciare una coppia di dadi e osservare i valori di S = “somma dei punti” e di P = “prodotto dei punti”. Ci poniamo il problema di definire il “risultato tipico” di questo esperimento in modo tale che esso corrisponda al valore medio dei valori della variabile casuale, quando l'esperimento casuale viene ripetuto tante volte. Giungiamo così alla seguente definizione.

Definizione 9.1. Sia Y è una variabile casuale discreta che assume i valori y_1, \dots, y_n con distribuzione $p(y)$, ossia

$$P(Y = y_i) = p(y_i),$$

per definizione il *valore atteso* di Y , $\mathbb{E}(Y)$, è

$$\mathbb{E}(Y) = \sum_{i=1}^n y_i \cdot p(y_i). \quad (9.1)$$

A parole: il valore atteso (o speranza matematica, o aspettazione, o valor medio) di una variabile casuale è definito come la somma di tutti i valori che la variabile casuale può prendere, ciascuno pesato dalla probabilità con cui il valore è preso.

Esempio 9.1. Calcoliamo il valore atteso della variabile casuale Y corrispondente al lancio di una moneta equilibrata (testa: $Y = 1$; croce: $Y = 0$).

$$\mathbb{E}(Y) = \sum_{i=1}^2 y_i \cdot P(y_i) = 0 \cdot \frac{1}{2} + 1 \cdot \frac{1}{2} = 0.5.$$

Esempio 9.2. Supponiamo ora che Y sia il risultato del lancio di un dado equilibrato. Il valore atteso di Y diventa:

$$\mathbb{E}(Y) = \sum_{i=1}^6 y_i \cdot P(y_i) = 1 \cdot \frac{1}{6} + 2 \cdot \frac{1}{6} + \dots + 6 \cdot \frac{1}{6} = \frac{21}{6} = 3.5.$$

Interpretazione

Che interpretazione può essere assegnata alla nozione di valore atteso? Il valore atteso di una variabile casuale non è altro che una media. Possiamo pensare al valore atteso della variabile casuale Y come alla media di un enorme numero di realizzazioni di Y . Se potessimo esaminare un numero infinito di realizzazioni Y , allora la media di tali infiniti valori sarebbe esattamente uguale al valore atteso.

Allora perché abbiamo bisogno di introdurre un concetto diverso da quello di “media”? La risposta è che la media aritmetica è una somma divisa per n :

$$\bar{Y} = \frac{\sum_{i=1}^n y_i}{n}.$$

Le variabili casuali possono generare un numero infinito di valori possibili. Dato che dividere per infinito non è possibile, è necessario procedere in un altro modo. Possiamo dire che il valore atteso di una variabile casuale è una *media ponderata* in cui il valore assegnato a ciascun evento elementare dello spazio campionario

viene “pesato” per la sua probabilità di verificarsi, nel caso di variabili casuali discrete, o per la sua densità di probabilità, nel caso di variabili casuali continue.

Il termine valore atteso è però un po’ fuorviante. Infatti, esso potrebbe non corrispondere a nessuno dei valori che possono essere generati dalla variabile casuale. Quindi il valore atteso non è “atteso” nel senso che ci aspettiamo di vederlo comparire spesso. Ci aspettiamo invece che sia simile alla media di qualsiasi campione sufficientemente grande di realizzazioni della variabile casuale:

$$\mathbb{E}(Y) = \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n y_i.$$

Proprietà del valore atteso

La proprietà più importante del valore atteso è la linearità: il valore atteso di una somma di variabili casuali è uguale alla somma dei loro rispettivi valori attesi:

$$\mathbb{E}(X + Y) = \mathbb{E}(X) + \mathbb{E}(Y). \quad (9.2)$$

La (9.2) sembra ragionevole quando X e Y sono indipendenti, ma è anche vera quando X e Y sono associati. Abbiamo anche che

$$\mathbb{E}(cY) = c\mathbb{E}(Y). \quad (9.3)$$

La (9.3) ci dice che possiamo estrarre una costante dall’operatore di valore atteso. Tale proprietà si estende a qualunque numero di variabili casuali. Infine, se due variabili casuali X e Y sono indipendenti, abbiamo che

$$\mathbb{E}(XY) = \mathbb{E}(X)\mathbb{E}(Y). \quad (9.4)$$

Exercizio 9.1. Si considerino le seguenti variabili casuali: Y , ovvero il numero che si ottiene dal lancio di un dado equilibrato, e X , il numero di teste prodotto dal lancio di una moneta equilibrata. Poniamoci il problema di trovare il valore atteso di $X + Y$.

Per risolvere il problema iniziamo a costruire lo spazio campionario dell’esperimento casuale consistente nel lancio di un dado e di una moneta.

x/y	1	2	3	4	5	6
0	(0, 1)	(0, 2)	(0, 3)	(0, 4)	(0, 5)	(0, 6)
1	(1, 1)	(1, 2)	(1, 3)	(1, 4)	(1, 5)	(1, 6)

ovvero

x/y	1	2	3	4	5	6
0	1	2	3	4	5	6
1	2	3	4	5	6	7

Il risultato del lancio del dado è indipendente dal risultato del lancio della moneta. Pertanto, ciascun evento elementare dello spazio campionario avrà la stessa probabilità di verificarsi, ovvero $Pr(\omega) = \frac{1}{12}$. Il valore atteso di $X + Y$ è dunque uguale a:

$$\mathbb{E}(X + Y) = 1 \cdot \frac{1}{12} + 2 \cdot \frac{1}{12} + \dots + 7 \cdot \frac{1}{12} = 4.0.$$

Lo stesso risultato si ottiene nel modo seguente:

$$\mathbb{E}(X + Y) = \mathbb{E}(X) + E(Y) = 3.5 + 0.5 = 4.0.$$

Exercizio 9.2. Si considerino le variabili casuali X e Y definite nel caso del lancio di tre monete equilibrate, dove X conta il numero delle teste nei tre lanci e Y conta il numero delle teste al primo lancio. Si calcoli il valore atteso del prodotto delle variabili casuali X e Y .

La distribuzione di probabilità congiunta $P(X, Y)$ è fornita nella tabella seguente.

x/y	0	1	$p(Y)$
0	1/8	0	1/8
1	2/8	1/8	3/8
2	1/8	2/8	3/8
3	0	1/8	1/8
$p(y)$	4/8	4/8	1.0

Il calcolo del valore atteso di XY si riduce a

$$\mathbb{E}(XY) = 1 \cdot \frac{1}{8} + 2 \cdot \frac{2}{8} + 3 \cdot \frac{1}{8} = 1.0.$$

Si noti che le variabili casuali X e Y non sono indipendenti. Dunque non possiamo usare la proprietà ???. Infatti, il valore atteso di X è

$$\mathbb{E}(X) = 1 \cdot \frac{3}{8} + 2 \cdot \frac{3}{8} + 3 \cdot \frac{1}{8} = 1.5$$

e il valore atteso di Y è

$$\mathbb{E}(Y) = 0 \cdot \frac{4}{8} + 1 \cdot \frac{4}{8} = 0.5.$$

Dunque

$$1.5 \cdot 0.5 \neq 1.0.$$

Variabili casuali continue

Nel caso di una variabile casuale continua Y il valore atteso diventa:

$$\mathbb{E}(Y) = \int_{-\infty}^{+\infty} yp(y)dy \quad (9.5)$$

Anche in questo caso il valore atteso è una media ponderata della y , nella quale ciascun possibile valore y è ponderato per il corrispondente valore della densità $p(y)$. Possiamo leggere l'integrale pensando che y rappresenti l'ampiezza delle barre infinitamente strette di un istogramma, con la densità $p(y)$ che corrisponde all'altezza di tali barre e la notazione $\int_{-\infty}^{\infty}$ che corrisponde ad una somma.

Un'altra misura di tendenza centrale delle variabili casuali continue è la moda. La moda della Y individua il valore y più plausibile, ovvero il valore y che massimizza la funzione di densità $p(y)$:

$$\text{Mo}(Y) = \arg \max_y p(y). \quad (9.6)$$

9.2 Varianza

La seconda più importante proprietà di una variabile casuale, dopo che conosciamo il suo valore atteso, è la *varianza*.

Definizione 9.2. Se Y è una variabile casuale discreta con distribuzione $p(y)$, per definizione la varianza di Y , $\text{Var}(Y)$, è

$$\text{Var}(Y) = \mathbb{E}\left[\left(Y - \mathbb{E}(Y)\right)^2\right]. \quad (9.7)$$

A parole: la varianza è la deviazione media quadratica della variabile dalla sua media.¹ Se denotiamo $\mathbb{E}(Y) = \mu$, la varianza $\text{Var}(Y)$ diventa il valore atteso di $(Y - \mu)^2$.

Esempio 9.3. Posta S uguale alla somma dei punti ottenuti nel lancio di due dadi equilibrati, poniamoci il problema di calcolare la varianza di S .

La variabile casuale S ha la seguente distribuzione di probabilità:

s	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
$P(S = s)$	$\frac{1}{36}$	$\frac{2}{36}$	$\frac{3}{36}$	$\frac{4}{36}$	$\frac{5}{36}$	$\frac{6}{36}$	$\frac{5}{36}$	$\frac{4}{36}$	$\frac{3}{36}$	$\frac{2}{36}$	$\frac{1}{36}$

Essendo $\mathbb{E}(S) = 7$, la varianza diventa

$$\begin{aligned} \text{Var}(S) &= \sum (S - \mathbb{E}(S))^2 \cdot P(S) \\ &= (2 - 7)^2 \cdot 0.0278 + (3 - 7)^2 \cdot 0.0556 + \dots + (12 - 7)^2 \cdot 0.0278 \\ &= 5.8333. \end{aligned}$$

¹Data una variabile casuale Y con valore atteso $\mathbb{E}(Y)$, le “distanze” tra i valori di Y e il valore atteso $\mathbb{E}(Y)$ definiscono la variabile casuale $Y - \mathbb{E}(Y)$ chiamata *scarto*, oppure *deviazione* oppure *variabile casuale centrata*. La variabile $Y - \mathbb{E}(Y)$ equivale ad una traslazione di sistema di riferimento che porta il valore atteso nell'origine degli assi. Si può dimostrare facilmente che il valore atteso della variabile scarto $Y - \mathbb{E}(Y)$ vale zero, dunque la media di tale variabile non può essere usata per quantificare la “dispersione” dei valori di Y relativamente al suo valore medio. Occorre rendere sempre positivi i valori di $Y - \mathbb{E}(Y)$ e tale risultato viene ottenuto considerando la variabile casuale $(Y - \mathbb{E}(Y))^2$.

Formula alternativa per la varianza

C'è un modo più semplice per calcolare la varianza:

$$\begin{aligned}\mathbb{E}[(X - \mathbb{E}(Y))^2] &= \mathbb{E}(X^2 - 2X\mathbb{E}(Y) + \mathbb{E}(Y)^2) \\ &= \mathbb{E}(Y^2) - 2\mathbb{E}(Y)\mathbb{E}(Y) + \mathbb{E}(Y)^2,\end{aligned}$$

dato che $\mathbb{E}(Y)$ è una costante; pertanto

$$\text{Var}(Y) = \mathbb{E}(Y^2) - (\mathbb{E}(Y))^2. \quad (9.8)$$

A parole: la varianza è la media dei quadrati meno il quadrato della media.

Esempio 9.4. Consideriamo la variabile casuale Y che corrisponde al numero di teste che si osservano nel lancio di una moneta truccata con probabilità di testa uguale a 0.8. Il valore atteso di Y è

$$\mathbb{E}(Y) = 0 \cdot 0.2 + 1 \cdot 0.8 = 0.8.$$

Usando la formula tradizionale della varianza otteniamo:

$$\text{Var}(Y) = (0 - 0.8)^2 \cdot 0.2 + (1 - 0.8)^2 \cdot 0.8 = 0.16.$$

Lo stesso risultato si trova con la formula alternativa della varianza. Il valore atteso di Y^2 è

$$\mathbb{E}(Y^2) = 0^2 \cdot 0.2 + 1^2 \cdot 0.8 = 0.8.$$

e la varianza diventa

$$\text{Var}(Y) = \mathbb{E}(Y^2) - (\mathbb{E}(Y))^2 = 0.8 - 0.8^2 = 0.16.$$

Variabili casuali continue

Nel caso di una variabile casuale continua Y , la varianza diventa:

$$\text{Var}(Y) = \int_{-\infty}^{+\infty} [y - \mathbb{E}(Y)]^2 p(y) dy \quad (9.9)$$

Come nel caso discreto, la varianza di una v.c. continua y misura approssimativamente la distanza al quadrato tipica o prevista dei possibili valori y dalla loro media.

9.3 Deviazione standard

Quando lavoriamo con le varianze, i termini sono innalzati al quadrato e quindi i numeri possono diventare molto grandi (o molto piccoli). Per trasformare nuovamente i valori nell'unità di misura della scala originaria si prende la radice quadrata. Il valore risultante viene chiamato *deviazione standard* e solitamente è denotato dalla lettera greca σ .

Definizione 9.3. Si definisce scarto quadratico medio (o deviazione standard o scarto tipo) la radice quadrata della varianza:

$$\sigma_Y = \sqrt{\text{Var}(Y)}. \quad (9.10)$$

Interpretiamo la deviazione standard di una variabile casuale come nella statistica descrittiva: misura approssimativamente la distanza tipica o prevista dei possibili valori y dalla loro media.

Esempio 9.5. Per i dadi equilibrati dell'esercizio 9.3, la deviazione standard della variabile casuale S è uguale a $\sqrt{5.8333} = 2.4152$.

9.4 Standardizzazione

Definizione 9.4. Data una variabile casuale Y , si dice variabile standardizzata di Y l'espressione

$$Z = \frac{Y - \mathbb{E}(Y)}{\sigma_Y}. \quad (9.11)$$

Solitamente, una variabile standardizzata viene denotata con la lettera Z .

9.5 Funzione di ripartizione

Il concetto di funzione di ripartizione è molto importante nella teoria della probabilità, sia nel caso discreto, sia in quello continuo. L'insieme $\{\omega : Y \leq y\}$ è un evento in Ω e si può scrivere $(Y \leq y)$. A tale evento è possibile assegnare una probabilità $P(Y \leq y)$ che, al variare di $y \in \mathbb{R}$, definisce la funzione di ripartizione della variabile casuale Y .

Definizione 9.5. Si chiama funzione di ripartizione o funzione di distribuzione della variabile casuale Y la funzione $F(Y)$ definita da

$$F(Y) \triangleq P(Y \leq y), \quad y \in \mathbb{R}. \quad (9.12)$$

Detto a parole: la funzione di distribuzione cumulata, o funzione di ripartizione di Y , misura la probabilità che Y assuma valori minori o uguali al valore y .

La funzione di ripartizione è sempre non negativa, monotona non decrescente tra 0 e 1, tale che:

$$\lim_{y \rightarrow -\infty} F_Y(Y) = F_X(-\infty) = 0, \quad \lim_{y \rightarrow +\infty} F_X(Y) = F_X(+\infty) = 1.$$

Esempio 9.6. Consideriamo l'esperimento casuale corrispondente al lancio di due monete. Sia Y il numero di volte in cui esce testa. La distribuzione di probabilità di Y è:

$$P(Y) = \begin{cases} 0, & 0.25, \\ 1, & 0.50, \\ 2, & 0.25. \end{cases}$$

La funzione di ripartizione di Y è:

$$F(Y) = \begin{cases} 0, & \text{se } x < 0, \\ 1/4, & \text{se } 0 \leq x < 1, \\ 3/4, & \text{se } 1 \leq x < 2, \\ 1, & \text{se } 2 \leq x. \end{cases}$$

Il valore della funzione di ripartizione in corrispondenza di $x = 1.5$, ad esempio, è:

$$F(1.5) = P(Y \leq 1.5) = P(Y = 0) + P(Y = 1) = \frac{1}{4} + \frac{2}{4} = \frac{3}{4}.$$

Distribuzioni di v.c. discrete

In questo Capitolo verranno esaminate le principali distribuzioni di probabilità delle variabili casuali discrete. Un esperimento casuale che può dare luogo a solo due possibili esiti (successo, insuccesso) è modellabile con una variabile casuale di Bernoulli. Una sequenza di prove di Bernoulli costituisce un processo Bernoulliano. Il numero di successi dopo n prove di Bernoulli corrisponde ad una variabile casuale che segue la legge binomiale. La distribuzione binomiale risulta da un insieme di prove di Bernoulli solo se il numero totale n è fisso per disegno. Se il numero di prove è esso stesso una variabile casuale, allora il numero di successi nella corrispondente sequenza di prove bernoulliane segue al distribuzione di Poisson.

10.1 Una prova Bernoulliana

Se un esperimento casuale ha solo due esiti possibili, allora le repliche indipendenti di questo esperimento sono chiamate “prove Bernoulliane” (il lancio di una moneta è il tipico esempio).

Definizione 10.1. Viene detta variabile di Bernoulli una variabile casuale discreta $Y = \{0, 1\}$ con la seguente distribuzione di probabilità:

$$P(Y | \theta) = \begin{cases} \theta & \text{se } Y = 1, \\ 1 - \theta & \text{se } Y = 0, \end{cases}$$

con $0 \leq \theta \leq 1$. Convenzionalmente l’evento $\{Y = 1\}$ con probabilità θ viene chiamato “successo” mentre l’evento $\{Y = 0\}$ con probabilità $1 - \theta$ viene chiamato “insuccesso”.

Applicando l’operatore di valore atteso e di varianza, otteniamo

$$\mathbb{E}(Y) = 0 \cdot Pr(Y = 0) + 1 \cdot Pr(Y = 1) = \theta, \quad (10.1)$$

$$\text{Var}(Y) = (0 - \theta)^2 \cdot Pr(Y = 0) + (1 - \theta)^2 \cdot rPr(Y = 1) = \theta(1 - \theta). \quad (10.2)$$

Scriviamo $Y \sim \mathcal{B}(\theta)$ per indicare che la variabile casuale Y ha una distribuzione Bernoulliana di parametro θ .

Esempio 10.1. Nel caso del lancio di una moneta equilibrata la variabile casuale di Bernoulli assume i valori 0 e 1. La distribuzione di massa di probabilità è pari a $\frac{1}{2}$ in corrispondenza di entrambi iv valori. La funzione di distribuzione vale $\frac{1}{2}$ per $Y = 0$ e 1 per $Y = 1$.

10.2 Una sequenza di prove Bernoulliane

La distribuzione binomiale è rappresentata dall'elenco di tutti i possibili numeri di successi $Y = \{0, 1, 2, \dots, n\}$ che possono essere osservati in n prove Bernoulliane indipendenti di probabilità θ , a ciascuno dei quali è associata la relativa probabilità. Esempi di una distribuzione binomiale sono i risultati di una serie di lanci di una stessa moneta o di una serie di estrazioni da un'urna (con reintroduzione). La distribuzione binomiale di parametri n e θ è in realtà una famiglia di distribuzioni: al variare dei parametri θ e n variano le probabilità.

Definizione 10.2. La probabilità di ottenere y successi e $n - y$ insuccessi in n prove Bernoulliane è data dalla distribuzione binomiale:

$$\begin{aligned} P(Y = y) &= \binom{n}{y} \theta^y (1 - \theta)^{n-y} \\ &= \frac{n!}{y!(n-y)!} \theta^y (1 - \theta)^{n-y}, \end{aligned} \tag{10.3}$$

dove n = numero di prove Bernoulliane, θ = probabilità di successo in ciascuna prova e y = numero di successi.

La (10.3) può essere derivata nel modo seguente. Indichiamo con S il successo e con I l'insuccesso di ciascuna prova. Una sequenza di n prove Bernoulliane darà come esito una sequenza di n elementi S e I . Ad esempio, una sequenza che contiene y successi è la seguente:

$$\overbrace{SS \dots S}^{y \text{ volte}} \overbrace{II \dots I}^{n-y \text{ volte}}$$

Essendo θ la probabilità di S e $1 - \theta$ la probabilità di I , la probabilità di ottenere la specifica sequenza riportata sopra è

$$\overbrace{\theta \theta \dots \theta}^{y \text{ volte}} \overbrace{(1-\theta)(1-\theta) \dots (1-\theta)}^{n-y \text{ volte}} = \theta^y \cdot (1 - \theta)^{n-y}. \tag{10.4}$$

Non siamo però interessati alla probabilità di una *specifica* sequenza di S e I ma, bensì, alla probabilità di osservare una *qualsiasi* sequenza di y successi in n prove. In altre parole, vogliamo la probabilità dell'unione di tutti gli eventi corrispondenti a y successi in n prove.

È immediato notare che una qualsiasi altra sequenza contenente esattamente y successi avrà sempre come probabilità $\theta^y \cdot (1 - \theta)^{n-y}$: il prodotto infatti resta

costante anche se cambia l'ordine dei fattori.¹ Per trovare il risultato cercato dobbiamo moltiplicare la (10.4) per il numero di sequenze possibili di y successi in n prove.

Il numero di sequenze che contengono esattamente y successi in n prove. La risposta è fornita dal coefficiente binomiale²:

$$\binom{n}{y} = \frac{n!}{y!(n-y)!}, \quad (10.5)$$

dove il simbolo $n!$ si legge n fattoriale ed è uguale al prodotto di n numeri interi decrescenti a partire da n . Per definizione $0! = 1$.

Essendo la probabilità dell'unione di K elementi incompatibili uguale alla somma delle loro rispettive probabilità, e dato che le sequenze di y successi in n prove hanno tutte la stessa probabilità, per trovare la formula della distribuzione binomiale (10.3) è sufficiente moltiplicare la (10.4) per la (10.5).

Esempio 10.2. Usando la (10.3), troviamo la probabilità di $y = 2$ successi in $n = 4$ prove Bernoulliane indipendenti con $\theta = 0.2$:

$$\begin{aligned} P(Y = 2) &= \frac{4!}{2!(4-2)!} 0.2^2 (1-0.2)^{4-2} \\ &= \frac{4 \cdot 3 \cdot 2 \cdot 1}{(2 \cdot 1)(2 \cdot 1)} 0.2^2 0.8^2 = 0.1536. \end{aligned}$$

Ripetendo i calcoli per i valori $y = 0, \dots, 4$ troviamo la distribuzione binomiale di parametri $n = 4$ e $\theta = 0.2$:

y	P(Y = y)
0	0.4096
1	0.4096
2	0.1536
3	0.0256
4	0.0016
sum	1.0

Lo stesso risultato si ottiene usando la seguente istruzione R:

```
dbinom(0:4, 4, 0.2)
#> [1] 0.4096 0.4096 0.1536 0.0256 0.0016
```

Esempio 10.3. Lanciando 5 volte una moneta onesta, qual è la probabilità che esca testa almeno tre volte?

In R, la soluzione si trova con

¹Viene detta *scambiabilità* la proprietà per cui l'ordine con cui compiamo le osservazioni è irrilevante per l'assegnazione delle probabilità.

²La derivazione della formula del coefficiente binomiale è fornita nell'Appendice E.

```
dbinom(3, 5, 0.5) + dbinom(4, 5, 0.5) + dbinom(5, 5, 0.5)
#> [1] 0.5
```

Alternativamente, possiamo trovare la probabilità dell'evento complementare a quello definito dalla funzione di ripartizione calcolata mediante `pbinom()`, ovvero

```
1 - pbinom(2, 5, 0.5)
#> [1] 0.5
```

Esempio 10.4. La distribuzione di probabilità di alcune distribuzioni binomiali, per due valori di n e θ , è fornita nella figura 10.1.

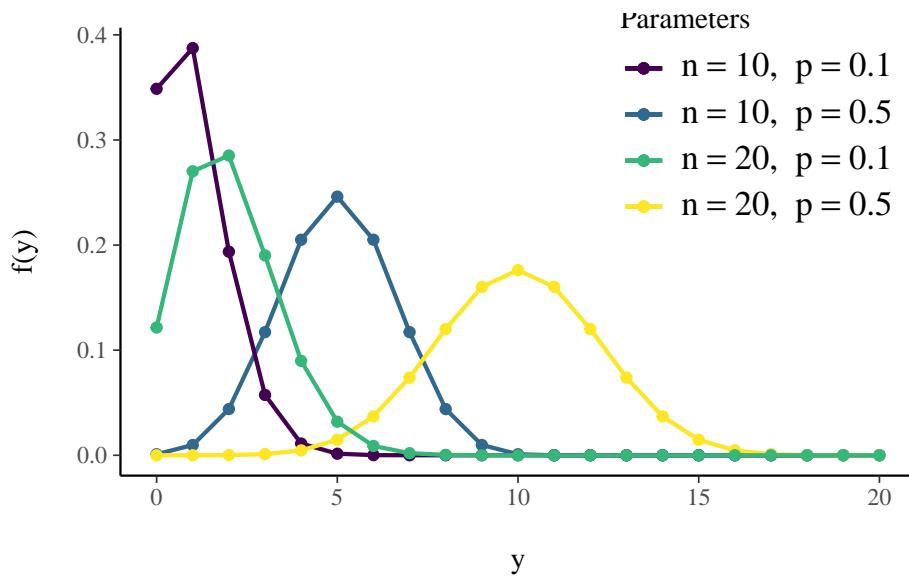


Figura 10.1: Alcune distribuzioni binomiali. Nella figura, il parametro θ è indicato con p .

Valore atteso e deviazione standard

La media (numero atteso di successi in n prove) e la deviazione standard di una distribuzione binomiale sono molto semplici:

$$\begin{aligned}\mu &= n\theta, \\ \sigma &= \sqrt{n\theta(1-\theta)}.\end{aligned}\tag{10.6}$$

Dimostrazione. Essendo Y la somma di n prove Bernoulliane indipendenti Y_i , è facile vedere che

$$\mathbb{E}(Y) = \mathbb{E} \left(\sum_{i=1}^n Y_i \right) = \sum_{i=1}^n \mathbb{E}(Y_i) = n\theta,\tag{10.7}$$

$$\text{Var}(Y) = \text{Var} \left(\sum_{i=1}^n Y_i \right) = \sum_{i=1}^n \text{Var}(Y_i) = n\theta(1-\theta).\tag{10.8}$$

□

Esempio 10.5. Si trovino il valore atteso e la varianza del lancio di quattro monete con probabilità di successo pari a $\theta = 0.2$.

Il valore atteso è $\mu = n\theta = 4 \cdot 0.2 = 0.8$. Ciò significa che, se l'esperimento casuale venisse ripetuto infinite volte, l'esito testa verrebbe osservato un numero medio di volte pari a 0.8. La varianza è $n\theta(1 - \theta) = 4 \cdot (1 - 0.2) = 0.8$.³

10.3 Distribuzione di Poisson

La distribuzione di Poisson è una distribuzione di probabilità discreta che esprime le probabilità per il numero di eventi che si verificano successivamente ed indipendentemente in un dato intervallo di tempo, sapendo che mediamente se ne verifica un numero λ . La distribuzione di Poisson serve dunque per contare il numero di volte in cui un evento ha luogo in un determinato intervallo di tempo. La stessa distribuzione può essere estesa anche per contare gli eventi che hanno luogo in una determinata porzione di spazio.

Definizione 10.3. La distribuzione di Poisson può essere intesa come limite della distribuzione binomiale, dove la probabilità di successo θ è pari a $\frac{\lambda}{n}$ con n che tende a ∞ :

$$\lim_{y \rightarrow \infty} \binom{n}{y} \theta^y (1 - \theta)^{n-y} = \frac{\lambda^y}{y!} e^{-\lambda}. \quad (10.9)$$

Esempio 10.6. Supponiamo che un evento accada 300 volte all'ora e si vuole determinare la probabilità che in un minuto accadano esattamente 3 eventi.

Il numero medio di eventi in un minuto è pari a

```
lambda <- 300 / 60
lambda
#> [1] 5
```

Quindi la probabilità che in un minuto si abbiano 3 eventi è pari a

```
y <- 3
(lambda^y / factorial(y)) * exp(-lambda)
#> [1] 0.1403739
```

Esempio 10.7. Per i dati dell'esempio precedente, si trovi la probabilità che un evento accada almeno 8 volte in un minuto.

La probabilità cercata è

$$p(y \geq 8) = 1 - p(y \leq 7) = 1 - \sum_{i=0}^7 \frac{\lambda^i}{i!} e^{-\lambda},$$

con $\lambda = 5$.

Svolgendo i calcoli in Rotteniamo:

³L'eguaglianza di μ e σ è solo una peculiarità di questo esempio.

```
1 - ppois(q = 7, lambda = 5)
#> [1] 0.1333717
ppois(q = 7, lambda = 5, lower.tail = FALSE)
#> [1] 0.1333717
```

Esempio 10.8. Sapendo che un evento avviene in media 6 volte al minuto, si calcoli (a) la probabilità di osservare un numero di eventi uguale o inferiore a 3 in un minuto, e (b) la probabilità di osservare esattamente 2 eventi in 30 secondi.

(a) In questo caso $\lambda = 6$ e la probabilità richiesta è

```
ppois(q = 3, lambda = 6, lower.tail = TRUE)
#> [1] 0.1512039
```

(b) In questo caso $\lambda = 6/2 = 3$ e la probabilità richiesta è

```
dpois(x = 2, lambda = 3)
#> [1] 0.2240418
```

Esempio 10.9. Alcune distribuzioni di Poisson sono riportate nella figura 10.2.

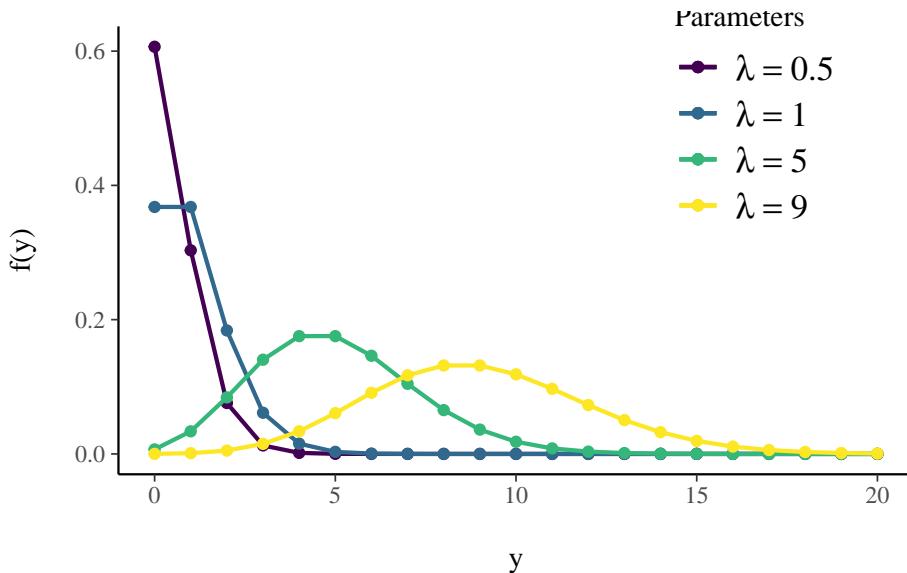


Figura 10.2: Alcune distribuzioni di Poisson.

10.4 Alcune proprietà della variabile di Poisson

- Il valore atteso, la moda e la varianza della variabile di Poisson sono uguali a λ .
- La somma $Y_1 + \dots + Y_n$ di n variabili casuali indipendenti con distribuzioni di Poisson di parametri $\lambda_1, \dots, \lambda_n$ segue una distribuzione di Poisson di parametro $\lambda = \lambda_1 + \dots + \lambda_n$.

- La differenza di due variabili di Poisson non è una variabile di Poisson. Basti infatti pensare che può assumere valori negativi.

Considerazioni conclusive

La distribuzione binomiale è una distribuzione di probabilità discreta che descrive il numero di successi in un processo di Bernoulli, ovvero la variabile aleatoria $Y = Y_1 + \dots + Y_n$ che somma n variabili casuali indipendenti di uguale distribuzione di Bernoulli $\mathcal{B}(\theta)$, ognuna delle quali può fornire due soli risultati: il successo con probabilità θ e il fallimento con probabilità $1 - \theta$.

La distribuzione binomiale è molto importante per le sue molte applicazioni. Nelle presenti dispense, dedicate all'analisi bayesiana, è soprattutto importante perché costituisce il fondamento del caso più semplice del cosiddetto “aggiornamento bayesiano”, ovvero il caso Beta-Binomiale. Il modello Beta-Binomiale ci fornirà infatti un esempio paradigmatico dell'approccio bayesiano all'inferenza e sarà trattato in maniera analitica. È dunque importante che le proprietà della distribuzione binomiale risultino ben chiare.

Distribuzioni di v.c. continue

Dopo avere introdotto con una simulazione il concetto di funzione di densità nel Capitolo 8, prendiamo ora in esame alcune delle densità di probabilità più note. La più importante di esse è sicuramente la distribuzione Normale.

11.1 Distribuzione Normale

Non c'è un'unica distribuzione Normale, ma ce ne sono molte. Tali distribuzioni sono anche dette “gaussiane” in onore di Carl Friedrich Gauss (uno dei più grandi matematici della storia il quale, tra le altre cose, scoprì l'utilità di tale funzione di densità per descrivere gli errori di misurazione). Adolphe Quetelet, il padre delle scienze sociali quantitative, fu il primo ad applicare tale densità alle misurazioni dell'uomo. Karl Pearson usò per primo il termine “distribuzione Normale” anche se ammise che questa espressione “ha lo svantaggio di indurre le persone a credere che le altre distribuzioni, in un senso o nell'altro, non siano normali.”

Limite delle distribuzioni binomiali

Iniziamo con un breve excursus storico. Nel 1733, Abraham de Moivre notò che, aumentando il numero di prove in una distribuzione binomiale, la distribuzione risultante diventava quasi simmetrica e a forma campanulare. Con 10 prove e una probabilità di successo di 0.9 in ciascuna prova, la distribuzione è chiaramente asimmetrica.

```
N <- 10
x <- 0:10
y <- dbinom(x, N, 0.9)
binomial_limit_plot <-
  tibble(x = x, y = y) %>%
  ggplot(aes(x = x, y = y)) +
  geom_bar(
```

```

stat = "identity", color = "black", size = 0.2
) +
xlab("y") +
scale_x_continuous(breaks = c(0, 2, 4, 6, 8, 10)) +
ylab("Binomial(y | 10, 0.9)")
binomial_limit_plot

```

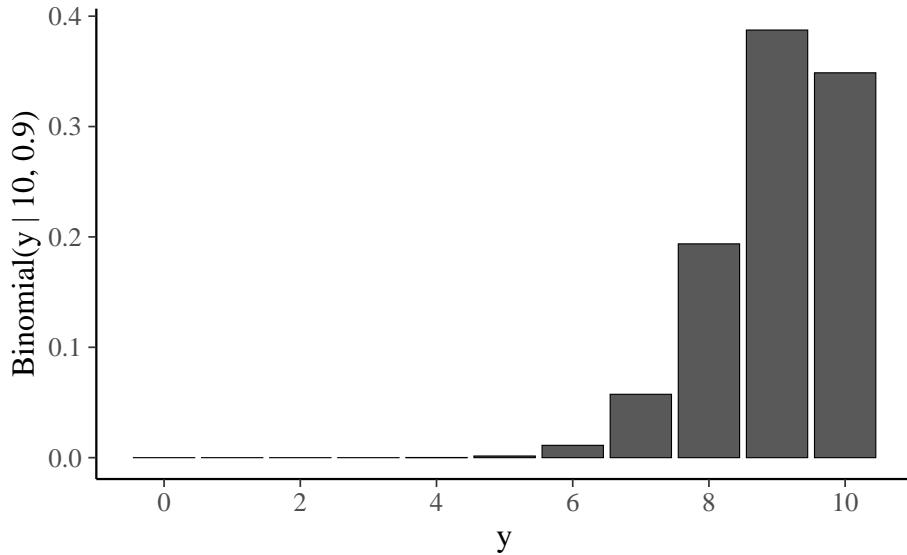


Figura 11.1: Probabilità del numero di successi in $N = 10$ prove bernoulliane indipendenti, ciascuna con una probabilità di successo di 0.90. Il risultato è una distribuzione $\text{Bin}(y | 10, 0.9)$. Con solo dieci prove, la distribuzione è fortemente asimmetrica negativa.

Ma se aumentiamo il numero di prove di un fattore di 100 a $N = 1000$, senza modificare la probabilità di successo di 0.9, la distribuzione assume una forma campanulare quasi simmetrica. Dunque, de Moivre scoprì che, quando N è grande, la funzione Normale (che introdurremo qui sotto), nonostante sia la densità di v.a. continue, fornisce una buona approssimazione alla funzione di massa di probabilità binomiale.

```

N <- 1000
x <- 0:1000
y <- dbinom(x, N, 0.9)
binomial_limit_plot <-
  tibble(x = x, y = y) %>%
  ggplot(aes(x = x, y = y)) +
  geom_bar(stat = "identity", color = "black", size = 0.2) +
  xlab("y") +
  # scale_x_continuous(breaks = c(0, 2, 4, 6, 8, 1000)) +
  ylab("Binomial(y | 1000, 0.9)") +
  xlim(850, 950)
binomial_limit_plot

```

La distribuzione Normale fu scoperta da Gauss nel 1809 e, storicamente, è intimamente legata al metodo dei minimi quadrati – si veda l'Appendice G. Il

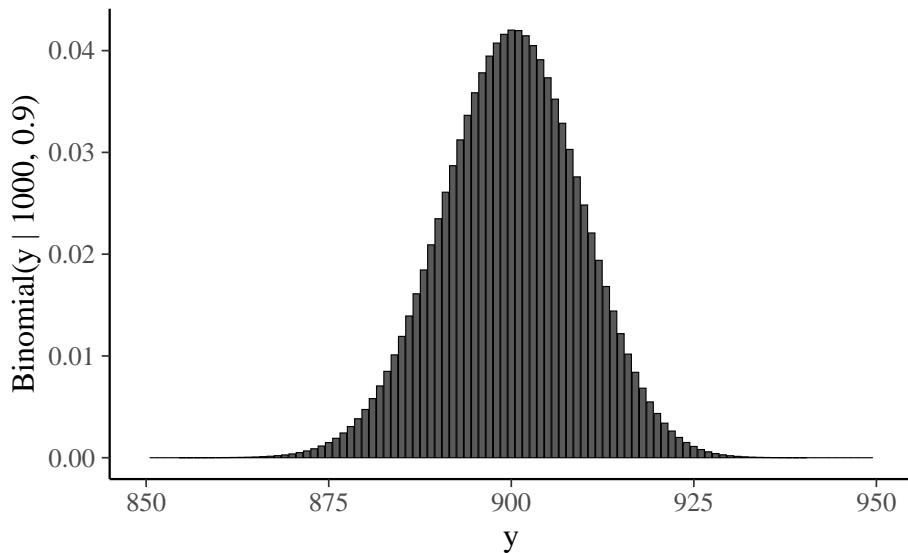


Figura 11.2: Probabilità del numero di successi in $N = 1000$ prove bernoulliane indipendenti, ciascuna con una probabilità di successo di 0.90. Il risultato è una distribuzione $\text{Bin}(y | 1000, 0.9)$. Con mille prove, la distribuzione è quasi simmetrica a forma campanulare.

Paragrafo successivo illustra come si possa giungere alla Normale mediante una simulazione.

11.2 La Normale prodotta con una simulazione

McElreath (2020) presenta un esempio che illustra come sia possibile giungere alla distribuzione Normale mediante una simulazione. Supponiamo che vi siano mille persone tutte allineate su una linea di partenza. Quando viene dato un segnale, ciascuna persona lancia una moneta e fa un passo in avanti oppure all'indietro a seconda che sia uscita testa o croce. Supponiamo che la lunghezza di ciascun passo vari da 0 a 1 metro. Ciascuna persona lancia una moneta 16 volte e dunque compie 16 passi.

Alla conclusione di queste passeggiate casuali (*random walk*) non possiamo sapere con esattezza dove si troverà ciascuna persona, ma possiamo conoscere con certezza le caratteristiche della distribuzione delle mille distanze dall'origine. Per esempio, possiamo predire in maniera accurata la proporzione di persone che si sono spostate in avanti oppure all'indietro. Oppure, possiamo predire accuratamente la proporzione di persone che si troveranno ad una certa distanza dalla linea di partenza (es., a 1.5 m dall'origine).

Queste predizioni sono possibili perché tali distanze si distribuiscono secondo la legge Normale. È facile simulare questo processo usando R. I risultati della simulazione sono riportati nella figura 11.3.

```
set.seed(4)
pos <-
  replicate(100, runif(16, -1, 1)) %>%
  as_tibble() %>%
```

```

rbind(0, .) %>%
mutate(step = 0:16) %>%
gather(key, value, -step) %>%
mutate(person = rep(1:100, each = 17)) %>%
group_by(person) %>%
mutate(position = cumsum(value)) %>%
ungroup()

ggplot(
  data = pos,
  aes(x = step, y = position, group = person)
) +
  geom_vline(xintercept = c(4, 8, 16), linetype = 2) +
  geom_line(aes(color = person < 2, alpha = person < 2)) +
  scale_color_manual(values = c("gray", "black")) +
  scale_alpha_manual(values = c(1 / 5, 1)) +
  scale_x_continuous(
    "Numero di passi",
    breaks = c(0, 4, 8, 12, 16)
) +
  labs(y = "Posizione") +
  theme(legend.position = "none")

```

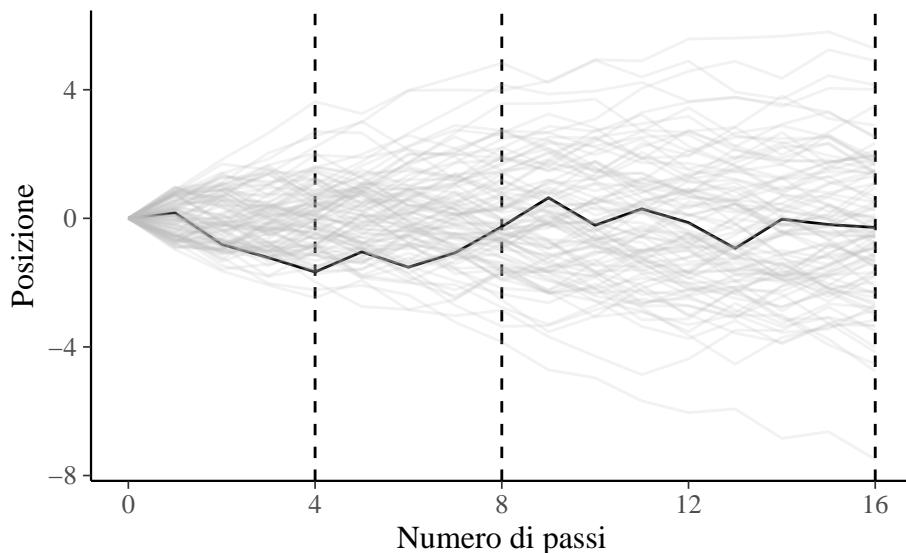


Figura 11.3: Passeggiata casuale di 4, 8 e 16 passi. La spezzata nera indica la media delle distanze dall'origine come funzione del numero di passi.

Un kernel density plot delle distanze ottenute dopo 4, 8 e 16 passi è riportato nella figura 11.4. Nel pannello di destra, al kernel density plot è stata sovrapposta una densità Normale di opportuni parametri (linea tratteggiata).

```

p1 <-
pos %>%

```

```

filter(step == 4) %>%
  ggplot(aes(x = position)) +
  geom_line(stat = "density", color = "black") +
  labs(title = "4 passi")

p2 <-
  pos %>%
  filter(step == 8) %>%
  ggplot(aes(x = position)) +
  geom_density(color = "black", outline.type = "full") +
  labs(title = "8 passi")

sd <-
  pos %>%
  filter(step == 16) %>%
  summarise(sd = sd(position)) %>%
  pull(sd)

p3 <-
  pos %>%
  filter(step == 16) %>%
  ggplot(aes(x = position)) +
  stat_function(
    fun = dnorm,
    args = list(mean = 0, sd = sd),
    linetype = 2
  ) +
  geom_density(color = "black", alpha = 1 / 2) +
  labs(
    title = "16 passi",
    y = "Densità"
  )

(p1 | p2 | p3) & coord_cartesian(xlim = c(-6, 6))

```

Questa simulazione mostra che qualunque processo nel quale viene sommato un certo numero di valori casuali, tutti provenienti dalla medesima distribuzione, converge ad una distribuzione Normale. Non importa quale sia la forma della distribuzione di partenza: essa può essere uniforme, come nell'esempio presente, o di qualunque altro tipo. La forma della distribuzione da cui viene realizzato il campionamento determina la velocità della convergenza alla Normale. In alcuni casi la convergenza è lenta; in altri casi la convergenza è molto rapida (come nell'esempio presente).

Da un punto di vista formale, diciamo che una variabile casuale continua Y ha una distribuzione Normale se la sua densità è

$$f(y; \mu, \sigma) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} \exp\left\{-\frac{(y - \mu)^2}{2\sigma^2}\right\}, \quad (11.1)$$

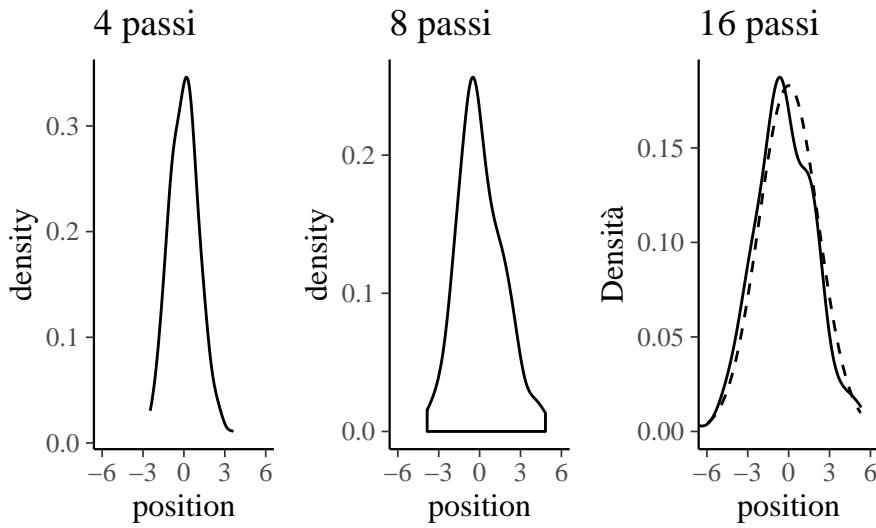


Figura 11.4: Kernel density plot dei risultati della passeggiata casuale riportata nella figura precedente, dopo 4, 8 e 16 passi. Nel pannello di destra, una densità Normale di opportuni parametri è sovrapposta all'istogramma lisciato.

dove $\mu \in \mathbb{R}$ e $\sigma > 0$ sono i parametri della distribuzione.

La densità normale è unimodale e simmetrica con una caratteristica forma a campana e con il punto di massima densità in corrispondenza di μ .

Il significato dei parametri μ e σ che appaiono nella (11.1) viene chiarito dalla dimostrazione che

$$\mathbb{E}(X) = \mu, \quad \text{Var}(X) = \sigma^2. \quad (11.2)$$

Esempio 11.1. La rappresentazione grafica di quattro densità Normali tutte con media 0 e con deviazioni standard 0.25, 0.5, 1 e 2 è fornita nella figura 11.5.

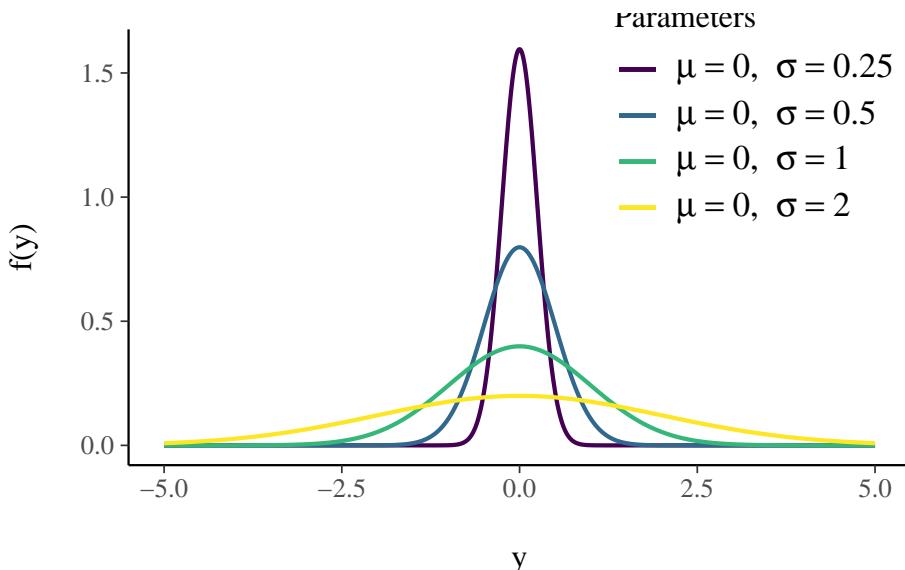


Figura 11.5: Alcune distribuzioni Normali.

Concentrazione

È istruttivo osservare il grado di concentrazione della distribuzione Normale attorno alla media:

$$\begin{aligned} P(\mu - \sigma < X < \mu + \sigma) &= P(-1 < Z < 1) \simeq 0.683, \\ P(\mu - 2\sigma < X < \mu + 2\sigma) &= P(-2 < Z < 2) \simeq 0.956, \\ P(\mu - 3\sigma < X < \mu + 3\sigma) &= P(-3 < Z < 3) \simeq 0.997. \end{aligned}$$

Si noti come un dato la cui distanza dalla media è superiore a 3 volte la deviazione standard presenti un carattere di eccezionalità perché meno del 0.3% dei dati della distribuzione Normale presentano questa caratteristica.

Per indicare la distribuzione Normale si usa la notazione $\mathcal{N}(\mu, \sigma)$.

Funzione di ripartizione

Il valore della funzione di ripartizione di Y nel punto y è l'area sottesa alla curva di densità $f(y)$ nella semiretta $(-\infty, y]$. Non esiste alcuna funzione elementare per la funzione di ripartizione

$$F(y) = \int_{-\infty}^y \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} \exp\left\{-\frac{(y-\mu)^2}{2\sigma^2}\right\} dy, \quad (11.3)$$

pertanto le probabilità $P(Y < y)$ vengono calcolate mediante integrazione numerica approssimata. I valori della funzione di ripartizione di una variabile casuale Normale sono dunque forniti da un software.

Esempio 11.2. Usiamo R per calcolare la funzione di ripartizione della Normale. La funzione `pnorm(q, mean, sd)` restituisce la funzione di ripartizione della Normale con media `mean` e deviazione standard `sd`, ovvero l'area sottesa alla funzione di densità di una Normale con media `mean` e deviazione standard `sd` nell'intervallo $[-\infty, q]$.

Per esempio, in precedenza abbiamo detto che il 68% circa dell'area sottesa ad una Normale è compresa nell'intervallo $\mu \pm \sigma$. Verifichiamo per la distribuzione del QI $\sim \mathcal{N}(\mu = 100, \sigma = 15)$:

```
pnorm(100 + 15, 100, 15) - pnorm(100 - 15, 100, 15)
#> [1] 0.6826895
```

Il 95% dell'area è compresa nell'intervallo $\mu \pm 1.96 \cdot \sigma$:

```
pnorm(100 + 1.96 * 15, 100, 15) - pnorm(100 - 1.96 * 15, 100, 15)
#> [1] 0.9500042
```

Quasi tutta la distribuzione è compresa nell'intervallo $\mu \pm 3 \cdot \sigma$:

```
pnorm(100 + 3 * 15, 100, 15) - pnorm(100 - 3 * 15, 100, 15)
#> [1] 0.9973002
```

Distribuzione Normale standard

La distribuzione Normale di parametri $\mu = 0$ e $\sigma = 1$ viene detta *distribuzione Normale standard*. La famiglia Normale è l'insieme avente come elementi tutte le distribuzioni Normali con parametri μ e σ diversi. Tutte le distribuzioni Normali si ottengono dalla Normale standard mediante una trasformazione lineare: se $Y \sim \mathcal{N}(\mu_Y, \sigma_Y)$ allora

$$X = a + bY \sim \mathcal{N}(\mu_X = a + b\mu_Y, \sigma_X = |b| \sigma_Y). \quad (11.4)$$

L'area sottesa alla curva di densità di $\mathcal{N}(\mu, \sigma)$ nella semiretta $(-\infty, y]$ è uguale all'area sottesa alla densità Normale standard nella semiretta $(-\infty, z]$, in cui $z = (y - \mu_Y)/\sigma_Y$ è il punteggio standard di Y . Per la simmetria della distribuzione, l'area sottesa nella semiretta $[1, \infty)$ è uguale all'area sottesa nella semiretta $(-\infty, 1]$ e quest'ultima coincide con $F(-1)$. Analogamente, l'area sottesa nell'intervallo $[y_a, y_b]$, con $y_a < y_b$, è pari a $F(z_b) - F(z_a)$, dove z_a e z_b sono i punteggi standard di y_a e y_b .

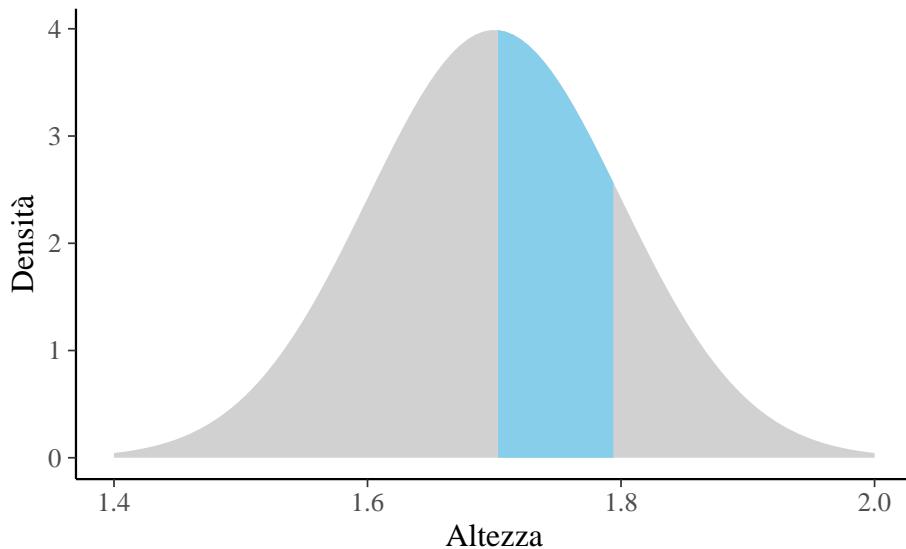
Si ha anche il problema inverso rispetto a quello del calcolo delle aree: dato un numero $0 \leq p \leq 1$, il problema è quello di determinare un numero $z \in \mathbb{R}$ tale che $P(Z < z) = p$. Il valore z cercato è detto *quantile* di ordine p della Normale standard e può essere trovato mediante un software.

Esempio 11.3. Supponiamo che l'altezza degli individui adulti segua la distribuzione Normale di media $\mu = 1.7$ m e deviazione standard $\sigma = 0.1$ m. Vogliamo sapere la proporzione di individui adulti con un'altezza compresa tra 1.7 e 1.8 m.

Il problema ci chiede di trovare l'area sottesa alla distribuzione $\mathcal{N}(\mu = 1.7, \sigma = 0.1)$ nell'intervallo [1.7, 1.8]:

```
df <- tibble(x = seq(1.4, 2.0, length.out = 100)) %>%
  mutate(y = dnorm(x, mean = 1.7, sd = 0.1))

ggplot(df, aes(x, y)) +
  geom_area(fill = "sky blue") +
  gghighlight(x < 1.8 & x > 1.7) +
  labs(
    x = "Altezza",
    y = "Densità"
  )
```



La risposta si trova utilizzando la funzione di ripartizione $F(X)$ della legge $\mathcal{N}(1.7, 0.1)$ in corrispondenza dei due valori forniti dal problema: $F(X = 1.8) - F(X = 1.7)$. Utilizzando la seguente istruzione

```
pnorm(1.8, 1.7, 0.1) - pnorm(1.7, 1.7, 0.1)
#> [1] 0.3413447
```

otteniamo il 31.43%.

In maniera equivalente, possiamo standardizzare i valori che delimitano l'intervallo considerato e utilizzare la funzione di ripartizione della normale standarizzata. I limiti inferiore e superiore dell'intervallo sono

$$z_{\text{inf}} = \frac{1.7 - 1.7}{0.1} = 0, \quad z_{\text{sup}} = \frac{1.8 - 1.7}{0.1} = 1.0,$$

quindi otteniamo

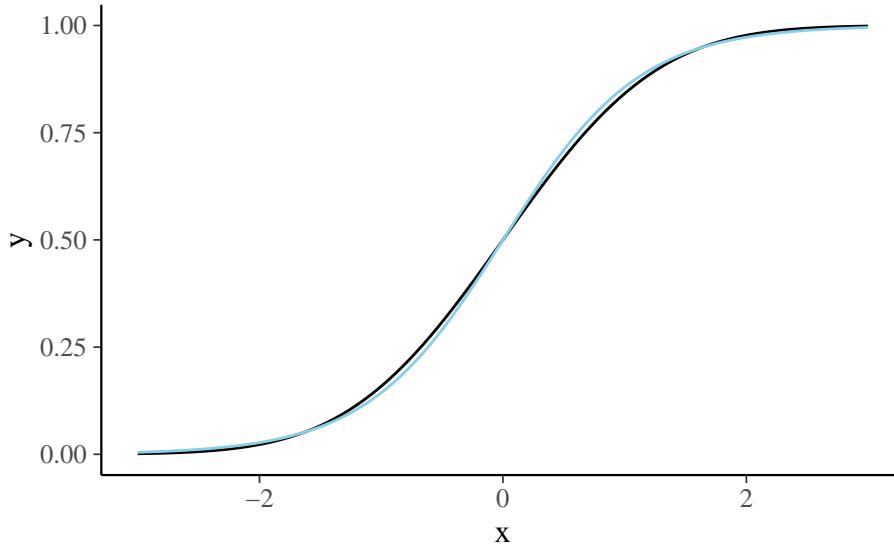
```
pnorm(1.0, 0, 1) - pnorm(0, 0, 1)
#> [1] 0.3413447
```

Il modo più semplice per risolvere questo problema resta comunque quello di rendersi conto che la probabilità richiesta non è altro che la metà dell'area sottesa dalle distribuzioni Normali nell'intervallo $[\mu - \sigma, \mu + \sigma]$, ovvero $0.683/2$.

Funzione di ripartizione della variabile casuale normale standard e funzione logistica

Si noti che la funzione logistica (in blu), pur essendo del tutto diversa dalla Normale dal punto di vista formale, assomiglia molto alla Normale standard quando le due cdf hanno la stessa varianza.

```
tibble(x = c(-3, 3)) %>%
  ggplot(aes(x = x)) +
  stat_function(fun = pnorm) +
  stat_function(
    fun = plogis,
    args = list(scale = 0.56),
    col = "sky blue"
  )
```



11.3 Teorema del limite centrale

Laplace dimostrò il teorema del limite centrale (TLC) nel 1812. Il TLC ci dice che se prendiamo una sequenza di variabili casuali indipendenti e le sommiamo, tale somma tende a distribuirsi come una Normale. Il TLC specifica inoltre, sulla base dei valori attesi e delle varianze delle v.c. che vengono sommate, quali saranno i parametri della distribuzione Normale così ottenuta.

Teorema 11.1. *Si supponga che $Y = Y_1, Y_2, \dots, Y_N$ sia una sequenza di v.a. i.i.d. con $\mathbb{E}(Y_n) = \mu$ e $\text{SD}(Y_n) = \sigma$. Si definisca una nuova v.c. come la media di Y :*

$$Z = \frac{1}{N} \sum_{n=1}^N Y_n.$$

Con $N \rightarrow \infty$, Z tenderà ad una Normale con lo stesso valore atteso di Y_n e una deviazione standard che sarà più piccola della deviazione standard originaria di un fattore pari a $\sqrt{\frac{1}{\sqrt{N}}}$:

$$p_Z(z) \rightarrow \mathcal{N} \left(z \mid \mu, \frac{1}{\sqrt{N}} \cdot \sigma \right). \quad (11.5)$$

Il TLC può essere generalizzato a variabili che non hanno la stessa distribuzione purché siano indipendenti e abbiano aspettative e varianze finite.

Molti fenomeni naturali, come l'altezza dell'uomo adulto di entrambi i sessi, sono il risultato di una serie di effetti additivi relativamente piccoli, la cui combinazione porta alla normalità, indipendentemente da come gli effetti additivi sono distribuiti. In pratica, questo è il motivo per cui la distribuzione normale ha senso come rappresentazione di molti fenomeni naturali.

11.4 Distribuzione Chi-quadrato

Dalla Normale deriva la distribuzione χ^2 . La distribuzione χ^2_k con k gradi di libertà descrive la variabile casuale

$$Z_1^2 + Z_2^2 + \cdots + Z_k^2,$$

dove Z_1, Z_2, \dots, Z_k sono variabili casuali i.i.d. con distribuzione Normale standard $\mathcal{N}(0, 1)$. La variabile casuale chi-quadrato dipende dal parametro intero positivo $\nu = k$ che ne identifica il numero di gradi di libertà. La densità di probabilità di χ^2_ν è

$$f(x) = C_\nu x^{\nu/2-1} \exp(-x/2), \quad \text{se } x > 0,$$

dove C_ν è una costante positiva.

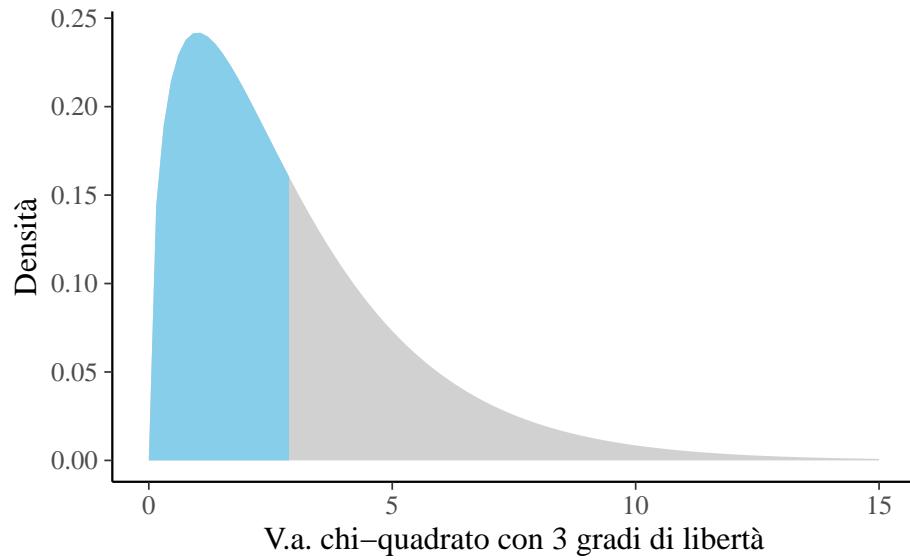
Proprietà

- La distribuzione di densità χ^2_ν è asimmetrica.
- Il valore atteso di una variabile χ^2_ν è uguale a ν .
- La varianza di una variabile χ^2_ν è uguale a 2ν .
- Per $k \rightarrow \infty$, la $\chi^2_\nu \rightarrow \mathcal{N}$.
- Se X e Y sono due variabili casuali chi-quadrato indipendenti con ν_1 e ν_2 gradi di libertà, ne segue che $X + Y \sim \chi^2_m$, con $m = \nu_1 + \nu_2$. Tale principio si estende a qualunque numero finito di variabili casuali chi-quadrato indipendenti.

Esempio 11.4. Usiamo R per disegnare la densità chi-quadrato con 3 gradi di libertà dividendo l'area sottesa alla curva di densità in due parti uguali.

```
df <- tibble(x = seq(0, 15.0, length.out = 100)) %>%
  mutate(y = dchisq(x, 3))

ggplot(df, aes(x, y)) +
  geom_area(fill = "sky blue") +
  gghighlight(x < 3) +
  labs(
    x = "V.a. chi-quadrato con 3 gradi di libertà",
    y = "Densità"
  )
```



Esempio 11.5. La figura 11.6 mostra alcune distribuzioni Chi-quadrato varian-
do il parametro ν .

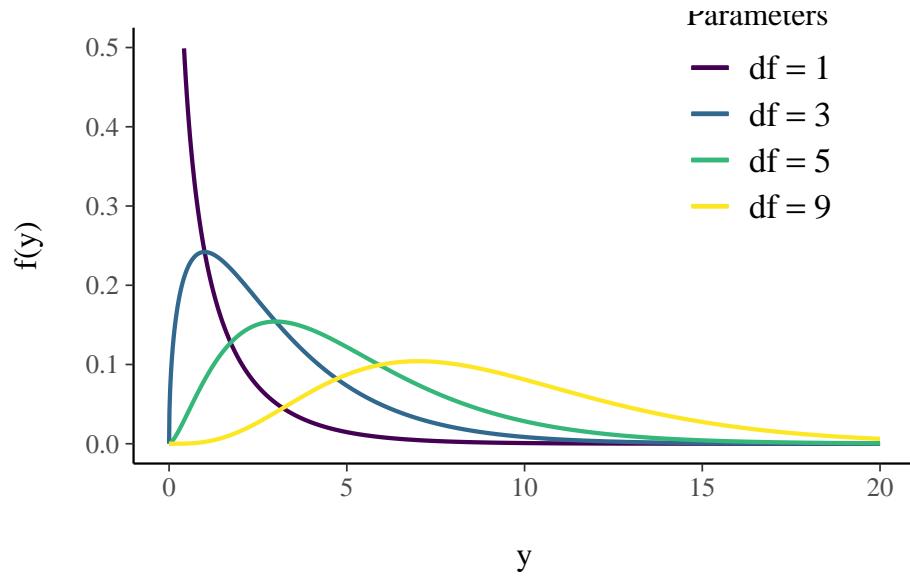


Figura 11.6: Alcune distribuzioni Chi-quadrato.

11.5 Distribuzione t di Student

Dalle distribuzioni Normale e Chi quadrato deriva un'altra distribuzione mol-
to nota, la t di Student. Se $Z \sim \mathcal{N}$ e $W \sim \chi^2_\nu$ sono due variabili casuali
indipendenti, allora il rapporto

$$T = \frac{Z}{\left(\frac{W}{\nu}\right)^{\frac{1}{2}}} \quad (11.6)$$

definisce la distribuzione t di Student con ν gradi di libertà. Si usa scrivere
 $T \sim t_\nu$. L'andamento della distribuzione t di Student è simile a quello della

distribuzione Normale, ma ha una maggiore dispersione (ha le code più pesanti di una Normale, ovvero ha una varianza maggiore di 1).

Proprietà

La variabile casuale t di Student soddisfa le seguenti proprietà:

1. Per $\nu \rightarrow \infty$, t_ν tende alla normale standard $\mathcal{N}(0, 1)$.
2. La densità della t_ν è una funzione simmetrica con valore atteso nullo.
3. Per $\nu > 2$, la varianza della t_ν vale $\nu/(\nu - 2)$; pertanto è sempre maggiore di 1 e tende a 1 per $\nu \rightarrow \infty$.

Esempio 11.6. La figura 11.7 mostra alcune distribuzioni t di Student variando il parametro ν .

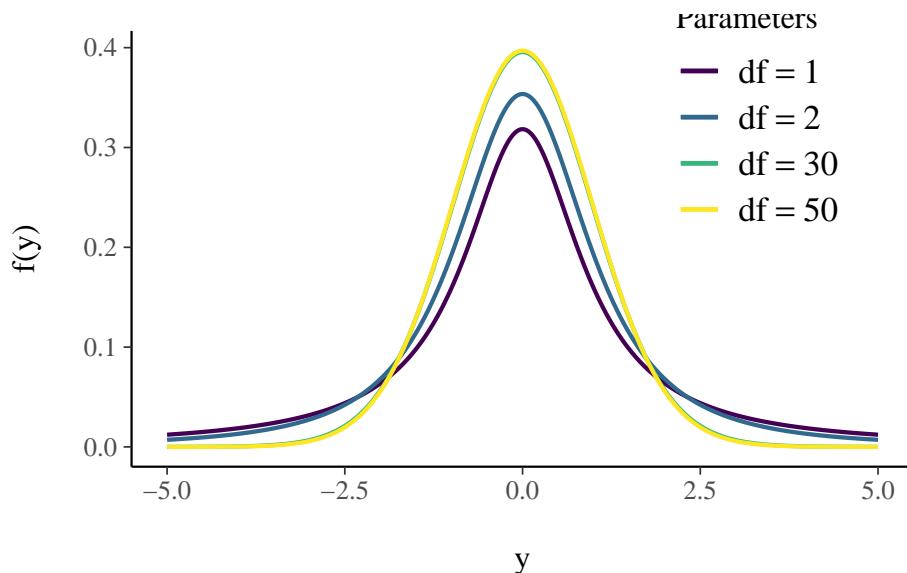


Figura 11.7: Alcune distribuzioni t di Student.

11.6 Funzione beta di Eulero

La funzione beta di Eulero è una funzione matematica, *non* una densità di probabilità. La menzioniamo qui perché viene utilizzata nella distribuzione Beta.

La funzione beta si può scrivere in molti modi; per i nostri scopi, può essere scritta nel modo seguente:

$$B(\alpha, \beta) = \frac{\Gamma(\alpha)\Gamma(\beta)}{\Gamma(\alpha + \beta)}, \quad (11.7)$$

dove $\Gamma(x)$ è la funzione Gamma, ovvero il fattoriale discendente, cioè $x(x-1)(x-2) \dots (x-n+1)$.

11.7 Distribuzione Beta

Definizione 11.1. Sia π una variabile casuale che può assumere qualsiasi valore compreso tra 0 e 1, cioè $\pi \in [0, 1]$. Diremo che π segue la distribuzione Beta di parametri α e β , $\pi \sim \text{Beta}(\alpha, \beta)$, se la sua densità è

$$\text{Beta}(\pi | \alpha, \beta) = \frac{1}{B(\alpha, \beta)} \pi^{\alpha-1} (1-\pi)^{\beta-1} = \frac{\Gamma(\alpha + \beta)}{\Gamma(\alpha)\Gamma(\beta)} \pi^{\alpha-1} (1-\pi)^{\beta-1} \quad \text{per } \theta \in [0, 1], \quad (11.8)$$

laddove $B(\alpha, \beta)$ è la funzione beta.

I termini α e β sono i parametri della distribuzione Beta e devono essere entrambi positivi.¹ Il rapporto $\frac{1}{B(\alpha, \beta)} = \frac{\Gamma(\alpha+b)}{\Gamma(\alpha)\Gamma(\beta)}$ è una costante di normalizzazione:

$$\int_0^1 \pi^{\alpha-1} (1-\pi)^{\beta-1} = \frac{\Gamma(\alpha + b)}{\Gamma(\alpha)\Gamma(\beta)}. \quad (11.9)$$

Il valore atteso, la moda e la varianza di una distribuzione Beta sono dati dalle seguenti equazioni:

$$\mathbb{E}(\pi) = \frac{\alpha}{\alpha + \beta}, \quad (11.10)$$

$$\text{Mo}(\pi) = \frac{\alpha - 1}{\alpha + \beta - 2}, \quad (11.11)$$

$$\text{Var}(\pi) = \frac{\alpha\beta}{(\alpha + \beta)^2(\alpha + \beta + 1)}. \quad (11.12)$$

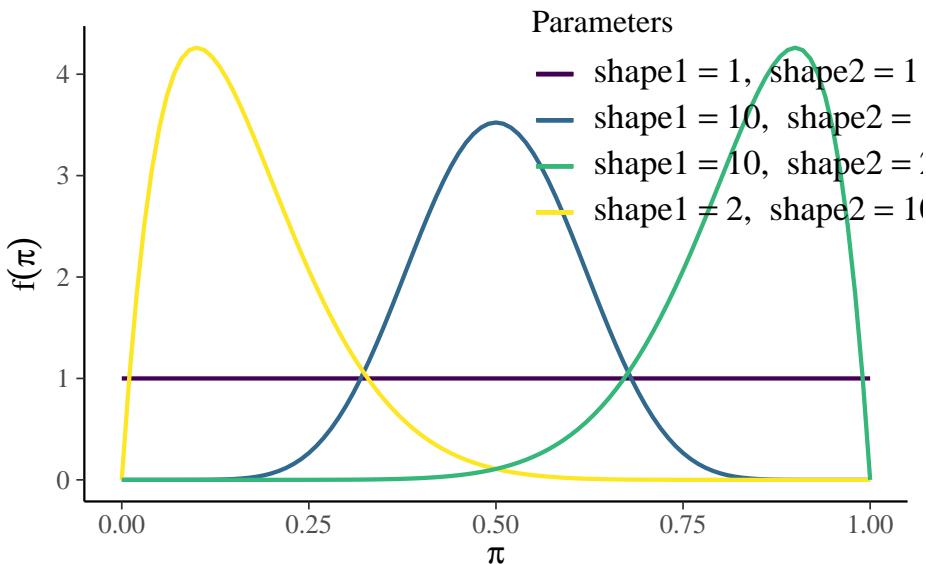
Attenzione alle parole. In questo contesto, il termine “beta” viene utilizzato con tre significati diversi:

- la distribuzione di densità Beta,
- la funzione matematica beta,
- il parametro β .

Esempio 11.7. Al variare di α e β si ottengono molte distribuzioni di forma diversa: per $\alpha = \beta = 1$ si ha la densità uniforme. Vari esempi di distribuzioni Beta sono mostrati nella figura 11.8.

Esempio 11.8. Nel disturbo depressivo la recidiva è definita come la comparsa di un nuovo episodio depressivo che si manifesta dopo un prolungato periodo di recupero (6-12 mesi) con stato di eutimia (umore relativamente normale). Supponiamo che una serie di studi mostri una comparsa di recidiva in una proporzione che va dal 20% al 60% dei casi, con una media del 40% (per una recente discussione, si veda Nuggerud-Galeas et al., 2020). Sulla base di queste ipotetiche informazioni, è possibile usare la distribuzione Beta per rappresentare le nostre

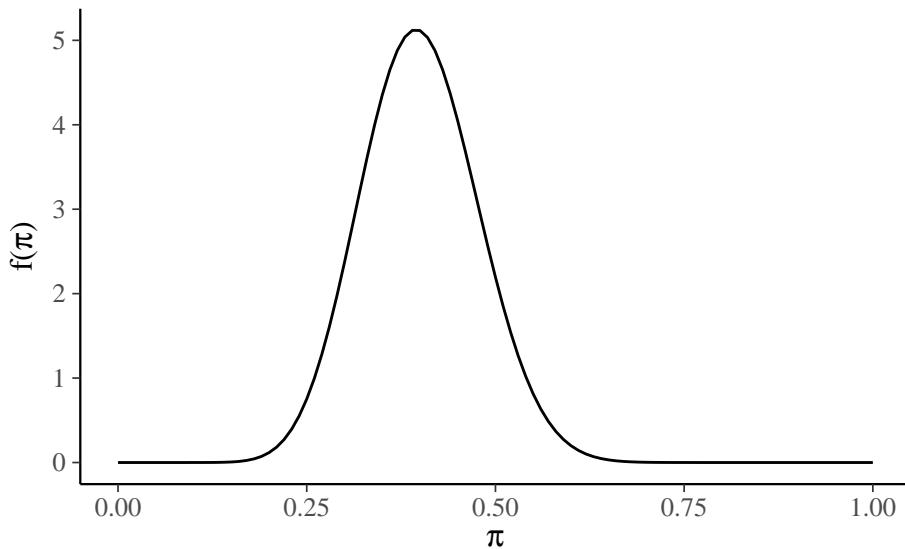
¹I parametri α e β della distribuzione Beta possono essere interpretati come l'espressione delle nostre credenze a priori relativamente alla probabilità di successo: il parametro α rappresenta il numero di “successi” e il parametro β il numero di “insuccessi”.

**Figura 11.8:** Alcune distribuzioni Beta.

credenze a priori relativamente alla probabilità di recidiva. Per fare questo dobbiamo trovare i parametri della distribuzione Beta tali per cui la massa della densità sia compresa tra 0.2 e 0.6, con la media in corrispondenza di 0.4. Procedendo per tentativi ed errori, ed usando la funzione `bayesrules::plot_beta()`, un risultato possibile è B(16, 24).

```
find_pars <- function(ev, n) {
  a <- ev * n
  b <- n - a
  return(c(round(a), round(b)))
}

pars <- find_pars(.4, 40)
pars
#> [1] 16 24
bayesrules::plot_beta(pars[1], pars[2])
```



La media della distribuzione a priori diventa:

```
16 / (16 + 24)
#> [1] 0.4
```

e la moda è

```
(16 - 1) / (16 + 24 - 2)
#> [1] 0.3947368
```

Inoltre, la deviazione standard della distribuzione a priori diventa

```
sqrt((16 * 24) / ((16 + 24)^2 * (16 + 24 + 1)))
#> [1] 0.07650921
```

uguale a circa 8 punti percentuali. Questo significa che le nostre credenze a priori rispetto la possibilità di recidiva tendono a deviare di circa 8 punti percentuali rispetto alla media della distribuzione a priori del 40%.

11.8 Distribuzione di Cauchy

La distribuzione di Cauchy è un caso speciale della distribuzione di t di Student con 1 grado di libertà. È definita da una densità di probabilità che corrisponde alla funzione, dipendente da due parametri θ e d (con la condizione $d > 0$),

$$f(x; \theta, d) = \frac{1}{\pi d} \frac{1}{1 + \left(\frac{x-\theta}{d}\right)^2}, \quad (11.13)$$

dove θ è la mediana della distribuzione e d ne misura la larghezza a metà altezza.

11.9 Distribuzione log-normale

Sia y una variabile casuale avente distribuzione normale con media μ e varianza σ^2 . Definiamo poi una nuova variabile casuale x attraverso la relazione

$$x = e^y \iff y = \log x.$$

Il dominio di definizione della x è il semiasse $x > 0$ e la densità di probabilità $f(x)$ è data da

$$f(x) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} \frac{1}{x} \exp\left\{-\frac{(\log x - \mu)^2}{2\sigma^2}\right\}. \quad (11.14)$$

Questa funzione di densità si chiama log-normale.

Il valore atteso e la varianza di una distribuzione log-normale sono dati dalle seguenti equazioni:

$$\mathbb{E}(x) = \exp\left\{\mu + \frac{\sigma^2}{2}\right\}. \quad (11.15)$$

$$\text{Var}(x) = \exp\{2\mu + \sigma^2\} (\exp\{\sigma^2\} - 1). \quad (11.16)$$

Si può dimostrare che il prodotto di variabili casuali log-normali ed indipendenti segue una distribuzione log-normale.

11.10 Distribuzione di Pareto

La distribuzione paretiana (o distribuzione di Pareto) è una distribuzione di probabilità continua e così chiamata in onore di Vilfredo Pareto. La distribuzione di Pareto è una distribuzione di probabilità con legge di potenza utilizzata nella descrizione di fenomeni sociali e molti altri tipi di fenomeni osservabili. Originariamente applicata per descrivere la distribuzione del reddito in una società, adattandosi alla tendenza che una grande porzione di ricchezza è detenuta da una piccola frazione della popolazione, la distribuzione di Pareto è diventata colloquialmente nota e indicata come il principio di Pareto, o “regola 80-20”. Questa regola afferma che, ad esempio, l’80% della ricchezza di una società è detenuto dal 20% della sua popolazione. Viene spesso applicata nello studio della distribuzione del reddito, della dimensione dell’impresa, della dimensione di una popolazione e nelle fluttuazioni del prezzo delle azioni.

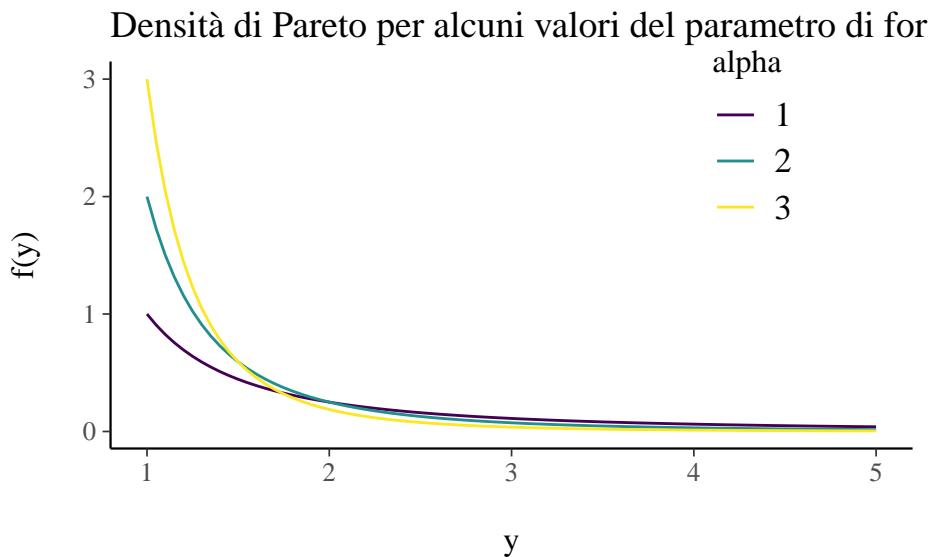
La densità di una distribuzione di Pareto è

$$f(x) = (x_m/x)^\alpha,$$

dove x_m (parametro di scala) è il minimo (necessariamente positivo) valore possibile di X e α è un parametro di forma.

```
x <- seq(1, 5, 0.05)
a3 <- 3 / x^(4)
a2 <- 2 / x^(3)
a1 <- 1 / x^(2)
df <- bind_rows(
  tibble(x = x, p = a3, alpha = "3"),
  tibble(x = x, p = a2, alpha = "2"),
  tibble(x = x, p = a1, alpha = "1"))
```

```
tibble(x = x, p = a2, alpha = "2"),
tibble(x = x, p = a1, alpha = "1")
)
gg <- df %>%
  ggplot(aes(x = x, y = p, group = alpha)) +
  geom_line(aes(color = alpha)) +
  xlim(1, 5) +
  ggtitle("Densità di Pareto per alcuni valori del parametro di forma") +
  ylab("P(X = x)") +
  scale_colour_viridis(
    discrete = TRUE, labels = parse_format()
  ) +
  labs(
    x = "\ny",
    y = "f(y)\n"
  )
print(gg)
```



La distribuzione di Pareto ha una asimmetria positiva. Il supporto della distribuzione di Pareto è la retta reale positiva. Tutti i valori devono essere maggiori del parametro di scala x_m , che è in realtà un parametro di soglia.

Verosimiglianza

La funzione di verosimiglianza

Per introdurre la funzione di verosimiglianza utilizzeremo un esempio proposto da McElreath (2020).¹ Supponiamo di tenere in mano un mappamondo e di chiederci: “qual’è la proporzione della superficie terreste ricoperta d’acqua?” Sembra una domanda a cui è difficile rispondere. Ma McElreath (2020) propone questa idea brillante: lanciamo in aria il mappamondo e, quando lo riprendiamo, osserviamo se la superficie del mappamondo sotto il nostro dito indice destro rappresenta acqua o terra. Possiamo ripetere questa procedura più volte, così da ottenere un campione causale di diverse porzioni della superficie dal mappamondo. Eseguiamo l’esperimento casuale nove volte e osserviamo i seguenti risultati: A, T, A, A, A, T, A, T, A, dove “A” indica acqua e “T” indica terra.

12.1 Dati e parametri

Per l’esempio del mappamondo possiamo dire quanto segue:

1. la proporzione del pianeta Terra ricoperta d’acqua è θ ;
2. un singolo lancio del mappamondo ha una probabilità θ di produrre l’osservazione “acqua” (A);
3. i lanci del mappamondo sono indipendenti (nel senso che il risultato di un lancio non influenza i risultati degli altri lanci).

Nella descrizione precedente, i *dati* sono le frequenze degli eventi *A* (“acqua”) e *T* (“terra”) prodotte da una serie di osservazioni. La somma delle frequenze di *A* e *T* è il numero totale dei lanci del mappamondo: $N = A + T$. Oltre ai dati, abbiamo anche fatto riferimento alla proporzione (incognita) di acqua sul globo terrestre. Tale proporzione corrisponde al *parametro* $\theta \in \Theta$, dove Θ rappresenta lo spazio parametrico in cui può variare il parametro θ . Nel caso presente, $\theta \in [0, 1]$, in quanto θ è una proporzione. La descrizione del parametro θ rappresenta l’obiettivo dell’inferenza.

¹Per una trattazione più formale, si consulti il tutorial di Etz (2018).

Anche se il parametro θ non può essere direttamente osservato è possibile inferire il suo valore a partire dai dati. Avendo specificato ciò che abbiamo detto sopra, possiamo formulare un *modello statistico*: abbiamo una sequenza di prove Bernoulliane indipendenti e, dunque, il modello statistico sarà quello binomiale. Prima di descrivere questo modello in dettaglio, è utile visualizzare il suo comportamento. Dopo aver visto come questo modello apprende dai dati ci porremo il problema di capire come funziona.

Come impara un modello statistico?

Prima di lanciare in aria il mappamondo e di ottenere il primo dato, non sappiamo nulla del parametro θ . Dato che θ è una proporzione, i suoi valori possibili vanno da 0 a 1. Se non possediamo alcuna informazione su θ , allora riteniamo che tutti i valori θ siano egualmente credibili. Rappresentiamo dunque la nostra incertezza a proposito del parametro θ mediante una distribuzione uniforme su tutti i valori θ , come indicato dalla linea tratteggiata nel pannello $n = 1$ della figura 12.1.

Lanciamo in aria il mappamondo una prima volta e, quando lo riprendiamo, notiamo che sotto il nostro indice destro c'è “acqua”. Dopo avere osservato il risultato del primo lancio, ovvero “A”, il modello aggiorna le credibilità dei valori del parametro θ che ora sono rappresentate dalla linea continua nel pannello $n = 1$ della figura 12.1. La credibilità associata all'evento $\theta = 0$ è scesa esattamente a zero, l'equivalente di “impossibile”. Infatti, avendo osservato almeno un luogo sul mappamondo in cui c'è dell'acqua, possiamo dire che l'evento “non c'è acqua” (ovvero $\theta = 0$) è impossibile. Allo stesso modo, la credibilità di $\theta > 0.5$ è aumentata. Non abbiamo ancora evidenze che ci sia terra sul mappamondo, quindi le credibilità iniziali sono state modificate per essere coerenti con questa informazione: le credibilità associate a θ aumentano passando dal valore $\theta = 0$ a valore $\theta = 1$, in maniera coerente con i dati che abbiamo. Il punto importante è che le evidenze disponibili fino a questo momento vengono incorporata nelle credibilità attribuite a ciascun possibile valore θ . Il modello implementa questa logica in maniera *automatica*. Non è necessario fornire al modello alcuna istruzione per ottenere questo risultato. La teoria della probabilità svolge tutti i calcoli necessari per noi.

Lanciamo in aria il mappamondo una seconda volta e osserviamo “T”. Consideriamo dunque il pannello $n = 2$ della figura 12.1. La linea tratteggiata in questo pannello ricopia semplicemente la descrizione del livello di credibilità di ciascun valore θ che era disponibile nel caso di un solo lancio del mappamondo. La linea continua, invece, aggiorna tali valori di credibilità incorporando l'informazione secondo la quale in due lanci abbiamo ottenuto “acqua” una volta e “terra” una volta. Vediamo che ora il valore di credibilità di θ è uguale a zero per l'evento $\theta = 0$; infatti, abbiamo osservato “acqua” nel primo lancio. In maniera corrispondente, il valore di credibilità di θ è uguale a zero per l'evento $\theta = 1$ (c'è solo acqua); infatti, abbiamo osservato “terra” nel secondo lancio. Avendo osservato “acqua” nel 50% dei casi, il valore più verosimile per θ sarà 0.5, come indicato dalla linea continua in questo pannello.

Nei pannelli rimanenti della figura 12.1 i nuovi dati prodotti dai successivi lanci del mappamondo vengono analizzati dal modello, uno alla volta. La curva

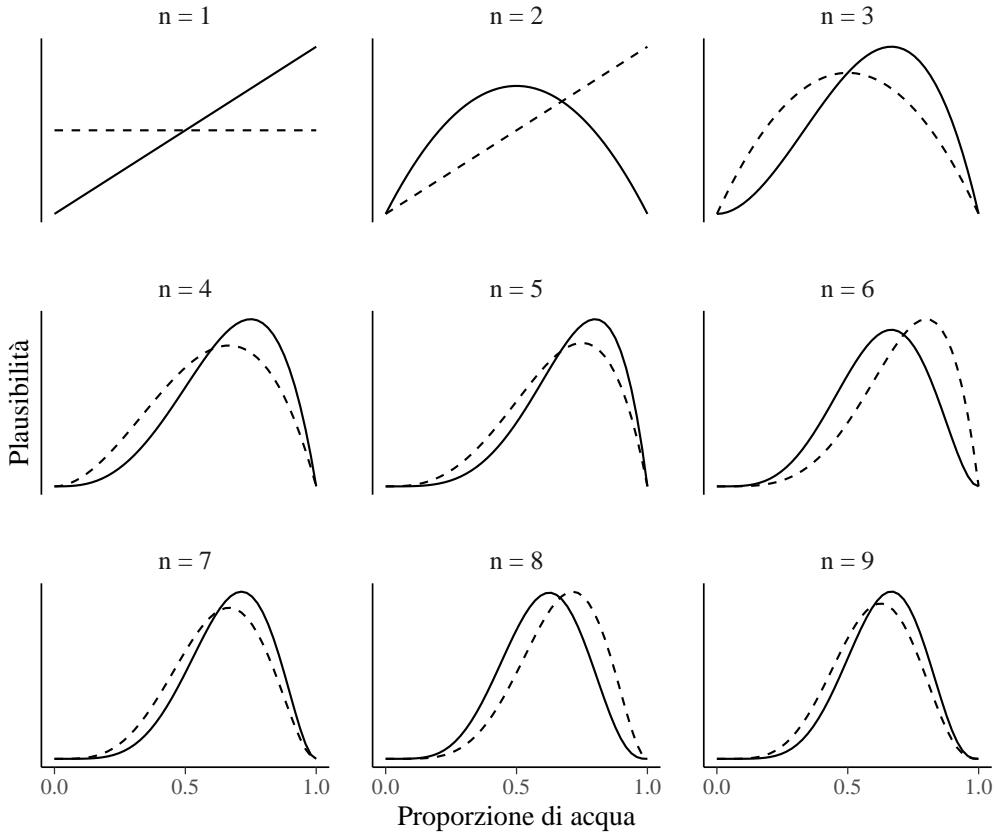


Figura 12.1: Come un modello statistico impara? Ciascun lancio del mappamondo produce un'osservazione: acqua (A) o terra (T). La stima della proporzione di acqua (θ) sulla superficie terrestre prodotta dal modello è espressa nei termini del grado di credibilità (o Plausibilità, nella figura) di ciascun possibile valore θ . Le linee e le curve nella figura rappresentano il grado di credibilità dei valori θ per diversi set di dati. In ogni pannello, le credibilità (curva tratteggiata) calcolate in base alle informazioni fornite dai lanci $1, \dots, k$ vengono aggiornate a seguito dell'informazione fornita dal lancio $k+1$. I nuovi valori di credibilità di θ sono rappresentati dalla curva solida.

tratteggiata in ciascun pannello corrisponde alla curva solida del pannello precedente, spostandosi da sinistra a destra e dall'alto verso il basso. Ogni volta che si ottiene un dato A il picco della curva di credibilità si sposta a destra, verso valori più grandi di θ . Ogni volta si ottiene T ci si sposta nella direzione opposta. L'altezza massima della curva aumenta con ogni campione, il che significa che, all'aumentare della quantità di prove, viene associato un livello di credibilità maggiore ad un minor numero di valori di θ . Man mano che viene aggiunta una nuova osservazione, la curva che rappresenta la credibilità dei valori θ viene aggiornata in maniera coerente con tutte le osservazioni precedenti.

12.2 La funzione di verosimiglianza

Nella figura 12.1 abbiamo descritto con una curva il grado di credibilità associato a ciascun valore del parametro θ . Una curva è il grafico di una funzione matematica. In statistica, tale funzione si chiama *verosimiglianza* di θ basata sui

dati $y = (y_1, \dots, y_n)$.

La verosimiglianza del modello binomiale

Vediamo ora come si costruisce la funzione di verosimiglianza per l'esperimento casuale corrispondente al lancio del mappamondo. Gli eventi possibili che possono essere osservati nell'esperimento casuale sono acqua (A) e terra (T). Avendo lanciato in aria il mappamondo 9 volte, abbiamo osservato una serie di eventi A e T . Ora ci chiediamo: qual è la probabilità di osservare questo *specifico* campione (6 volte “acqua” in 9 lanci del mappamondo) nell'universo di tutte le possibili sequenze risultanti da 9 lanci del mappamondo? Sembra una domanda a cui è molto difficile rispondere, ma in realtà non è vero. Se specifichiamo le caratteristiche dell'esperimento casuale come abbiamo fatto sopra, ovvero: (1) ogni lancio è indipendente dagli altri e (2) la probabilità di osservare “acqua” è la stessa in ciascun lancio, allora la teoria della probabilità ci consente di trovare facilmente una risposta alla nostra domanda. Le caratteristiche dell'esperimento casuale che abbiamo descritto specificano infatti una variabile casuale binomiale. La funzione che stiamo cercando, dunque, è la distribuzione binomiale. In precedenza abbiamo discusso tale distribuzione facendo riferimento al lancio di una moneta. Ma l'esperimento casuale corrispondente a n lanci di una moneta è strutturalmente identico a quello del mappamondo (gli unici esiti possibili sono “acqua” e “terra”, i lanci sono indipendenti gli uni dagli altri e la probabilità di osservare “acqua” rimane costante in ciascun lancio). Possiamo dunque usare la distribuzione binomiale per descrivere la probabilità di osservare A = “numero di volte in cui abbiamo osservato acqua” e T = “numero di volte in cui abbiamo osservato terra”, quando il nostro mappamondo è stato lanciato in aria per $n = A + T$ volte. Tale probabilità è data dalla distribuzione binomiale di parametro θ :

$$P(A, T | \theta) = \frac{(A+T)!}{A!T!} \theta^A (1-\theta)^T. \quad (12.1)$$

In altre parole, la frequenza degli eventi “numero di volte in cui abbiamo osservato acqua” e “numero di volte in cui abbiamo osservato terra” segue la distribuzione binomiale nella quale la probabilità di osservare “acqua” in ciascun lancio è uguale a θ .

La verosimiglianza vista da vicino

Ma cosa dobbiamo fare, in pratica, per generare le funzioni di verosimiglianza che sono rappresentate nei diversi pannelli della figura 12.1? Iniziamo con una definizione formale.

Definizione 12.1. La *funzione di verosimiglianza* $\mathcal{L}(\theta | y) = f(y | \theta), \theta \in \Theta$, è la funzione di massa o di densità di probabilità dei dati y vista come una funzione del parametro sconosciuto θ .

In altri termini, le funzioni di verosimiglianza e di (massa o densità di) probabilità sono formalmente identiche, ma è completamente diversa la loro interpretazione. Nel caso della funzione di massa o di densità di probabilità la distribuzione del vettore casuale delle osservazioni campionarie y dipende dai valori assunti dal parametro θ ; nel caso della la funzione di verosimiglianza la credibilità assegnata

a ciascun possibile valore θ viene determinata avendo acquisita l'informazione campionaria y che rappresenta l'elemento condizionante.

Spesso per indicare la verosimiglianza si scrive $\mathcal{L}(\theta)$ se è chiaro a quali valori y ci si riferisce. La verosimiglianza \mathcal{L} è una curva (in generale, una superficie) nello spazio Θ del parametro (in generale, dei parametri θ) che riflette la credibilità relativa dei valori θ alla luce dei dati osservati. Notiamo un punto importante: la funzione $\mathcal{L}(\theta | y)$ non è una funzione di densità. Infatti, essa non racchiude un'area unitaria.

Nel caso presente, la funzione di verosimiglianza è descritta dalla (12.1), ovvero, corrisponde alla funzione binomiale di parametro $\theta \in (0, 1)$ sconosciuto. Nell'esempio che stiamo discutendo, abbiamo osservato “acqua” sei volte in nove lanci del mappamondo. Dunque, $y = 6$ successi in $n = 9$ prove. Per i dati del campione considerato, la funzione di verosimiglianza diventa

$$\mathcal{L}(\theta | y) = \frac{(6+3)!}{6!3!} \theta^6 (1-\theta)^3. \quad (12.2)$$

La definizione precedente ci dice che, per costruire la funzione di verosimiglianza, dobbiamo applicare tante volte la (12.2) *tenendo costanti i dati* e cambiando ogni volta il valore θ .

Per esempio, se poniamo $\theta = 0.1$

$$\mathcal{L}(\theta | y) = \frac{(6+3)!}{6!3!} 0.1^6 (1-0.1)^3$$

otteniamo il valore 0.0446. Se poniamo $\theta = 0.2$

$$\mathcal{L}(\theta | y) = \frac{(6+3)!}{6!3!} 0.2^6 (1-0.2)^3$$

otteniamo 0.1762; e così via.

La tabella seguente riportata alcuni valori rappresentativi della funzione di verosimiglianza definita da 6 successi in 9 prove Bernoulliane.

θ	$\mathcal{L}(\theta y)$
0.0	0.0000
0.1	0.0001
0.2	0.0028
0.3	0.0210
0.4	0.0743
0.5	0.1641
0.6	0.2508
0.7	0.2668
0.8	0.1762
0.9	0.0446
1.0	0.0000

La figura 12.2 fornisce una rappresentazione grafica della funzione di verosimiglianza – la figura è stata costruita utilizzando 100 valori equispaziati

$\theta \in [0, 1]$.

```
n <- 9
y <- 6
theta <- seq(0, 1, length.out = 100)
like <- choose(n, y) * theta^y * (1 - theta)^(n - y)
plot(
  theta, like,
  type = "l",
  xaxt = "n",
  bty = "l",
  main = "Funzione di verosimiglianza",
  ylab = expression(L(theta)),
  xlab = expression("Valori possibili di" ~ theta)
)
axis(side = 1, at = seq(0, 1, length.out = 11))
segments(
  0.67, 0, 0.67,
  choose(n, y) * 0.67^y * (1 - 0.67)^(n - y),
  lty = 2
)
```

Funzione di verosimiglianza

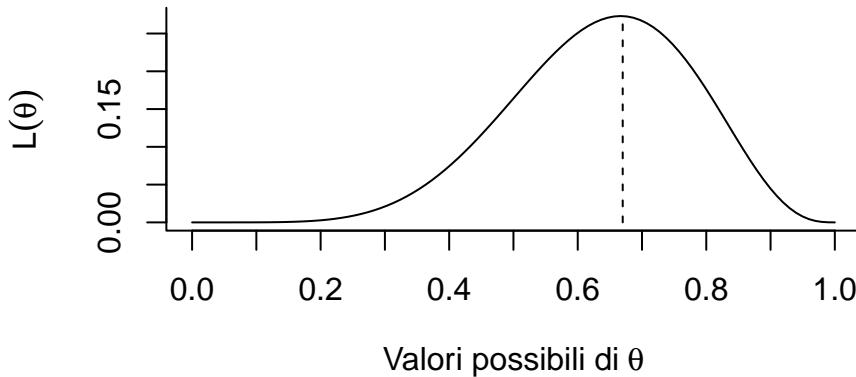


Figura 12.2: Funzione di verosimiglianza nel caso in cui l'esito acqua sia stato osservato 6 volte in 9 lanci del mappamondo.

Interpretazione

Come possiamo interpretare la curva che abbiamo ottenuto? Per alcuni valori θ la funzione di verosimiglianza assume valori piccoli; per altri valori θ la funzione di verosimiglianza assume valori più grandi. Questi ultimi sono i valori di θ “più credibili” e il valore 0.67 è il valore più credibile di tutti. La funzione di verosimiglianza di θ valuta la plausibilità relativa o la compatibilità dei dati osservati $Y = y$ con i diversi possibili valori θ . In termini più formali possiamo dire che la funzione di verosimiglianza ha la seguente interpretazione: sulla base

dei dati, $\theta_1 \in \Theta$ è più credibile di $\theta_2 \in \Theta$ come indice del modello probabilistico generatore delle osservazioni se $\mathcal{L}(\theta_1) > \mathcal{L}(\theta_2)$.

In conclusione, la funzione di verosimiglianza descrive in termini relativi il sostegno empirico che $\theta \in \Theta$ riceve da y . La figura 12.1, infatti, mostra come la funzione di verosimiglianza assume una forma diversa quando y varia: le curve nei pannelli della figura 12.1 sono tutte state ottenute usando la (12.1), ma sono tra loro diverse perché i dati sono diversi: 1 successo in 1 prova (abbiamo lanciato il mappamondo una volta e abbiamo osservato “acqua”); 1 successo in 2 prove (abbiamo lanciato il mappamondo due volte e abbiamo osservato “acqua” e “terra”); 2 successi in 3 prove (abbiamo lanciato il mappamondo tre volte e abbiamo osservato “acqua”, “terra” e “acqua”); eccetera.

La stima di massima verosimiglianza

La funzione di verosimiglianza rappresenta la “credibilità relativa” dei valori del parametro di interesse. Ma qual è il valore più credibile? Se utilizziamo soltanto la funzione di verosimiglianza, allora la risposta è data dalla stima di massima verosimiglianza.

Definizione 12.2. Un valore di θ che massimizza $\mathcal{L}(\theta | y)$ sullo spazio parametrico Θ è detto *stima di massima verosimiglianza* (s.m.v.) di θ ed è indicato con $\hat{\theta}$:

$$\hat{\theta} = \operatorname{argmax}_{\theta \in \Theta} \mathcal{L}(\theta). \quad (12.3)$$

Il paradigma frequentista utilizza la funzione di verosimiglianza quale unico strumento per giungere alla stima del valore più credibile del parametro sconosciuto θ . Tale stima corrisponde al punto di massimo della funzione di verosimiglianza. Nell'esempio presente, $\hat{\theta} = 0.6667$. Il massimo della funzione di verosimiglianza, ovvero $\hat{\theta}$, si può ottenere con metodi numerici o grafici.

In base all'approccio bayesiano, invece, il valore più credibile del parametro sconosciuto θ non corrisponde alla s.m.v.. Per l'approccio bayesiano, invece, il valore più credibile del parametro sconosciuto θ è dato dalla moda (o media, o mediana) della distribuzione a posteriori $p(\theta | y)$ che si ottiene combinando la verosimiglianza $p(y | \theta)$ con la distribuzione a priori $p(\theta)$.

La log-verosimiglianza

Dal punto di vista pratico risulta più conveniente utilizzare, al posto della funzione di verosimiglianza, il suo logaritmo naturale, ovvero la funzione di log-verosimiglianza:

$$\ell(\theta) = \log \mathcal{L}(\theta).$$

Poiché il logaritmo è una funzione strettamente crescente (usualmente si considera il logaritmo naturale), allora $\mathcal{L}(\theta)$ e $\ell(\theta)$ assumono il massimo (o i punti di massimo) in corrispondenza degli stessi valori di θ :

$$\hat{\theta} = \operatorname{argmax}_{\theta \in \Theta} \ell(\theta).$$

Per le proprietà del logaritmo, si ha

$$\ell(\theta) = \log \left(\prod_{i=1}^n f(y_i | \theta) \right) = \sum_{i=1}^n \log f(y_i | \theta). \quad (12.4)$$

Si noti che non è necessario lavorare con i logaritmi, anche se è fortemente consigliato, e questo perché i valori della verosimiglianza, in cui si moltiplicano valori di probabilità molto piccoli, possono diventare estremamente piccoli (qualcosa come 10^{-34}). In tali circostanze, non è sorprendente che i programmi dei computer mostrino problemi di arrotondamento numerico. Le trasformazioni logaritmiche risolvono questo problema.

Derivazione della s.m.v. per una proporzione

Nel Paragrafo 12.2 abbiamo trovato che la s.m.v. di θ è uguale alla proporzione di successi campionari. Questo risultato può essere dimostrato come segue.

Dimostrazione. Per n prove Bernoulliane indipendenti, le quali producono y successi e $(n - y)$ insuccessi, la funzione nucleo (ovvero, la funzione di verosimiglianza da cui sono state escluse tutte le costanti moltiplicative che non hanno alcun effetto su $\hat{\theta}$) è

$$\mathcal{L}(p \mid y) = \theta^y(1 - \theta)^{n-y}.$$

La funzione nucleo di log-verosimiglianza è

$$\begin{aligned}\ell(\theta \mid y) &= \log \mathcal{L}(\theta \mid y) \\ &= \log (\theta^y(1 - \theta)^{n-y}) \\ &= \log \theta^y + \log ((1 - \theta)^{n-y}) \\ &= y \log \theta + (n - y) \log (1 - \theta).\end{aligned}$$

Per calcolare il massimo della funzione di log-verosimiglianza è necessario differenziare $\ell(\theta \mid y)$ rispetto a θ , porre la derivata a zero e risolvere. La derivata di $\ell(\theta \mid y)$ è:

$$\ell'(\theta \mid y) = \frac{y}{\theta} - \frac{n - y}{1 - \theta}.$$

Ponendo l'equazione uguale a zero e risolvendo otteniamo la s.m.v.:

$$\hat{\theta} = \frac{y}{n}, \quad (12.5)$$

ovvero la frequenza relativa dei successi nel campione. \square

Calcolo numerico

In maniera più semplice, il risultato descritto nel Paragrafo 12.2 può essere ottenuto mediante una simulazione in R. Iniziamo a definire un insieme di valori possibili per il parametro incognito θ :

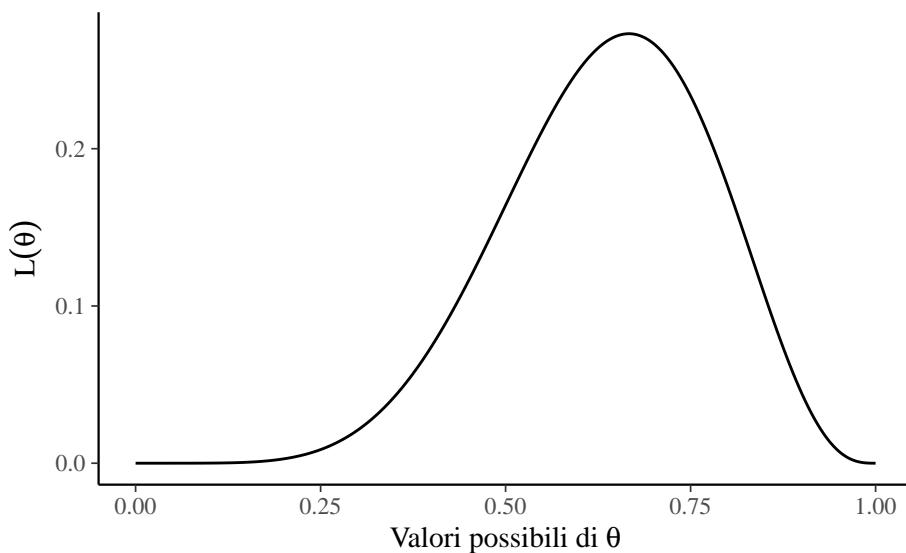
```
theta <- seq(0, 1, length.out = 1e3)
```

Sappiamo che la funzione di verosimiglianza è la funzione di massa di probabilità espressa in funzione del parametro sconosciuto θ assumendo come noti i dati. Questo si può esprimere in R nel modo seguente:

```
like <- dbinom(x = 6, size = 9, prob = theta)
```

Si noti che, nell'istruzione precedente, abbiamo passato alla funzione `dbinom()` i dati, ovvero `x = 6` successi in `size = 9` prove. Inoltre, abbiamo passato alla funzione il vettore `prob = theta` che contiene 1000 valori possibili per il parametro $\theta \in [0, 1]$. Per ciascuno dei valori θ , la funzione `dbinom()` ritorna un valore che corrisponde all'ordinata della funzione di verosimiglianza, tenendo sempre costanti i dati (ovvero, 6 successi in 9 prove). Un grafico della funzione di verosimiglianza è dato da:

```
tibble(theta, like) %>%
  ggplot(aes(x = theta, y = like)) +
  geom_line() +
  labs(
    y = expression(L(theta)),
    x = expression("Valori possibili di" ~ theta)
  )
```



Nella simulazione, il valore θ che massimizza la funzione di verosimiglianza può essere trovato nel modo seguente:

```
theta[which.max(like)]
#> [1] 0.6666667
```

Il valore così trovato è uguale al valore definito dalla (12.5).

12.3 La verosimiglianza del modello Normale

Ora che abbiamo capito come costruire la funzione verosimiglianza di una binomiale è relativamente semplice fare un passo ulteriore e considerare la verosimiglianza del caso di una funzione di densità, ovvero nel caso di una variabile casuale continua. Consideriamo qui il caso della Normale.

La densità di una distribuzione Normale di parametri μ e σ è

$$f(y | \mu, \sigma) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} \exp\left\{-\frac{1}{2\sigma^2}(y - \mu)^2\right\}.$$

Poniamoci ora il problema di trovare la s.m.v. dei parametri sconosciuti μ e σ nel caso in cui le n osservazioni $y = (y_1, \dots, y_n)$ sono realizzazioni indipendenti ed identicamente distribuite (di seguito, i.i.d.) della medesima variabile casuale $Y \sim \mathcal{N}(\mu, \sigma)$. Per semplicità, scriviamo $\theta = \{\mu, \sigma\}$.

Il campione osservato è un insieme di eventi, ciascuno dei quali corrisponde alla realizzazione di una variabile casuale — possiamo pensare ad uno di tali eventi come all'estrazione casuale di un valore dalla “popolazione” $\mathcal{N}(\mu, \sigma)$. Se le variabili casuali sono i.i.d., la loro densità congiunta è data da:

$$\begin{aligned} f(y | \theta) &= f(y_1 | \theta) \cdot f(y_2 | \theta) \cdot \dots \cdot f(y_n | \theta) \\ &= \prod_{i=1}^n f(y_i | \theta), \end{aligned} \tag{12.6}$$

laddove la funzione $f(\cdot)$ è la (12.3). Tenendo costanti i dati y , la funzione di verosimiglianza è:

$$\mathcal{L}(\theta | y) = \prod_{i=1}^n f(y_i | \theta). \tag{12.7}$$

L'obiettivo è quello di massimizzare la funzione di verosimiglianza per trovare i valori θ ottimali. Usando la notazione matematica questo si esprime dicendo che cerchiamo l'argmax della (12.7) rispetto a θ , ovvero

$$\hat{\theta} = \operatorname{argmax}_{\theta} \prod_{i=1}^n f(y_i | \theta).$$

Questo problema si risolve calcolando le derivate della funzione rispetto a θ , ponendo le derivate uguali a zero e risolvendo. Saltando tutti i passaggi algebrici di questo procedimento, per μ troviamo

$$\hat{\mu} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n y_i \tag{12.8}$$

e per σ abbiamo

$$\hat{\sigma} = \sqrt{\sum_{i=1}^n \frac{1}{n} (y_i - \mu)^2}. \tag{12.9}$$

In altri termini, la s.m.v. del parametro μ è la media del campione e la s.m.v. del parametro σ è la deviazione standard del campione.

Simulazione

Consideriamo ora un esempio che utilizza dei dati reali. I dati corrispondono ai valori BDI-II dei trenta soggetti del campione clinico di Zetsche et al. (2019):

```
d <- tibble(
  y = c(
    26, 35, 30, 25, 44, 30, 33, 43, 22, 43, 24,
    19, 39, 31, 25, 28, 35, 30, 26, 31, 41, 36,
    26, 35, 33, 28, 27, 34, 27, 22
  )
)
```

Ci poniamo l'obiettivo di creare la funzione di verosimiglianza per questi dati, supponendo, in base ai risultati di ricerche precedenti, di sapere che i punteggi BDI-II si distribuiscono secondo una legge Normale.

Per semplificare il problema, assumeremo di conoscere σ (lo porremo uguale alla deviazione standard del campione) in modo da avere un solo parametro sconosciuto, cioè μ . Il problema è dunque quello di trovare la funzione di verosimiglianza per il parametro μ , date le 30 osservazioni del campione e dato $\sigma = s = 6.61$.

Per una singola osservazione, la funzione di verosimiglianza è la densità Normale espressa in funzione dei parametri. Per un campione di osservazioni i.i.d., ovvero $y = (y_1, y_2, \dots, y_n)$, la verosimiglianza è la funzione di densità congiunta $f(y | \mu, \sigma)$ espressa in funzione dei parametri, ovvero $\mathcal{L}(\mu, \sigma | y)$. Dato che le osservazioni sono i.i.d., la densità congiunta è data dal prodotto delle densità delle singole osservazioni.

Per semplicità, assumiamo σ noto e uguale alla deviazione standard del campione:

```
true_sigma <- sd(d$y)
true_sigma
#> [1] 6.606858
```

Avendo posto $\sigma = 6.61$, per una singola osservazione y_i abbiamo

$$f(y_i | \mu, \sigma) = \frac{1}{6.61\sqrt{2\pi}} \exp\left\{-\frac{(y_i - \mu)^2}{2 \cdot 6.61^2}\right\},$$

dove il pedice i specifica l'osservazione y_i tra le molteplici osservazioni y , e μ è il parametro sconosciuto che deve essere determinato (nell'esempio, $\sigma = s$). La densità congiunta è dunque

$$f(y | \mu, \sigma) = \prod_{i=1}^n f(y_i | \mu, \sigma)$$

e, alla luce dei dati osservati, la verosimiglianza diventa

$$\begin{aligned}\mathcal{L}(\mu, \sigma \mid y) &= \prod_{i=1}^n f(y_i \mid \mu, \sigma) = \\ &\frac{1}{6.61\sqrt{2\pi}} \exp\left\{-\frac{(26-\mu)^2}{2 \cdot 6.61^2}\right\} \times \\ &\frac{1}{6.61\sqrt{2\pi}} \exp\left\{-\frac{(35-\mu)^2}{2 \cdot 6.61^2}\right\} \times \\ &\vdots \\ &\frac{1}{6.61\sqrt{2\pi}} \exp\left\{-\frac{(22-\mu)^2}{2 \cdot 6.61^2}\right\}.\end{aligned}$$

Poniamoci ora il problema di rappresentare graficamente la funzione di verosimiglianza per il parametro μ . Avendo un solo parametro sconosciuto, possiamo rappresentare la verosimiglianza con una curva. In R, definiamo la funzione di log-verosimiglianza nel modo seguente:

```
log_likelihood <- function(y, mu, sigma = true_sigma) {  
  sum(dnorm(y, mu, sigma, log = TRUE))  
}
```

Nella funzione `log_likelihood()`, y è un vettore che, nel caso presente contiene $n = 30$ valori. Per ciascuno di questi valori, la funzione `dnorm()` trova la densità Normale utilizzando il valore μ che passato a `log_likelihood()` e il valore σ uguale a 6.61 — nell'esempio, questo parametro viene assunto come noto. L'argomento `log = TRUE` specifica che deve essere preso il logaritmo. La funzione `dnorm()` è un argomento della funzione `sum()`. Ciò significa che i 30 valori così trovati, espressi su scala logaritmica, verranno sommati — sommare logaritmi è equivalente a fare il prodotto dei valori sulla scala originaria.

Se applichiamo questa funzione ad un solo valore μ otteniamo l'ordinata della funzione di log-verosimiglianza in corrispondenza del valore μ (si veda la figura (12.3)). Si noti che, per trovare un tale valore, abbiamo utilizzato le seguenti informazioni:

- i 30 dati del campione,
- il valore $\sigma = s$ fissato a 6.61,
- il singolo valore μ passato alla funzione `log_likelihood()`.

Avendo trovato un singolo punto della funzione di log-verosimiglianza, dobbiamo ripetere i calcoli precedenti per tutti i possibili valori che μ può assumere. Nel seguente ciclo `for()` viene calcolata la log-verosimiglianza di 100,000 valori possibili del parametro μ :

```
nrep <- 1e5  
mu <- seq(  
  mean(d$y) - sd(d$y),  
  mean(d$y) + sd(d$y),
```

```

length.out = nrep
)

11 <- rep(NA, nrep)
for (i in 1:nrep) {
  11[i] <- log_likelihood(d$y, mu[i], true_sigma)
}

```

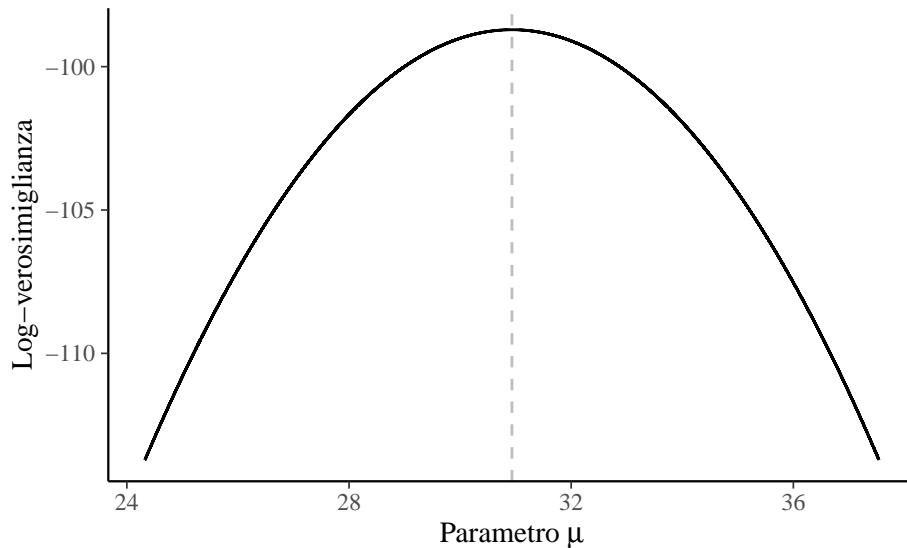
Il vettore `mu` contiene 100,000 possibili valori del parametro μ ; tali valori sono stati scelti nell'intervallo $\bar{y} \pm s$. Per ciascuno di questi valori la funzione `log_likelihood()` calcola il valore di log-verosimiglianza. I 100,000 risultati vengono salvati nel vettore `11`.

I vettori `mu` e `11` possono dunque essere usati per disegnare il grafico della funzione di log-verosimiglianza per il parametro μ :

```

tibble(mu, 11) %>%
  ggplot(aes(x = mu, y = 11)) +
  geom_line() +
  vline_at(mean(d$y), color = "gray", linetype = "dashed") +
  labs(
    y = "Log-verosimiglianza",
    x = expression("Parametro" ~ mu)
  )

```



Dalla figura notiamo che, per i dati osservati, il massimo della funzione di log-verosimiglianza calcolata per via numerica, ovvero 30.93, è identico alla media dei dati campionari e corrisponde al risultato teorico della (12.3).

Considerazioni conclusive

La verosimiglianza viene utilizzata sia nell'inferenza bayesiana che in quella frequentista. In entrambi i paradigmi di inferenza, il suo ruolo è quantificare

la forza con la quale i dati osservati supportano i possibili valori dei parametri sconosciuti.

Nella funzione di verosimiglianza i dati (osservati) vengono trattati come fissi, mentre i valori del parametro (o dei parametri) θ vengono variati: la verosimiglianza è una funzione di θ per il dato fisso y . Pertanto, la funzione di verosimiglianza riassume i seguenti elementi: un modello statistico che genera stocasticamente i dati (in questo capitolo abbiamo esaminato due modelli statistici: quello binomiale e quello Normale), un intervallo di valori possibili per θ e i dati osservati y .

Nella statistica frequentista l'inferenza si basa solo sui dati a disposizione e qualunque informazione fornita dalle conoscenze precedenti non viene presa in considerazione. Nello specifico, nella statistica frequentista l'inferenza viene condotta massimizzando la funzione di (log) verosimiglianza, condizionatamente ai valori assunti dalle variabili casuali campionarie. Nella statistica bayesiana, invece, l'inferenza statistica viene condotta combinando la funzione di verosimiglianza con le distribuzioni a priori dei parametri incogniti θ .

La differenza fondamentale tra inferenza bayesiana e frequentista è dunque che i frequentisti non ritengono utile descrivere in termini probabilistici i parametri: i parametri dei modelli statistici vengono concepiti come fissi ma sconosciuti. Nell'inferenza bayesiana, invece, i parametri sconosciuti sono intesi come delle variabili casuali e ciò consente di quantificare in termini probabilistici il nostro grado di interezza relativamente al loro valore.

Inferenza statistica bayesiana

Il problema inverso

In breve

Pensare in termini bayesiani: la credenza a posteriori che attribuiamo ad un'ipotesi, formulata nei termini di un parametro di un modello statistico, dopo avere osservato i dati empirici, costituisce l'aggiornamento delle nostre credenze iniziali sul parametro mediante le informazioni fornite dai dati.

13.1 Inferenza bayesiana come un problema inverso

L'inferenza bayesiana è formulata nei termini di un problema inverso che segue la regola di Bayes (si veda la Sezione 4.1).¹ Per fissare la notazione, nel seguito y rappresenterà le variabili osservate, ovvero i dati, e θ rappresenterà i parametri incogniti di un modello statistico. Sia y che θ sono concepiti come delle variabili casuali. Con x verranno invece denotate le quantità note, come i predittori nel modello di regressione.

Funzioni di probabilità

L'inferenza bayesiana utilizza le seguenti distribuzioni di probabilità (o densità di probabilità):

- la *distribuzione a priori* $p(\theta)$ — la credenza iniziale (prima di avere osservato i dati $Y = y$) riguardo a θ ;

¹Nell'approccio bayesiano non si fa riferimento ad un modello probabilistico $f(y | \theta)$ rappresentativo del fenomeno d'interesse noto a meno del valore assunto dal parametro (o dei parametri) che lo caratterizza. Si fa invece riferimento ad una distribuzione congiunta (di massa o di densità di probabilità) $f(y, \theta)$. Entrambi gli argomenti della funzione y e θ hanno natura di variabili casuali, laddove la nostra incertezza relativa a y è dovuta alla naturale variabilità del fenomeno indagato (*variabilità aleatoria*), mentre la nostra incertezza relativa a θ è dovuta alla mancata conoscenza del suo valore numerico (*variabilità epistemica*).

- la *funzione di verosimiglianza* $p(y | \theta)$ — quanto sono compatibili i dati osservati $Y = y$ con i diversi valori possibili di θ ;
- la *verosimiglianza marginale* $p(y)$ — costante di normalizzazione: qual è la probabilità complessiva di osservare i dati $Y = y$? In termini formali:

$$p(y) = \int_{\Theta} p(y, \theta) d\theta = \int_{\Theta} p(y | \theta) p(\theta) d\theta.$$

- la *distribuzione a posteriori* $p(\theta | y)$ — la nuova credenza relativamente alla credibilità di ciascun valore θ , dopo avere osservato i dati $Y = y$.

La regola di Bayes

Nel contesto di un modello statistico, la formula di Bayes permette di giungere alla distribuzione a posteriori $p(\theta | y)$ per il parametro di interesse θ , come indicato dalla seguente catena di equazioni:

$$p(\theta | y) = \frac{p(\theta, y)}{p(y)} \quad [\text{definizione di probabilità condizionata}] \quad (13.1)$$

$$= \frac{p(y | \theta) p(\theta)}{p(y)} \quad [\text{legge della probabilità composta}] \quad (13.2)$$

$$= \frac{p(y | \theta) p(\theta)}{\int_{\Theta} p(y, \theta) d\theta} \quad [\text{legge della probabilità totale}] \quad (13.3)$$

$$= \frac{p(y | \theta) p(\theta)}{\int_{\Theta} p(y | \theta) p(\theta) d\theta} \quad [\text{legge della probabilità composta}] \quad (13.4)$$

$$\propto p(y | \theta) p(\theta) \quad (13.5)$$

La regola di Bayes “inverte” la probabilità della distribuzione a posteriori $p(\theta | y)$, esprimendola nei termini della funzione di verosimiglianza $p(y | \theta)$ e della distribuzione a priori $p(\theta)$. L’ultimo passo è importante per la stima della distribuzione a posteriori mediante i metodi Monte Carlo a catena di Markov, in quanto per questi metodi richiedono soltanto che le funzioni di probabilità siano definite a meno di una costante di proporzionalità. In altri termini, per la maggior parte degli scopi dell’inferenza inversa, è sufficiente calcolare la densità a posteriori non normalizzata, ovvero è possibile ignorare il denominatore bayesiano $p(y)$. La distribuzione a posteriori non normalizzata, dunque, si riduce al prodotto della varosimiglianza e della distribuzione a priori.

Possiamo dire che la regola di Bayes viene usata per aggiornare le credenze a priori su θ (ovvero, la distribuzione a priori) in modo tale da produrre le nuove credenze a posteriori $p(\theta | y)$ che combinano le informazioni fornite dai dati y con le credenze precedenti. La distribuzione a posteriori riflette dunque l’aggiornamento delle credenze del ricercatore alla luce dei dati.

La (13.5) rende evidente che, in ottica bayesiana, la quantità di interesse θ non è fissata come nell’impostazione frequentista, ma è una variabile casuale la cui distribuzione di probabilità è influenzata sia dalle informazioni a priori sia dai dati a disposizione. In altre parole, nell’approccio bayesiano non esiste un valore vero di θ , ma vogliamo fornire invece un giudizio di probabilità. Prima delle osservazioni, sulla base delle nostre conoscenze assegniamo a θ una distribuzione a priori di probabilità. Dopo le osservazioni, correggiamo il nostro giudizio e

assegniamo a θ una distribuzione a posteriori di probabilità. La distribuzione a posteriori $p(\theta | y)$ contiene tutta l'informazione riguardante il parametro θ e viene utilizzata per produrre indicatori sintetici, per la determinazione di stime puntuali o intervallari, e per la verifica d'ipotesi.

13.2 Inferenza bayesiana

Un esempio di inferenza bayesiana è quello nel quale i dati sono rappresentati da una proporzione. Per questo tipo di dati possiamo adottare il seguente modello statistico

$$y \sim \text{Bin}(n, \theta), \quad (13.6)$$

laddove θ è la probabilità che una prova Bernoulliana assuma il valore 1 e n corrisponde al numero di prove Bernoulliane. Questo modello assume che le prove Bernoulliane y_i che costituiscono il campione y siano tra loro indipendenti e che ciascuna abbia la stessa probabilità $\theta \in [0, 1]$ di essere un “successo” (valore 1). In altre parole, il modello generatore dei dati avrà una funzione di massa di probabilità

$$p(y | \theta) = \text{Bin}(y | n, \theta).$$

Nei capitoli precedenti è stato mostrato come, sulla base del modello binomiale, sia possibile assegnare una probabilità a ciascun possibile valore $y \in \{0, 1, \dots, n\}$ *assumendo noto il valore del parametro θ* . Ma ora abbiamo il problema inverso, ovvero quello di fare inferenza su θ alla luce dei dati campionari y . In altre parole, riteniamo di conoscere il modello probabilistico che ha generato i dati, ma di tale modello non conosciamo i parametri. Nel caso presente, il modello probabilistico è quello binomiale. Noi vogliamo ottenere informazioni sul valore di θ conoscendo il numero y di successi osservati nel campione.

La (13.6) è un *modello statistico*. Tale modello non spiega perché, in ciascuna realizzazione, Y assuma un particolare valore. Questo modello deve piuttosto essere inteso come un costrutto matematico che ha lo scopo di riflettere alcune proprietà del processo corrispondente ad una sequenza di prove Bernoulliane. In questo senso, è simile al modello di Isaac Newton dei moti planetari che utilizza equazioni differenziali. Le equazioni non sono i pianeti, ma solo descrizioni di come si muovono i pianeti in risposta alle forze gravitazionali. Modelli come quello di Newton ci permettono di prevedere alcuni fenomeni, come il moto dei pianeti, ad esempio. Ma in generale i modelli sono solo delle approssimazioni del fenomeno che vogliono descrivere. Anche il modello di Newton, che produce previsioni estremamente accurate di ciò che possiamo osservare a occhio nudo a proposito del moto dei corpi celesti, è solo un'approssimazione dei modelli del moto e dei fenomeni gravitazionali che, in seguito, sono stati introdotti da Albert Einstein. E anche tali modelli successivi sono, a loro volta, solo un caso speciale della più generale teoria della relatività. In altre parole, modelli sempre migliori vengono proposti, laddove ogni successivo modello è migliore di quello precedente in quanto ne migliora le capacità di previsione, è più generale, o è più elegante.

Una parte del lavoro della ricerca in tutte le scienze consiste nel verificare le assunzioni dei modelli e, se necessario, nel migliorare i modelli dei fenomeni considerati. Un modello viene giudicato in relazione al suo obiettivo. Se l'obiettivo del

modello molto semplice che stiamo discutendo è quello di prevedere la proporzione di casi nei quali $y_i = 1$, $i = 1, \dots, n$, allora un modello con un solo parametro come quello che abbiamo introdotto sopra può essere sufficiente. Ma l'evento $y_i = 1$ (supponiamo: superare l'esame di Psicometria, oppure risultare positivi al COVID-19) dipende da molti fattori e se vogliamo rendere conto di una tale complessità, un modello come quello che stiamo discutendo qui certamente non sarà sufficiente.

Per concludere, un modello è un costrutto matematico il cui scopo è quello di rappresentare un qualche aspetto della realtà. Il valore di un tale strumento dipende dalla sua capacità di ottenere lo scopo per cui è stato costruito.

Notazione

Per rappresentare in un modo conciso i modelli statistici viene usata una notazione particolare. Ad esempio, invece di scrivere

$$p(\theta) = \text{Beta}(1, 1),$$

scriviamo:

$$\theta \sim \text{Beta}(1, 1).$$

Il simbolo “ \sim ” viene spesso letto “è distribuito come”. Possiamo anche pensare che significhi che θ costituisce un campione casuale estratto dalla distribuzione Beta(1, 1). Allo stesso modo, per l'esempio presente, la verosimiglianza può essere scritta come:

$$y \sim \text{Bin}(n, \theta).$$

Il problema inverso

Nel modello statistico che stiamo esaminando, il termine n viene trattato come una costante nota e θ come una *variabile casuale*. Il parametro θ del modello rappresenta la probabilità che ciascuna prova Bernoulliana sia un “successo”. Data che θ è incognito, ma abbiamo a disposizione un campione di dati, l'inferenza su θ può essere svolta, mediante la regola di Bayes, costruendo la distribuzione a posteriori $p(\theta | y)$. Una volta ottenuta la distribuzione a posteriori possiamo riasumerla, ad esempio, riportando l'intervallo centrale al 95% della distribuzione di densità, ovvero

$$\Pr \left[0.025 \leq \theta \leq 0.975 \mid Y = y \right].$$

Se vogliamo sapere, per esempio, se la probabilità di $y_i = 1$ sia maggiore di 0.5, possiamo calcolare la probabilità dell'evento

$$\Pr \left[\theta > \frac{1}{2} \mid Y = y \right].$$

Cos'è un parametro del modello?

Il parametro di un modello è un valore che influenza la credibilità dei dati. Ad esempio, il singolo parametro θ del modello binomiale determina la forma della

funzione di verosimiglianza binomiale. Ricordiamo che, per il modello binomiale, la funzione di verosimiglianza è:

$$p(y | \theta, n) = \text{Bin}(y, n, \theta) = \binom{n}{y} \theta^y (1 - \theta)^{n-y}.$$

La distribuzione a priori sui parametri

Quando adottiamo un approccio bayesiano, i parametri non più delle costanti incognite ma delle variabili casuali governate da una propria legge di distribuzione delle probabilità (probabilità a priori). La distribuzione a priori sui valori dei parametri $p(\theta)$ è parte integrante del modello statistico. Ciò implica che due modelli bayesiani possono condividere la stessa funzione di verosimiglianza, ma tuttavia devono essere considerati come modelli diversi se specificano diverse distribuzioni a priori. Ciò significa che, quando diciamo “Modello binomiale”, intendiamo in realtà un’intera classe di modelli, ovvero tutti i possibili modelli che hanno la stessa verosimiglianza ma diverse distribuzioni a priori su θ .

Nell’analisi dei dati bayesiana, la distribuzione a priori $p(\theta)$ codifica le credenze del ricercatore a proposito dei valori dei parametri, prima di avere osservato i dati. Idealmente, le credenze a priori che supportano la specificazione di una distribuzione a priori dovrebbero essere supportate da una qualche motivazione, come ad esempio i risultati di ricerche precedenti, o altre motivazioni giustificabili.

- Quando una nuova osservazione (p. es., vedo un cigno bianco) corrisponde alle mie convinzioni precedenti (p. es., la maggior parte dei cigni sono bianchi) sto rafforzando le mie convinzioni precedenti: più nuove osservazioni (p. es., più cigni bianchi vedo), più forti diventano le mie credenze precedenti.
- Tuttavia, quando una nuova osservazione (p. es., vedo un cigno nero) non corrisponde alle mie convinzioni precedenti, ciò contribuisce a diminuire la certezza delle mie convinzioni precedenti: più nuove osservazioni non corrispondenti raccolgo (p. es., più cigni neri vedo), più deboli diventano le mie convinzioni precedenti. Fondamentalmente, più forti sono le mie credenze precedenti, più osservazioni non corrispondenti (ad esempio, cigni neri) devo raccogliere per cambiarle.

Pertanto, da una prospettiva bayesiana, l’incertezza intorno ai parametri di un modello *dopo* aver visto i dati (ovvero le distribuzioni a posteriori) deve includere anche le credenze precedenti. Se questo modo di ragionare sembra molto intuitivo, non è una coincidenza: vi sono infatti diverse teorie psicologiche che prendono l’aggiornamento bayesiano come modello di funzionamento di diversi processi cognitivi.

Oltre alla motivazione che giustifica una distribuzione a priori, possiamo distinguere tra diverse distribuzioni a priori in base a quanto fortemente impegnano il ricercatore a ritenere come plausibile un particolare intervallo di valori dei parametri. Il caso più estremo è quello che rivela una totale assenza di conoscenze a priori, il che conduce alle *distribuzioni a priori non informative*, ovvero quelle che assegnano lo stesso livello di credibilità a tutti i valori dei parametri.

Le distribuzioni a priori informative, d'altra parte, possono essere *debolmente informative* o *fortemente informative*, a seconda della forza della credenza che esprimono. Il caso più estremo di credenza a priori è quello che riassume il punto di vista del ricercatore nei termini di un *unico valore* del parametro, il che assegna tutta la probabilità (massa o densità) su di un singolo valore di un parametro. Poiché questa non è più una distribuzione di probabilità, sebbene ne soddisfi la definizione, in questo caso si parla di una *distribuzione a priori degenerata*.

La figura seguente mostra esempi di distribuzioni a priori non informative, debolmente o fortemente informative, così come una distribuzione a priori espressa nei termini di un valore puntuale per il modello Binomiale. Le distribuzioni a priori illustrate di seguito sono le seguenti:

- *non informativa* : $\theta_c \sim \text{Beta}(1, 1)$;
- *debolmente informativa* : $\theta_c \sim \text{Beta}(5, 2)$;
- *fortemente informativa* : $\theta_c \sim \text{Beta}(50, 20)$;
- *valore puntuale* : $\theta_c \sim \text{Beta}(\alpha, \beta)$ con $\alpha, \beta \rightarrow \infty$ e $\frac{\alpha}{\beta} = \frac{5}{2}$.

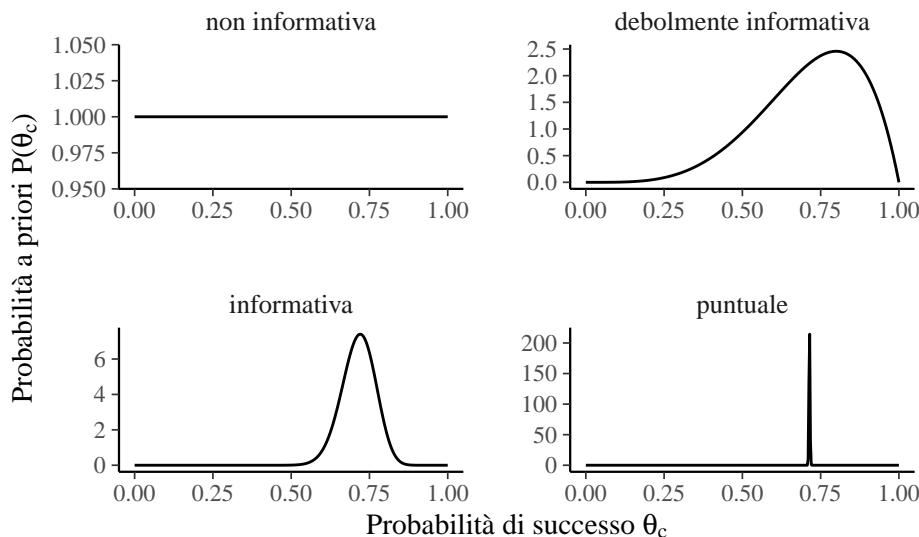


Figura 13.1: Esempi di distribuzioni a priori per il parametro θ_c nel Modello Binomiale.

Scelta della distribuzione a priori

La selezione delle distribuzioni a priori è stata spesso vista come una delle scelte più importanti che un ricercatore fa quando implementa un modello bayesiano in quanto può avere un impatto sostanziale sui risultati finali. La soggettività delle distribuzioni a priori è evidenziata dai critici come un potenziale svantaggio dei metodi bayesiani. A questa critica, van de Schoot et al. (2021) rispondono dicendo che, al di là della scelta delle distribuzioni a priori, ci sono molti elementi del processo di inferenza statistica che sono soggettivi, ovvero la scelta del modello statistico e le ipotesi sulla distribuzione degli errori. In secondo luogo, van de Schoot et al. (2021) notano come le distribuzioni a priori svolgono due importanti ruoli statistici: quello della “regolarizzazione della stima”, ovvero, il processo che porta ad indebolire l'influenza indebita di osservazioni estreme,

e quello del miglioramento dell'efficienza della stima, ovvero, la facilitazione dei processi di calcolo numerico di stima della distribuzione a posteriori. L'effetto della distribuzione a priori sulla distribuzione a posteriori verrà discusso nel Capitolo 15.

13.3 Verosimiglianza marginale

Al denominatore della regola di Bayes abbiamo la verosimiglianza marginale $p(y)$. Tale denominatore è espresso nei termini di un integrale che, tranne in pochi casi particolari, non ha una soluzione analitica.

13.4 La distribuzione a posteriori

Ci sono due metodi principali per calcolare la distribuzione a posteriori $p(\theta | y)$:

- una precisa derivazione matematica formulata nei termini della distribuzione a priori coniugata alla distribuzione a posteriori (si veda il Capitolo 14); tale procedura però ha un'applicabilità molto limitata;
- un metodo approssimato, molto facile da utilizzare in pratica, che dipende da metodi Monte Carlo basati su Catena di Markov (MCMC).

Una volta calcolata la distribuzione a posteriori dobbiamo riassumerla in qualche modo. Questo problema verrà discusso nel Capitolo 19.

Considerazioni conclusive

In base all'approccio bayesiano, invece di dire che il parametro di interesse di un modello statistico ha un valore vero ma sconosciuto, diciamo che, prima di eseguire l'esperimento, è possibile assegnare una distribuzione di probabilità, che chiamano stato di credenza, a quello che è il vero valore del parametro. Questa distribuzione a priori può essere nota (per esempio, sappiamo che la distribuzione dei punteggi del QI è normale con media 100 e deviazione standard 15) o può essere del tutto arbitraria. L'inferenza bayesiana procede poi nel modo seguente: si raccolgono alcuni dati e si calcola la probabilità dei possibili valori del parametro alla luce dei dati osservati e delle credenze a priori. Questa nuova distribuzione di probabilità è chiamata “distribuzione a posteriori” e riassume l'incertezza dell'inferenza.

Distribuzioni a priori coniugate



In breve

Obiettivo di questo Capitolo è fornire un esempio di derivazione della distribuzione a posteriori scegliendo quale distribuzione a priori una distribuzione coniugata. Esamineremo qui il caso più semplice, ovvero il modello Beta-Binomiale.

14.1 Il denominatore bayesiano

In un problema bayesiano i dati y provengono da una distribuzione $p(y | \theta)$ e al parametro θ viene assegnata una distribuzione a priori $p(\theta)$.¹ La scelta della distribuzione a priori ha importanti conseguenze di tipo computazionale. Infatti, a meno di non utilizzare particolari forme analitiche, risulta impossibile ottenere espressioni esplicite per la distribuzione a posteriori. Ciò dipende dall'espressione a denominatore della formula di Bayes

$$p(\theta | y) = \frac{p(\theta)p(y | \theta)}{\int p(\theta)p(y | \theta)d\theta} \quad (14.1)$$

il cui calcolo non è eseguibile in modo analitico in forma chiusa. Per non incorrere in problemi nel calcolo della distribuzione a posteriori vengono usate le distribuzioni provenienti da famiglie coniugate. Una distribuzione di probabilità a priori $p(\theta)$ si dice *coniugata* al modello usato se la distribuzione a priori e la distribuzione a posteriori hanno la stessa forma funzionale. Dunque, le due distribuzioni differiscono solo per il valore dei parametri.

¹La scelta della distribuzione a priori è l'aspetto cruciale dell'impostazione bayesiana in quanto essa è lo strumento attraverso cui le informazioni extra-sperimentali vengono inserite nel procedimento induttivo. La scelta della distribuzione a priori che meglio rappresenta le credenze iniziali implica che agenti diversi possono specificare sia le stesse distribuzioni di probabilità ma con diversi valori dei parametri, sia diverse distribuzioni di probabilità. Da ciò deriva una componente soggettiva.

L'uso di distribuzioni a priori coniugate, pur consentendo di determinare la distribuzione a posteriori per via analitica, limita però di molto le possibili scelte del ricercatore. Nel senso che non è sempre sensato, dal punto di vista teorico, utilizzare distribuzioni a priori coniugate per la verosimiglianza per i parametri di interesse. Detto in altre parole: è possibile ottenere la distribuzione posteriore per via analitica solo per alcune specifiche combinazioni di distribuzione a priori e verosimiglianza, ma questo limita considerevolmente la flessibilità della modellizzazione.²

14.2 Il modello Beta-Binomiale

Per fare un esempio concreto, considereremo qui i dati di Zetsche et al. (2019) – per una descrizione di tale ricerca si veda l'Appendice H. Nel campione dei 30 partecipanti clinici di Zetsche et al. (2019), le aspettative future di 23 partecipanti risultano distorte negativamente e quelle di 7 partecipanti risultano distorte positivamente. Nel seguito, indicheremo con θ la probabilità che le aspettative di un paziente clinico siano distorte negativamente. Ci poniamo il problema di ottenere una stima a posteriori di θ avendo osservato 23 “successi” in 30 prove.³

I dati osservati ($y = 23$) possono essere considerati la manifestazione di una variabile casuale Bernoulliana. In tali circostanze, esiste una famiglia di distribuzioni che, qualora venga scelta per la distribuzione a priori, fa sì che la distribuzione a posteriori abbia la stessa forma funzionale della distribuzione a priori. Questo consente una soluzione analitica dell'integrale che compare a denominatore nella formula di Bayes. Nel caso presente, la famiglia di distribuzioni che ha questa proprietà è la distribuzione Beta.

Parametri della distribuzione Beta

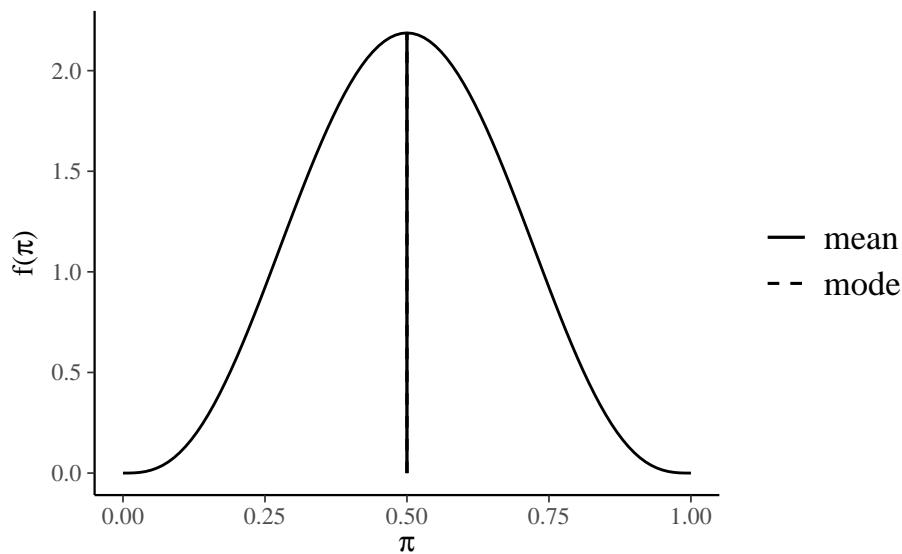
Usando la distribuzione Beta è possibile esprimere diverse credenze iniziali rispetto a θ . La scelta di $\alpha = 4$ e $\beta = 4$ quali parametri per la distribuzione a priori Beta, ad esempio, corrisponde alla credenza a priori che associa all'evento

²Per questa ragione, la strada principale che viene seguita nella modellistica bayesiana è quella che porta a determinare la distribuzione a posteriori non per via analitica, ma bensì mediante metodi numerici. La simulazione fornisce dunque la strategia generale del calcolo bayesiano. A questo fine vengono usati i metodi di campionamento detti Monte-Carlo Markov-Chain (MCMC). Tali metodi costituiscono una potente e praticabile alternativa per la costruzione della distribuzione a posteriori per modelli complessi e consentono di decidere quali distribuzioni a priori e quali distribuzioni di verosimiglianza usare sulla base di considerazioni teoriche soltanto, senza dovere preoccuparsi di altri vincoli. Dato che è basata su metodi computazionalmente intensivi, la stima numerica della funzione a posteriori può essere svolta soltanto mediante software. In anni recenti i metodi bayesiani di analisi dei dati sono diventati sempre più popolari proprio perché la potenza di calcolo necessaria per svolgere tali calcoli è ora alla portata di tutti. Questo non era vero solo pochi decenni fa.

³Si noti un punto importante: dire semplicemente che la stima di θ è uguale a $23/30 = 0.77$ ci porta ad ignorare il livello di incertezza associato a tale stima. Infatti, lo stesso valore (0.77) si può ottenere come $23/30$, o $230/300$, o $2300/3000$, o $23000/30000$, ma l'incertezza di una stima pari a 0.77 è molto diversa nei quattro casi. Quando si traggono conclusioni dai dati è invece necessario quantificare il livello della nostra incertezza relativamente alla stima del parametro di interesse (nel caso presente, θ). Lo strumento ci consente di quantificare tale incertezza è la distribuzione a posteriori $p(\theta | y)$. Ovviamente, $p(\theta | y)$ assume forme molto diverse nei quattro casi descritti sopra.

“presenza di una aspettativa futura distorta negativamente” una grande incertezza: il valore 0.5 è il valore di θ più plausibile, ma anche gli altri valori del parametro (tranne gli estremi) sono ritenuti piuttosto plausibili. Questa distribuzione a priori esprime la credenza che sia egualmente probabile osservare una “aspettativa futura distorta negativamente” oppure non osservarla.

```
library("bayesrules")
plot_beta(alpha = 4, beta = 4, mean = TRUE, mode = TRUE)
```

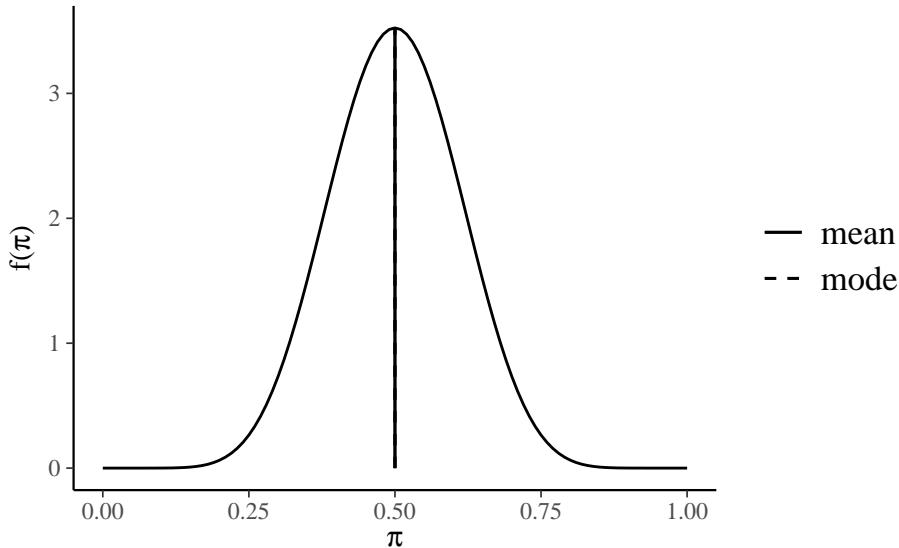


Possiamo quantificare la nostra incertezza calcolando, con un grado di fiducia del 95%, la regione nella quale, in base a tale credenza a priori, si trova il valore del parametro. Per ottenere tale intervallo di credibilità a priori, usiamo la funzione `qbeta()` di R. In `qbeta()` i parametri α e β sono chiamati `shape1` e `shape2`:

```
qbeta(c(0.025, 0.975), shape1 = 4, shape2 = 4)
#> [1] 0.1840516 0.8159484
```

Se scegliamo $\alpha = 10$ e $\beta = 10$ supponiamo ancora a priori che sia tanto plausibile osservare come non osservare una “aspettativa futura distorta negativamente”.

```
plot_beta(alpha = 10, beta = 10, mean = TRUE, mode = TRUE)
```



Ma ora la nostra certezza a priori sul valore del parametro è maggiore, come indicato dall'intervallo al 95%:

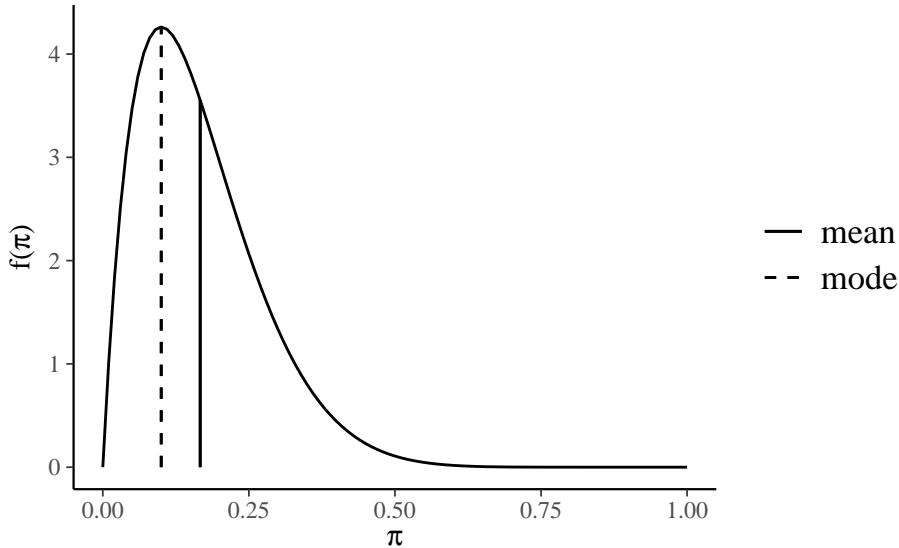
```
qbeta(c(0.025, 0.975), shape1 = 10, shape2 = 10)
#> [1] 0.2886432 0.7113568
```

Quale distribuzione a priori dobbiamo scegliere? In un problema concreto di analisi dei dati, la scelta della distribuzione a priori dipende dalle credenze a priori che vogliamo includere nell'analisi dei dati. Se non abbiamo alcuna informazione a priori, possiamo usare $\alpha = 1$ e $\beta = 1$, che produce una distribuzione a priori uniforme. Questa, tuttavia, è una cattiva idea, se pensiamo al problema della riparametrizzazione. In tali circostanze è invece raccomandato usare una distribuzione a priori vagamente informativa, come Beta(2, 2).

Nella successiva discussione, per fare un esempio, useremo quale distribuzione a priori una Beta(2, 10), ovvero:

$$p(\theta) = \frac{\Gamma(12)}{\Gamma(2)\Gamma(10)}\theta^{2-1}(1-\theta)^{10-1}.$$

```
plot_beta(alpha = 2, beta = 10, mean = TRUE, mode = TRUE)
```



La Beta(2, 10) esprime la credenza che θ assume valori < 0.5 , con il valore più plausibile pari a circa 0.1.

La specificazione della distribuzione a posteriori

Una volta scelta una distribuzione a priori di tipo Beta, i cui parametri rispecchiano le nostre credenze a priori su θ , la distribuzione a posteriori viene specificata dalla formula di Bayes:

$$\text{distribuzione a posteriori} = \frac{\text{verosimiglianza} \cdot \text{distribuzione a priori}}{\text{verosimiglianza marginale}}.$$

Nel caso presente abbiamo

$$p(\theta | n = 30, y = 23) = \frac{\left[\binom{30}{23} \theta^{23} (1 - \theta)^{30-23} \right] \left[\frac{\Gamma(12)}{\Gamma(2)\Gamma(10)} \theta^{2-1} (1 - \theta)^{10-1} \right]}{p(y = 23)},$$

laddove $p(y = 23)$ è $\int_0^1 p(y = 23 | n = 30, \theta) d\theta$. Questo termine, ovvero la verosimiglianza marginale, è una costante di normalizzazione che fa sì che l'area sottesa alla densità a posteriori sia unitaria. Raccogliendo tutte le costanti dell'equazione precedente abbiamo:

$$p(\theta | n = 30, y = 23) = \left[\frac{\binom{30}{23} \frac{\Gamma(12)}{\Gamma(2)\Gamma(10)}}{p(y = 23)} \right] \theta^{23} (1 - \theta)^7 \theta^1 (1 - \theta)^9.$$

Se ignoriamo il termine costante all'interno della parentesi quadra otteniamo:

$$\begin{aligned} p(\theta | n = 30, y = 23) &\propto \theta^{23} (1 - \theta)^7 \theta^1 (1 - \theta)^9 \\ &\propto \theta^{24} (1 - \theta)^{16}. \end{aligned}$$

Il termine di destra dell'equazione precedente corrisponde ad una distribuzione Beta di parametri $\alpha = 25$ e $\beta = 17$. Il risultato così ottenuto individua il

kernel della distribuzione a posteriori, ovvero la distribuzione a posteriori non normalizzata. Infatti, l'area sotto la curva (AUC) non è 1:

```
postFun <- function(theta) {  
  theta^24 * (1 - theta)^16  
}  
(AUC <- integrate(postFun, lower = 0, upper = 1)$value)  
#> [1] 3.880577e-13
```

Per ottenere una distribuzione di densità è necessario includere una costante di normalizzazione. In base alla definizione della distribuzione Beta, tale costante è

$$\frac{\Gamma(a+b)}{\Gamma(a)\Gamma(b)} = \frac{\Gamma(42)}{\Gamma(25)\Gamma(17)}.$$

Questo termine non è altro che l'integrale della distribuzione a posteriori non normalizzata che è stato calcolato in precedenza:

```
postFun <- function(theta) {  
  theta^24 * (1 - theta)^16 / AUC  
}  
integrate(postFun, lower = 0, upper = 1)$value  
#> [1] 1
```

Infatti, l'area sottesa alla funzione

$$p(\theta | n = 30, y = 23) = \frac{\Gamma(42)}{\Gamma(25)\Gamma(17)} \theta^{25-1} (1-\theta)^{17-1} = \text{Beta}(y+a, n-y+b)$$

somma ad 1, ovvero,

```
postFunNor <- function(theta) {  
  factorial(42 - 1) / (factorial(25 - 1) * factorial(17 - 1)) *  
  theta^(25 - 1) * (1 - theta)^(17 - 1)  
}  
(AUC2 <- integrate(postFunNor, lower = 0, upper = 1)$value)  
#> [1] 1
```

Possiamo quindi concludere dicendo che siamo partiti da una verosimiglianza $\text{Bin}(n = 30, y = 23 | \theta)$ e, moltiplicando la verosimiglianza per la distribuzione a priori $\theta \sim \text{Beta}(2, 10)$, abbiamo ottenuto la distribuzione a posteriori $p(\theta | n, y) \sim \text{Beta}(25, 17)$. Questo è un esempio di analisi coniugata: la distribuzione a posteriori del parametro ha la stessa forma funzionale della distribuzione a priori. La presente combinazione di verosimiglianza e distribuzione a priori è chiamata caso coniugato *Beta-Binomiale* ed è descritto dal seguente teorema.

Teorema 14.1. *Sia data la funzione di verosimiglianza $\text{Bin}(n, y | \theta)$ e sia $\text{Beta}(\alpha, \beta)$ una distribuzione a priori. In tali circostanze, la distribuzione a posteriori del parametro θ sarà una distribuzione $\text{Beta}(\alpha + y, \beta + n - y)$.*

In particolare, possiamo calcolare qual è il valore atteso a posteriori di θ . Essendo $\mathbb{E}[\text{Beta}(\alpha, \beta)] = \frac{\alpha}{\alpha+\beta}$, il valore atteso a posteriori di θ sarà

$$\mathbb{E}_{\text{post}}[\text{Beta}(\alpha + y, \beta + n - y)] = \frac{\alpha + y}{\alpha + \beta + n}. \quad (14.2)$$

Esempio 14.1. Per i dati esaminati, usando la 14.1 possiamo ottenere l'intervallo di credibilità a posteriori del 95% per il parametro θ come:

```
qbeta(c(0.025, 0.975), shape1 = 25, shape2 = 17)
#> [1] 0.4450478 0.7368320
```

La media della distribuzione a posteriori è

```
25 / (25 + 17)
#> [1] 0.5952381
```

La moda della distribuzione a posteriori è

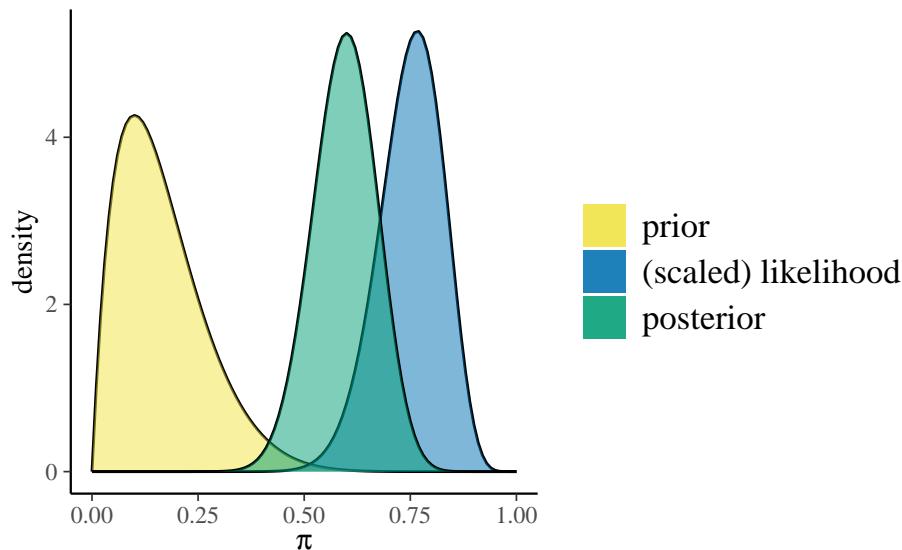
```
(25 - 1) / (25 + 17 - 2)
#> [1] 0.6
```

La deviazione standard della distribuzione a priori è

```
sqrt((25 * 17) / ((25 + 17)^2 * (25 + 17 + 1)))
#> [1] 0.0748533
```

Esempio 14.2. La funzione R `plot_beta_binomial()` del pacchetto `bayesrules` descrive in maniera grafica l'aggiornamento bayesiano Beta-Binomiale:

```
bayesrules::plot_beta_binomial(
  alpha = 2, beta = 10, y = 23, n = 30
)
```



Un sommario delle distribuzioni a priori e a posteriori si ottiene usando la funzione `summarize_beta_binomial()`:

```
bayesrules:::summarize_beta_binomial(  
  alpha = 2, beta = 10, y = 23, n = 30  
)  
#>      model alpha beta      mean mode       var       sd  
#> 1   prior     2    10 0.1666667 0.1 0.010683761 0.1033623  
#> 2 posterior  25    17 0.5952381 0.6 0.005603016 0.0748533
```

Esempio 14.3. Consideriamo un altro esempio discusso da Johnson et al. (2022). Nel 1963, Stanley Milgram presentò una ricerca sulla propensione delle persone a obbedire agli ordini di figure di autorità, anche quando tali ordini possono danneggiare altre persone (Milgram, 1963). Nell'articolo, Milgram descrive lo studio come

consist[ing] of ordering a naive subject to administer electric shock to a victim. A simulated shock generator is used, with 30 clearly marked voltage levels that range from IS to 450 volts. The instrument bears verbal designations that range from Slight Shock to Danger: Severe Shock. The responses of the victim, who is a trained confederate of the experimenter, are standardized. The orders to administer shocks are given to the naive subject in the context of a ‘learning experiment’ ostensibly set up to study the effects of punishment on memory. As the experiment proceeds the naive subject is commanded to administer increasingly more intense shocks to the victim, even to the point of reaching the level marked Danger: Severe Shock.

All'insaputa del partecipante, gli shock elettrici erano falsi e l'attore stava solo fingendo di provare il dolore dello shock.

Johnson et al. (2022) fanno inferenza sui risultati dello studio di Milgram mediante il modello Beta-Binomiale. Il parametro di interesse è θ , la probabilità che una persona obbedisca all'autorità (in questo caso, somministrando lo shock più severo), anche se ciò significa recare danno ad altri. Johnson et al. (2022) ipotizzano che, prima di raccogliere dati, le credenze di Milgram relative a θ possano essere rappresentate mediante una Beta(1, 10). Sia $y = 26$ il numero di soggetti che, sui 40 partecipanti allo studio, aveva accettato di infliggere lo shock più severo. Assumendo che ogni partecipante si comporti indipendentemente dagli altri, possiamo modellare la dipendenza di y da θ usando la distribuzione binomiale. Giungiamo dunque al seguente modello bayesiano Beta-Binomiale:

$$\begin{aligned} y | \theta &\sim \text{Bin}(n = 40, \theta) \\ \theta &\sim \text{Beta}(1, 10). \end{aligned}$$

Usando le funzioni di `bayesrules` possiamo facilmente calcolare i parametri e le proprietà della distribuzione a posteriori:

```

bayesrules:::summarize_beta_binomial(
  alpha = 1, beta = 10, y = 26, n = 40
)
#>      model alpha beta      mean      mode      var
#> 1    prior     1    10 0.09090909 0.0000000 0.006887052
#> 2 posterior   27   24 0.52941176 0.5306122 0.004791057
#>      sd
#> 1 0.08298827
#> 2 0.06921746

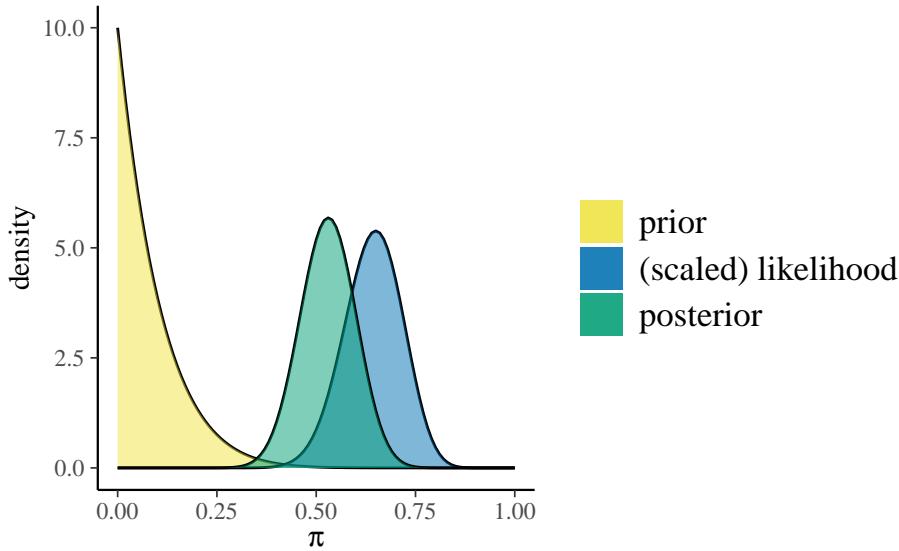
```

Il processo di aggiornamento bayesiano è descritto dalla figura seguente:

```

bayesrules:::plot_beta_binomial(
  alpha = 1, beta = 10, y = 26, n = 40
)

```



14.3 Principali distribuzioni coniugate

Esistono molte altre combinazioni simili di verosimiglianza e distribuzione a priori le quali producono una distribuzione a posteriori che ha la stessa densità della distribuzione a priori. Sono elencate qui sotto le più note coniugazioni tra modelli statistici e distribuzioni a priori.

- Per il modello Normale-Normale $\mathcal{N}(\mu, \sigma_0^2)$, la distribuzione iniziale è $\mathcal{N}(\mu_0, \tau^2)$ e la distribuzione finale è $\mathcal{N}\left(\frac{\mu_0\sigma^2 + \bar{y}n\tau^2}{\sigma^2 + n\tau^2}, \frac{\sigma^2\tau^2}{\sigma^2 + n\tau^2}\right)$.
- Per il modello Poisson-gamma $\text{Po}(\theta)$, la distribuzione iniziale è $\Gamma(\lambda, \delta)$ e la distribuzione finale è $\Gamma(\lambda + n\bar{y}, \delta + n)$.
- Per il modello esponenziale $\text{Exp}(\theta)$, la distribuzione iniziale è $\Gamma(\lambda, \delta)$ e la distribuzione finale è $\Gamma(\lambda + n, \delta + n\bar{y})$.

- Per il modello uniforme-Pareto $U(0, \theta)$, la distribuzione iniziale è $\text{Pa}(\alpha, \varepsilon)$ e la distribuzione finale è $\text{Pa}(\alpha + n, \max(y_{(n)}, \varepsilon))$.

Considerazioni conclusive

Lo scopo di questa discussione è stato quello di mostrare come sia possibile combinare le nostre conoscenze a priori (espresse nei termini di una densità di probabilità) con le evidenze fornite dai dati (espresse nei termini della funzione di verosimiglianza), così da determinare, mediante il teorema di Bayes, una distribuzione a posteriori, la quale condensa l'incertezza che abbiamo sul parametro θ . Per illustrare tale problema, abbiamo considerato una situazione nella quale θ corrisponde alla probabilità di successo in una sequenza di prove Bernoulliane. Abbiamo visto come, in queste circostanze, sia ragionevole esprimere le nostre credenze a priori mediante la densità Beta, con opportuni parametri. L'inferenza rispetto ad una proporzione rappresenta un caso particolare, ovvero un caso nel quale la distribuzione a priori è Beta e la verosimiglianza è Binomiale. In tali circostanze, la distribuzione a posteriori diventa una distribuzione Beta – questo è il cosiddetto modello Beta-Binomiale. Dato che utilizza una distribuzione a priori coniugata, dunque, il modello Beta-Binomiale rende possibile la determinazione analitica dei parametri della distribuzione a posteriori.

L'effetto della distribuzione a priori sulla distribuzione a posteriori

La notazione $p(\theta | y) \propto p(\theta) p(y | \theta)$ rende particolarmente chiaro che la distribuzione a posteriori è un “miscuglio” della distribuzione a priori e della verosimiglianza. Prima di preoccuparci di come calcolare la distribuzione a posteriori, cerchiamo di capire meglio cosa significa “mescolare” la distribuzione a priori e la verosimiglianza. Considereremo qui un esempio fornito da Johnson et al. (2022). Nel fumetto di Alison Bechdel *The Rule*, un personaggio afferma di guardare un film solo se soddisfa le seguenti tre regole (Bechdel, 1986):

- almeno due caratteri nel film devono essere donne;
- queste due donne si parlano;
- parlano di qualcosa altro oltre a parlare di qualche uomo.

Questi criteri costituiscono il *test di Bechdel* per la rappresentazione delle donne nei film. Johnson et al. (2022) pongono la seguente domanda “Quale percentuale dei film che avete visto supera il test di Bechdel?”.

Sia $\pi \in [0, 1]$ una variabile casuale che indica la proporzione sconosciuta di film che superano il test di Bechdel. Tre amiche — la femminista, l’ignara e l’ottimista — hanno opinioni diverse su π . Riflettendo sui film che ha visto, la femminista capisce che nella maggioranza dei film mancano personaggi femminili forti. L’ignara non ricorda bene i film che ha visto, quindi non sa quanti film superano il test di Bechdel. Infine, l’ottimista pensa che, in generale, le donne sono ben rappresentate all’interno dei film: secondo lei quasi tutti i film superano il test di Bechdel. Le tre amiche hanno dunque tre modelli a priori diversi di π .

Abbiamo visto in precedenza come sia possibile usare la distribuzione Beta per rappresentare le credenze a priori. Ponendo la gran parte della massa della probabilità a priori su valori $\pi < 0.5$, la distribuzione a priori Beta(5, 11) riflette il punto di vista femminista secondo il quale la maggioranza dei film non supera il test di Bechdel. Al contrario, la Beta(14, 1) pone la gran parte della massa della

distribuzione a priori su valori π prossimi a 1, e corrisponde quindi alle credenze a priori dell’amica ottimista. Infine, una Beta(1, 1) o $Unif(0, 1)$, assegna lo stesso livello di plausibilità a tutti i valori $\pi \in [0, 1]$, e corrisponde all’incertezza a priori dell’ignara.

Nell’esempio di Johnson et al. (2022), le tre amiche decidano di rivedere un campione di n film e di registrare y , il numero di film che supera il test di Bechdel. Se y corrisponde al numero di “successi” in un numero fisso di n prove Bernoulliane i.i.d., allora la dipendenza di y da π viene specificata nei termini di un modello binomiale. Quindi, per ciascuna delle tre amiche è possibile scrivere un modello Beta-Binomiale

$$\begin{aligned} Y | \pi &\sim \text{Bin}(n, \pi) \\ \pi &\sim \text{Beta}(\alpha, \beta) \end{aligned}$$

che utilizza parametri α e β diversi per la distribuzione a priori, il che conduce a tre diverse distribuzioni a posteriori per il parametro sconosciuto π :

$$\pi | (Y = y) \sim \text{Beta}(\alpha + y, \beta + n - y). \quad (15.1)$$

Johnson et al. (2022) si chiedono come le credenze a priori delle tre amiche influenzano le conclusioni a posteriori a cui esse giungono, dopo avere osservato i dati. Si chiedono inoltre in che modo la dimensione del campione moduli l’influenza della distribuzione a priori sulla distribuzione a posteriori. Per rispondere a queste domande, Johnson et al. (2022) consideriamo tre diversi scenari:

- gli stessi dati osservati, ma distribuzioni a priori diverse;
- dati diversi, ma la stessa distribuzione a priori;
- dati diversi e distribuzioni a priori diverse.

15.1 Stessi dati ma diverse distribuzioni a priori

Iniziamo con lo scenario che descrive il caso in cui abbiamo gli stessi dati ma diverse distribuzioni a priori. Supponiamo che le tre amiche decidano di guardare insieme 20 film selezionati a caso:

```
data(bechdel, package = "bayesrules")
set.seed(84735)
bechdel_20 <- bechdel %>%
  sample_n(20)

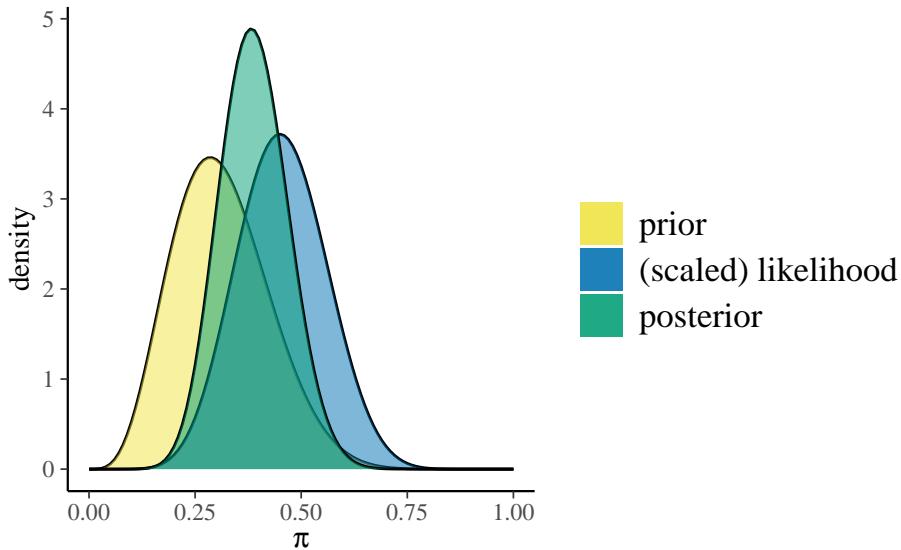
bechdel_20 %>%
  head(3)
#> # A tibble: 3 x 3
#>   year     title    binary
#>   <dbl> <chr>      <chr>
#> 1 2005 King Kong  FAIL
#> 2 1983 Flashdance PASS
#> 3 2013 The Purge  FAIL
```

Di questi 20 film, solo il 45% ($y = 9$) passa il test di Bechdel:

```
bechdel_20 %>%
  janitor::tabyl(binary) %>%
  janitor::adorn_totals("row")
#>   binary  n percent
#>     FAIL 11    0.55
#>     PASS  9    0.45
#>   Total 20    1.00
```

Esaminiamo ora le tre distribuzioni a posteriori. Per la femminista abbiamo:

```
bayesrules:::plot_beta_binomial(
  alpha = 5, beta = 11, y = 9, n = 20
)
```

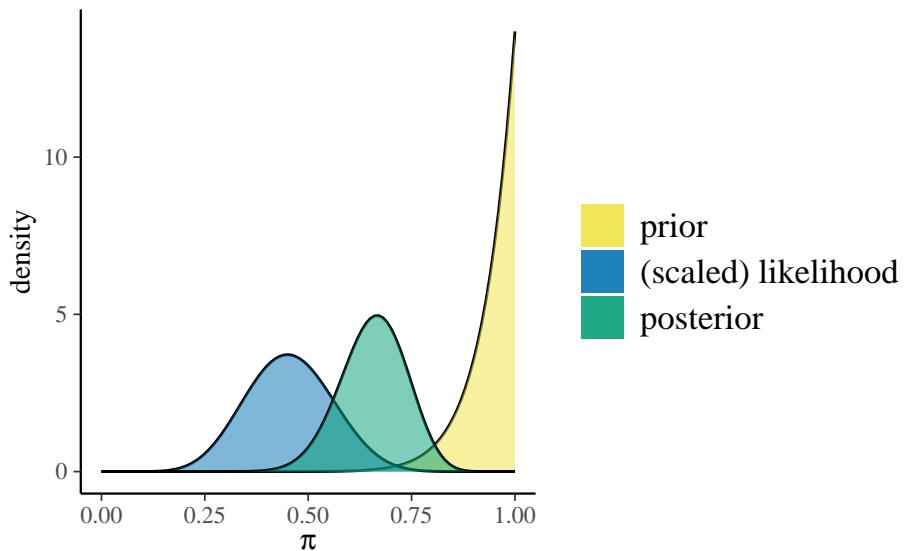


```
bayesrules:::summarize_beta_binomial(
  alpha = 5, beta = 11, y = 9, n = 20
)
#>   model alpha beta      mean      mode      var
#> 1  prior    5   11  0.3125000  0.2857143  0.01263787
#> 2 posterior  14   22  0.3888889  0.3823529  0.00642309
#>   sd
#> 1  0.11241827
#> 2  0.08014418
```

Per l'ottimista abbiamo:

```
bayesrules:::plot_beta_binomial(
  alpha = 14, beta = 1, y = 9, n = 20
)
```

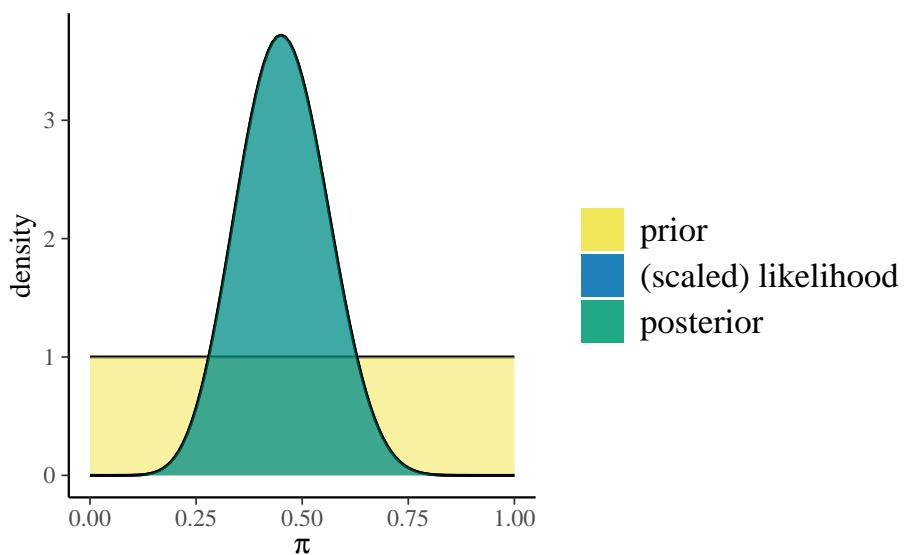
15. L'EFFETTO DELLA DISTRIBUZIONE A PRIORI SULLA DISTRIBUZIONE A POSTERIORI



```
bayesrules:::summarize_beta_binomial(
  alpha = 14, beta = 1, y = 9, n = 20
)
#>      model alpha beta      mean      mode      var
#> 1    prior    14     1 0.9333333 1.0000000 0.003888889
#> 2 posterior   23    12 0.6571429 0.6666667 0.006258503
#>           sd
#> 1 0.06236096
#> 2 0.07911070
```

Infine, per l'ignara troviamo

```
bayesrules:::plot_beta_binomial(
  alpha = 1, beta = 1, y = 9, n = 20
)
```



```
bayesrules:::summarize_beta_binomial(
  alpha = 1, beta = 1, y = 9, n = 20
)
#>   model alpha beta      mean mode      var      sd
#> 1   prior    1     1 0.5000000  NaN 0.08333333 0.2886751
#> 2 posterior 10    12 0.4545455 0.45 0.01077973 0.1038255
```

Per calcolare la distribuzione a posteriori, ho qui usato le funzioni del pacchetto `bayesrules`. Ma nel caso Beta-Binomiale è facile trovarne i parametri della distribuzione a posteriori. Per esempio, nel caso dell'amica femminista, la distribuzione a posteriori è una Beta di parametri

$$\alpha_{post} = \alpha_{prior} + y = 5 + 9 = 14$$

e

$$\beta_{post} = \beta_{prior} + n - y = 11 + 20 - 9 = 22.$$

L'aggiornamento bayesiano indica che le tre amiche ottengono valori per la media (o la moda) a posteriori per π molto diversi. Dunque, anche dopo avere visto 20 film, le tre amiche non si trovano d'accordo su quale sia la proporzione di film che passano il test di Bechdel.

Questo non dovrebbe sorprenderci. L'amica ottimista aveva opinioni molto forti sul valore di π e i pochi nuovi dati che le sono stati forniti non sono riusciti a convincerla a cambiare idea: crede ancora che i valori $\pi > 0.5$ siano i più plausibili. Lo stesso si può dire, all'estremo opposto, dell'amica femminista: anche lei continua a credere che i valori $\pi <= .5$ siano i più plausibili. Infine, l'ignara non aveva nessuna opinione a priori su π e, anche dopo avere visto 20 film, continua a credere che il valore π più plausibile sia quello intermedio, nell'intorno di 0.5.

15.2 Dati diversi ma la stessa distribuzione a priori

Supponiamo ora che l'amica ottimista abbia tre amiche, Maria, Anna e Sara, tutte ottimiste come lei. L'ottimista chiede a Maria, Anna e Sara di fare loro stesse l'esperimento descritto in precedenza. Maria guarda 13 film; di questi 6 passano il test di Bechdel. Anna guarda 63 film; di questi 29 passano il test di Bechdel. Sara guarda 99 film; di questi 46 passano il test di Bechdel.

Supponiamo che Maria, Anna e Sara condividano la stessa credenza a priori su π : ovvero, Beta(14, 1). In tali circostanze e, alla luce dei dati osservati, cosa possiamo dire delle tre distribuzioni a posteriori?

```
p1 <- bayesrules:::plot_beta_binomial(
  alpha = 14, beta = 1, y = 6, n = 13
) + theme(legend.position = "none")

p2 <- bayesrules:::plot_beta_binomial(
  alpha = 14, beta = 1, y = 29, n = 63
) + theme(legend.position = "none")
```

15. L'EFFETTO DELLA DISTRIBUZIONE A PRIORI SULLA DISTRIBUZIONE A POSTERIORI

```
p3 <- bayesrules:::plot_beta_binomial(
  alpha = 14, beta = 1, y = 46, n = 99
) + theme(legend.position = "none")

p1 + p2 + p3
```

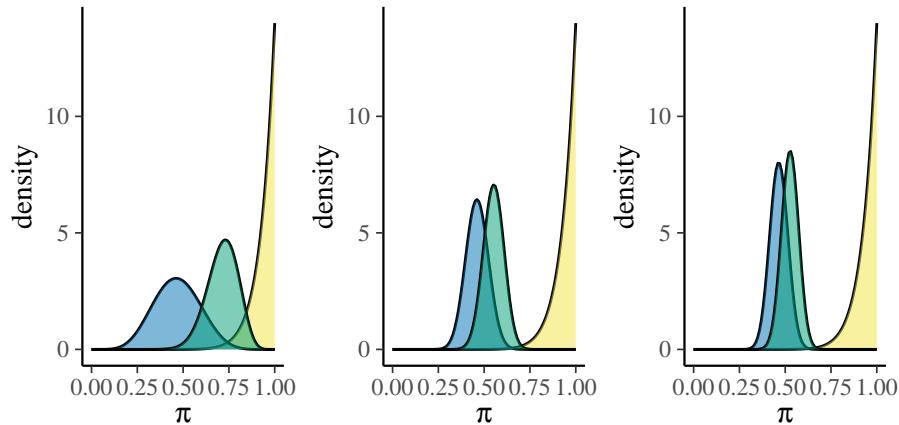


Figura 15.1: Aggiornamento bayesiano per Maria, Anna e Sara.

Notiamo due cose. All'aumentare delle informazioni disponibili (ovvero, all'aumentare dell'ampiezza del campione), la distribuzione a posteriori si allontana sempre di più dalla distribuzione a priori, e si avvicina sempre di più alla verosimiglianza. In secondo luogo, all'aumentare dell'ampiezza del campione la varianza della distribuzione a posteriori diminuisce sempre di più — ovvero, diminuisce l'incertezza su quelli che sono i valori π più plausibili.

15.3 Dati diversi e diverse distribuzioni a priori

Nella figura successiva esaminiamo le distribuzioni a posteriori che si ottengono incrociando tre diversi set di dati ($y = 6, n = 13$; $y = 29, n = 63$; $y = 66, n = 99$) con tre diverse distribuzioni a priori [$\text{Beta}(14, 1)$, $\text{Beta}(5, 11)$, $\text{Beta}(1, 1)$].

```
p1 <- bayesrules:::plot_beta_binomial(
  alpha = 14, beta = 1, y = 6, n = 13
) + theme(legend.position = "none")

p2 <- bayesrules:::plot_beta_binomial(
  alpha = 14, beta = 1, y = 29, n = 63
) + theme(legend.position = "none")

p3 <- bayesrules:::plot_beta_binomial(
  alpha = 14, beta = 1, y = 46, n = 99
) + theme(legend.position = "none")

p4 <- bayesrules:::plot_beta_binomial(
```

```

alpha = 5, beta = 11, y = 6, n = 13
) + theme(legend.position = "none")

p5 <- bayesrules:::plot_beta_binomial(
  alpha = 5, beta = 11, y = 29, n = 63
) + theme(legend.position = "none")

p6 <- bayesrules:::plot_beta_binomial(
  alpha = 5, beta = 11, y = 46, n = 99
) + theme(legend.position = "none")

p7 <- bayesrules:::plot_beta_binomial(
  alpha = 1, beta = 1, y = 6, n = 13
) + theme(legend.position = "none")

p8 <- bayesrules:::plot_beta_binomial(
  alpha = 1, beta = 1, y = 29, n = 63
) + theme(legend.position = "none")

p9 <- bayesrules:::plot_beta_binomial(
  alpha = 1, beta = 1, y = 46, n = 99
) + theme(legend.position = "none")

(p1 + p2 + p3) / (p4 + p5 + p6) / (p7 + p8 + p9)

```

La figura indica che, se il campione è grande, una distribuzione a priori debolmente informativa ha uno scarso effetto sulla distribuzione a posteriori. Invece, se il campione è piccolo, anche una distribuzione a priori debolmente informativa ha un grande effetto sulla distribuzione a posteriori.

La conclusione che possiamo trarre dall'esempio di Johnson et al. (2022) è molto chiara: l'aggiornamento bayesiano può essere paragonato ai processi di ragionamento del senso comune. Quando le evidenze (i dati) sono deboli, non c'è ragione di cambiare idea (le nostre credenze “a posreriori” sono molto simili a ciò che pensavamo prima di avere osservato i dati). Quando le evidenze sono irrefutabili, dobbiamo cambiare idea, ovvero modellare le nostre credenze su ciò che dicono i dati, quali che siano le nostre credenze pregresse — non fare ciò significherebbe vivere in un mondo di fantasia e avere scarsissime possibilità di sopravvivere nel mondo empirico. L'aggiornamento bayesiano esprime in maniera quantitativa e precisa ciò che ci dicono le nostre intuizioni.

Incredibilmente, però, l'approccio frequentista nega questa logica. I test frequentisti non tengono conto delle conoscenze pregresse. Dunque, se un test frequentista, calcolato su un piccolo campione (ovvero, quando i dati sono molto deboli), suggerisce che dovremmo farci un'opinione di un certo tipo sul fenomeno in esame, l'indicazione è di prendere seriamente il risultato del test *quali siano le evidenze precedenti* — le quali, possibilmente, mostrano che il risultato del test non ha alcun senso. È sorprendente che un tale modo di pensare possa essere preso sul serio nella comunità scientifica, ma vi sono alcuni ricercatori che continuano a seguire questo modo di (s)ragionare.

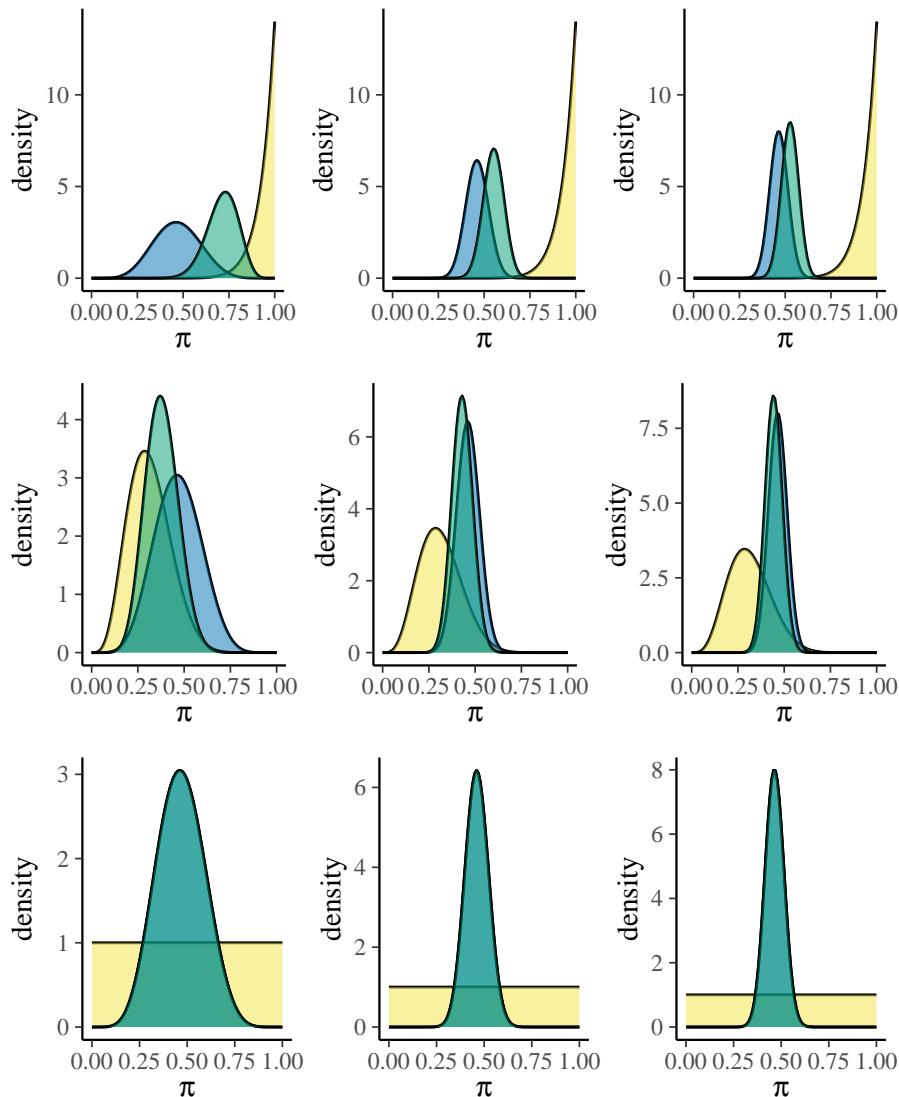


Figura 15.2: Sulle colonne (a partire da sinistra) i dati utilizzati sono, rispettivamente, ($y = 6, n = 13$), ($y = 29, n = 63$) e ($y = 66, n = 99$). Sulle righe (a partire dall'alto), le distribuzioni a priori usate sono: $\text{Beta}(14, 1)$, $\text{Beta}(5, 11)$ e $\text{Beta}(1, 1)$.

15.4 Collegare le intuizioni alla teoria

Il compromesso che abbiamo osservato nell'esempio precedente, che combina la distribuzione a priori con le evidenze fornite dai dati, è molto vicino alle nostre intuizioni. Ma è anche il frutto di una necessità matematica. È infatti possibile riscrivere la (14.2) nel modo seguente

$$\begin{aligned} \mathbb{E}_{\text{post}}[\text{Beta}(\alpha + y, \beta + n - y)] &= \frac{\alpha + y}{\alpha + \beta + n} \\ &= \frac{a + b}{a + b + n} \cdot \frac{a}{a + b} + \frac{n}{a + b + n} \cdot \frac{y}{n}. \end{aligned} \quad (15.2)$$

Ciò indica che il valore atteso a posteriori è una media pesata fra il valore atteso a priori ($\frac{\alpha}{\alpha+\beta}$) e la frequenze di successi osservata ($\frac{y}{n}$). I pesi sono ($\frac{\alpha+\beta}{\alpha+\beta+n}$)

e $\left(\frac{n}{\alpha+\beta+n}\right)$. Quindi, quando n è grande rispetto ad $\alpha + \beta$, conta molto quanto abbiamo osservato e conta poco la credenza a priori. Viceversa, quando n è piccolo rispetto a $\alpha + \beta$, le osservazioni contano poco rispetto alla credenza a priori.

Queste osservazioni ci fanno capire come scegliere i parametri α e β : se vogliamo assumere una totale ignoranza rispetto al fenomeno in esame, la scelta coerente è $\alpha = \beta = 1$ (ogni valore di θ è ugualmente probabile); se invece abbiamo delle credenze a priori, allora possiamo scegliere α così che sia uguale al valore atteso a priori, mentre $\alpha + \beta$ esprime l'importanza che diamo all'informazione a priori: maggiore è il valore di $\alpha + \beta$, tanti più dati serviranno per allontanare la distribuzione a posteriori dalla distribuzione a priori. Se n è grande, infine, la distribuzione a posteriori sarà scarsamente influenzata dalla distribuzione a priori, a meno di scelte estreme.

Approssimazione della distribuzione a posteriori

In breve

La distribuzione a posteriori può essere approssimata con il metodo basato su griglia. A causa della maledizione della dimensionalità, tuttavia, questo metodo è di utilità limitata. I metodi Monte Carlo a catena di Markov consentono invece di trovare sempre una soluzione a questo problema. Esamineremo qui l'algoritmo di Metropolis.

In generale, in un problema bayesiano i dati y provengono da una densità $p(y | \theta)$ e al parametro θ viene assegnata una densità a priori $p(\theta)$. Dopo avere osservato un campione $Y = y$, la funzione di verosimiglianza è uguale a $\mathcal{L}(\theta) = p(y | \theta)$ e la densità a posteriori diventa

$$p(\theta | y) = \frac{p(\theta)\mathcal{L}(\theta)}{\int p(\theta)\mathcal{L}(\theta)d\theta}. \quad (16.1)$$

Si noti che, quando usiamo il teorema di Bayes per calcolare la distribuzione a posteriori del parametro di un modello statistico, al denominatore troviamo un integrale. Se vogliamo trovare la distribuzione a posteriori con metodi analitici è necessario usare distribuzioni a priori coniugate per la verosimiglianza. Per quanto “semplice” in termini formali, questo approccio, però, limita di molto le possibili scelte del ricercatore. Nel senso che non è sempre sensato, dal punto di vista teorico, utilizzare distribuzioni a priori coniugate per la verosimiglianza per i parametri di interesse. Però, se usiamo delle distribuzioni a priori non coniugate per la verosimiglianza, ci troviamo in una condizione nella quale, per determinare la distribuzione a posteriori, è necessario calcolare un integrale che, nella maggior parte dei casi, non si può risolvere analiticamente. In altre parole: è possibile ottenere analiticamente la distribuzione a posteriori solo per alcune specifiche combinazioni di distribuzioni a priori e verosimiglianza, il che limita considerevolmente la flessibilità della modellizzazione.

Inoltre, i sommari della distribuzione a posteriori sono espressi come rapporto di integrali. Ad esempio, la media a posteriori di θ è data da

$$\mathbb{E}(\theta | y) = \frac{\int \theta p(\theta) \mathcal{L}(\theta) d\theta}{\int p(\theta) \mathcal{L}(\theta) d\theta}. \quad (16.2)$$

Il calcolo del valore atteso a posteriori richiede dunque la valutazione di due integrali, ciascuno dei quali non esprimibile in forma chiusa. Per questa ragione, la strada principale che viene seguita nella modellistica bayesiana è quella che porta a determinare la distribuzione a posteriori non per via analitica, ma bensì mediante metodi numerici. La simulazione fornisce dunque la strategia generale del calcolo bayesiano.

A questo fine vengono usati i metodi di campionamento detti Monte-Carlo Markov-Chain (MCMC). Tali metodi costituiscono una potente e praticabile alternativa per la costruzione della distribuzione a posteriori per modelli complessi e consentono di decidere quali distribuzioni a priori e quali distribuzioni di verosimiglianza usare sulla base di considerazioni teoriche soltanto, senza dovere preoccuparsi di altri vincoli.

Dato che è basata su metodi computazionalmente intensivi, la stima numerica della funzione a posteriori può essere svolta soltanto mediante software. In anni recenti i metodi Bayesiani di analisi dei dati sono diventati sempre più popolari proprio perché la potenza di calcolo necessaria per svolgere tali calcoli è ora alla portata di tutti. Questo non era vero solo pochi decenni fa.

In questo Capitolo vedremo come sia possibile calcolare in maniera approssimata la distribuzione a posteriori. Presenteremo tre diverse tecniche che possono essere utilizzate a questo scopo:

1. il metodo basato su griglia,
2. il metodo dell'approssimazione quadratica,
3. il metodo di Monte Carlo basato su Catena di Markov (MCMC).

16.1 Metodo basato su griglia

Il metodo basato su griglia (*grid-based*) è un metodo di approssimazione numerica basato su una griglia di punti uniformemente spaziati. Anche se la maggior parte dei parametri è continua (ovvero, in linea di principio ciascun parametro può assumere un numero infinito di valori), possiamo ottenere un'eccellente approssimazione della distribuzione a posteriori considerando solo una griglia finita di valori dei parametri. In un tale metodo, la densità di probabilità a posteriori può dunque essere approssimata tramite le densità di probabilità calcolate in ciascuna cella della griglia.

Il metodo basato su griglia si sviluppa in quattro fasi:

- Fissare una griglia discreta di possibili valori θ .¹
- Valutare la distribuzione a priori $p(\theta)$ e la funzione di verosimiglianza $\mathcal{L}(y | \theta)$ in corrispondenza di ciascun valore θ della griglia.

¹È chiaro che, per ottenere buone approssimazioni, è necessaria una griglia molto densa.

- Ottenere un'approssimazione discreta della densità a posteriori: (a) calcolare il prodotto $p(\theta)\mathcal{L}(y | \theta)$ per ciascun valore θ della griglia; e (b) normalizzare i prodotti così ottenuti in modo tale che la loro somma sia 1.
- Selezionare N valori casuali della griglia in modo tale da ottenere un campione casuale delle densità a posteriori normalizzate.

Modello Beta-Binomiale

Supponiamo di avere osservato 9 successi in 10 prove Bernoulliane indipendenti.² Imponiamo alla distribuzione a priori su θ (probabilità di successo in una singola prova) una Beta(2, 2) per descrivere la nostra incertezza sul parametro prima di avere osservato i dati. Dunque, il modello diventa:

$$\begin{aligned} Y | \theta &\sim \text{Bin}(10, \pi) \\ \theta &\sim \text{Beta}(2, 2). \end{aligned} \quad (16.3)$$

In queste circostanze, l'aggiornamento bayesiano produce una distribuzione a posteriori Beta di parametri 11 ($y + \alpha = 9 + 2$) e 3 ($n - y + \beta = 10 - 9 + 2$):

$$\theta | (y = 9) \sim \text{Beta}(11, 3). \quad (16.4)$$

Per approssimare la distribuzione a posteriori, fissiamo una griglia di $n = 6$ valori equispaziati: $\theta \in \{0, 0.2, 0.4, 0.6, 0.8, 1\}$ (in seguito aumenteremo n):

```
grid_data <- tibble(
  theta_grid = seq(from = 0, to = 1, length = 6)
)
```

In corrispondenza di ciascun valore della griglia, valutiamo la distribuzione a priori Beta(2, 2) e la verosimiglianza Bin(10, θ) con $y = 9$.

```
grid_data <- grid_data %>%
  mutate(
  prior = dbeta(theta_grid, 2, 2),
  likelihood = dbinom(9, 10, theta_grid)
)
```

In ciascuna cella della griglia, calcoliamo il prodotto della verosimiglianza e della distribuzione a priori. Troviamo così un'approssimazione discreta e non normalizzata della distribuzione a posteriori (`unnormlized`). Normalizziamo poi questa approssimazione dividendo ciascun valore del vettore `unnormlized` per la somma di tutti i valori del vettore:

```
grid_data <- grid_data %>%
  mutate(
  unnormlized = likelihood * prior,
  posterior = unnormlized / sum(unnormlized)
)
```

²La discussione del modello Beta-Binomiale segue molto da vicino la presentazione di Johnson et al. (2022) utilizzando anche lo stesso codice R.

La somma dei valori così trovati è uguale a 1:

```
grid_data %>%
  summarize(
    sum(unnormalized),
    sum(posterior)
  )
#> # A tibble: 1 × 2
#>   `sum(unnormalized)` `sum(posterior)`
#>           <dbl>          <dbl>
#> 1            0.318           1
```

Abbiamo dunque ottenuto la seguente distribuzione a posteriori discretizzata $p(\theta | y)$:

```
round(grid_data, 2)
#> # A tibble: 6 × 5
#>   theta_grid prior likelihood unnormalized posterior
#>   <dbl> <dbl>      <dbl>      <dbl>      <dbl>
#> 1     0     0         0         0         0
#> 2     0.2   0.96     0         0         0
#> 3     0.4   1.44     0         0         0.01
#> 4     0.6   1.44     0.04      0.06      0.18
#> 5     0.8   0.96     0.27      0.26      0.81
#> 6     1     0         0         0         0
```

La figura 16.1 mostra un grafico della distribuzione a posteriori discretizzata che è stata ottenuta:

```
grid_data %>%
  ggplot(
    aes(x = theta_grid, y = posterior)
  ) +
  geom_point() +
  geom_segment(
    aes(
      x = theta_grid,
      xend = theta_grid,
      y = 0,
      yend = posterior
    )
  )
```

L'ultimo passo della simulazione è il campionamento dalla distribuzione a posteriori discretizzata:

```
set.seed(84735)
post_sample <- sample_n(
```

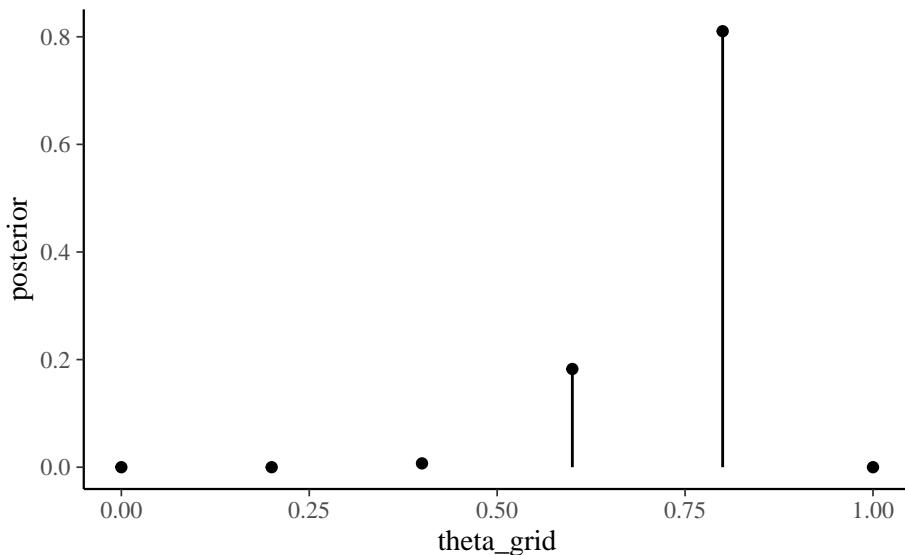


Figura 16.1: Distribuzione a posteriori discretizzata ottenuta con il metodo grid-based per $y = 9$ successi in 10 prove Bernoulliane, con distribuzione a priori Beta(2, 2). È stata utilizzata una griglia di solo $n = 6$ punti.

```
grid_data,
size = 1e5,
weight = posterior,
replace = TRUE
)
```

È facile intuire che i valori estratti con rimessa dalla distribuzione a posteriori discretizzata saranno quasi sempre uguali a 0.6 o 0.8. Questa intuizione è confermata dal grafico 16.2 a cui è stata sovrapposta la vera distribuzione a posteriori Beta(11, 3):

```
ggplot(post_sample, aes(x = theta_grid)) +
  geom_histogram(aes(y = ..density..), color = "white") +
  stat_function(fun = dbeta, args = list(11, 3)) +
  lims(x = c(0, 1))
```

La figura 16.2 mostra che, con una griglia così sparsa abbiamo ottenuto una versione estremamente approssimata della vera distribuzione a posteriori. Possiamo ottenere un risultato migliore con una griglia più densa, come indicato nella figura 16.3:

```
grid_data <- tibble(
  theta_grid = seq(from = 0, to = 1, length.out = 100)
)
grid_data <- grid_data %>%
  mutate(
  prior = dbeta(theta_grid, 2, 2),
  likelihood = dbinom(9, 10, theta_grid)
```

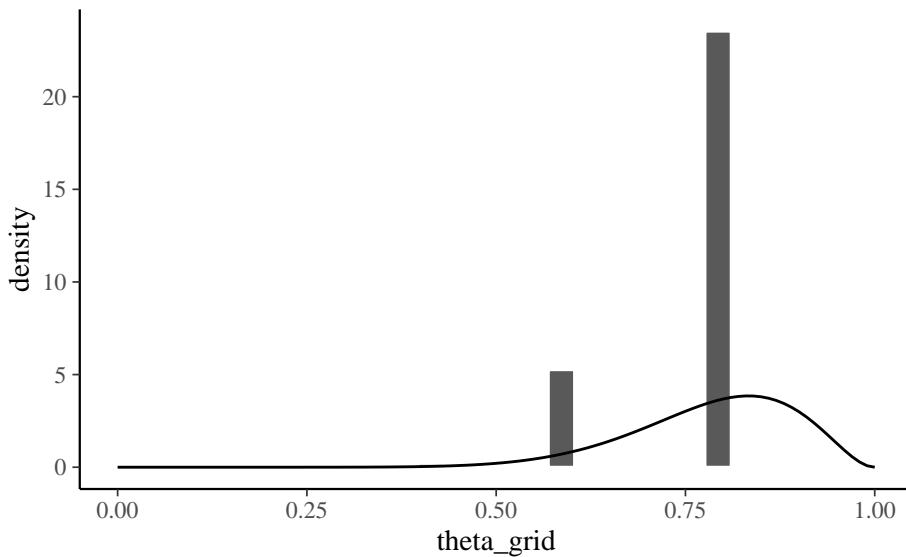


Figura 16.2: Campionamento dalla distribuzione a posteriori discretizzata ottenuta con il metodo grid-based per $y = 9$ successi in 10 prove Bernoulliane, con distribuzione a priori Beta(2, 2). È stata utilizzata una griglia di solo $n = 6$ punti.

```
)  
grid_data <- grid_data %>%  
  mutate(  
    unnormalized = likelihood * prior,  
    posterior = unnormalized / sum(unnormalized)  
)  
grid_data %>%  
  ggplot(  
    aes(x = theta_grid, y = posterior)  
) +  
  geom_point() +  
  geom_segment(  
    aes(  
      x = theta_grid,  
      xend = theta_grid,  
      y = 0,  
      yend = posterior  
)  
)
```

Campioniamo ora 10000 punti:

```
# Set the seed  
set.seed(84735)  
post_sample <- sample_n(  
  grid_data,  
  size = 1e4,  
  weight = posterior,
```

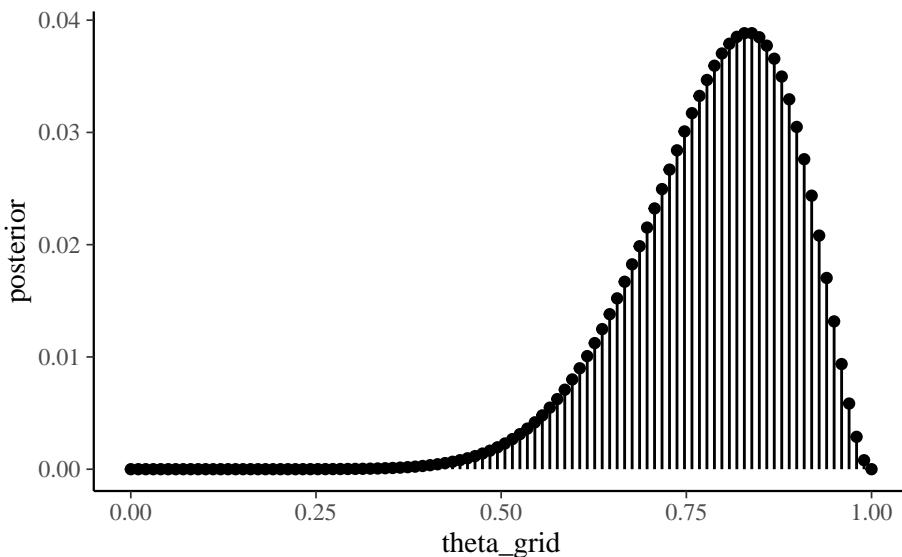


Figura 16.3: Distribuzione a posteriori discretizzata ottenuta con il metodo grid-based per $y = 9$ successi in 10 prove Bernoulliane, con distribuzione a priori Beta(2, 2). È stata utilizzata una griglia di $n = 100$ punti.

```
replace = TRUE
)
```

Con il campionamento dalla distribuzione a posteriori discretizzata costruita mediante una griglia più densa ($n = 100$) otteniamo un risultato soddisfacente (figura 16.4): la distribuzione dei valori prodotti dalla simulazione ora approssima molto bene la corretta distribuzione a posteriori $p(\theta | y) = \text{Beta}(11, 3)$.

```
post_sample %>%
  ggplot(aes(x = theta_grid)) +
  geom_histogram(
    aes(y = ..density..),
    color = "white",
    binwidth = 0.05
  ) +
  stat_function(fun = dbeta, args = list(11, 3)) +
  lims(x = c(0, 1))
```

Possiamo concludere dicendo che il metodo basato su griglia è molto intuitivo e non richiede particolari competenze di programmazione per essere implementato. Inoltre, fornisce un risultato che, per tutti gli scopi pratici, può essere considerato come un campione casuale estratto da $p(\theta | y)$. Tuttavia, anche se tale metodo fornisce risultati accuratissimi, esso ha un uso limitato. A causa della *maledizione della dimensionalità*³, infatti, il metodo basato su griglia può essere

³Che cos'è la *maledizione della dimensionalità*? È molto facile da capire. Supponiamo di utilizzare una griglia di 100 punti equispaziati. Nel caso di un solo parametro, sarà necessario calcolare 100 valori. Per due parametri devono essere calcolati 100^2 valori. Ma già per 10 parametri avremo bisogno di calcolare 10^{10} valori – è facile capire che una tale quantità di

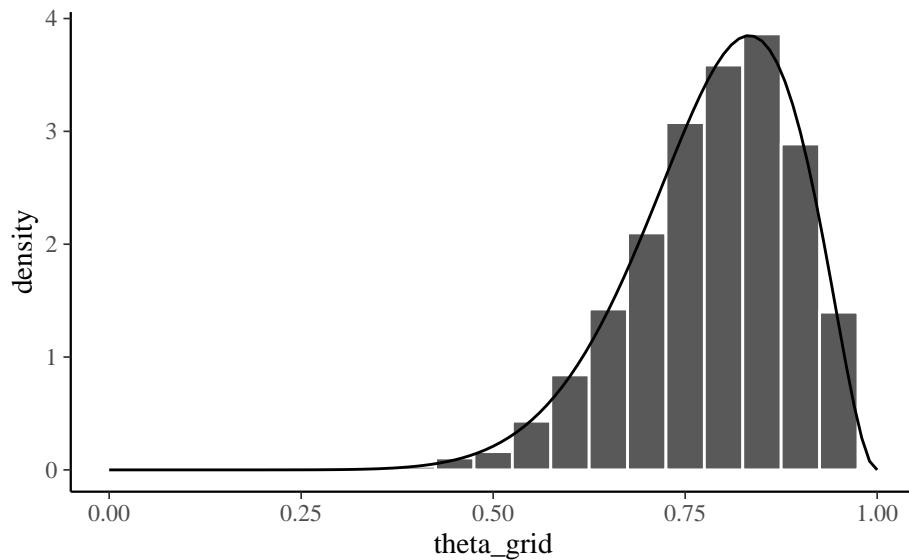


Figura 16.4: Campionamento dalla distribuzione a posteriori discretizzata ottenuta con il metodo grid-based per $y = 9$ successi in 10 prove Bernoulliane, con distribuzione a priori Beta(2, 2). È stata utilizzata una griglia di $n = 100$ punti. All'istogramma è stata sovrapposta la corretta distribuzione a posteriori, ovvero la densità Beta(11, 3).

solo usato nel caso di semplici modelli statistici, con non più di due parametri. Nella pratica concreta tale metodo viene dunque sostituito da altre tecniche più efficienti in quanto, anche nei più comuni modelli utilizzati in psicologia, vengono solitamente stimati centinaia se non migliaia di parametri.

16.2 Approssimazione quadratica

L'approssimazione quadratica è uno dei metodi che possono essere usati per superare il problema della “maledizione della dimensionalità”. La motivazione di tale metodo è la seguente. Sappiamo che, in generale, la regione della distribuzione a posteriori che si trova in prossimità del suo massimo può essere ben approssimata dalla forma di una distribuzione Normale.⁴

L'approssimazione quadratica si pone due obiettivi.

1. Trovare la moda della distribuzione a posteriori. Ci sono varie procedure di ottimizzazione, implementate in R, in grado di trovare il massimo di una distribuzione.
2. Stimare la curvatura della distribuzione in prossimità della moda. Una stima della curvatura è sufficiente per trovare un'approssimazione quadratica dell'intera distribuzione. In alcuni casi, questi calcoli possono essere

calcoli è troppo grande anche per un computer molto potente. Per modelli che richiedono la stima di un numero non piccolo di parametri è dunque necessario procedere in un altro modo.

⁴Descrivere la distribuzione a posteriori mediante la distribuzione Normale significa utilizzare un'approssimazione che viene, appunto, chiamata “quadratica” (tale approssimazione si dice quadratica perché il logaritmo di una distribuzione gaussiana forma una parabola e la parabola è una funzione quadratica – dunque, mediante questa approssimazione descriviamo il logaritmo della distribuzione a posteriori mediante una parabola).

fatti seguendo una procedura analitica, ma solitamente vengono usate delle tecniche numeriche.

Una descrizione della distribuzione a posteriori ottenuta mediante l'approssimazione quadratica si ottiene mediante la funzione `quap()` contenuta nel pacchetto `rethinking`:⁵

```
suppressPackageStartupMessages(library("rethinking"))

mod <- quap(
  alist(
    N ~ dbinom(N + P, p), # verosimiglianza binomiale
    p ~ dbeta(2, 10) # distribuzione a priori Beta(2, 10)
  ),
  data = list(N = 23, P = 7)
)
```

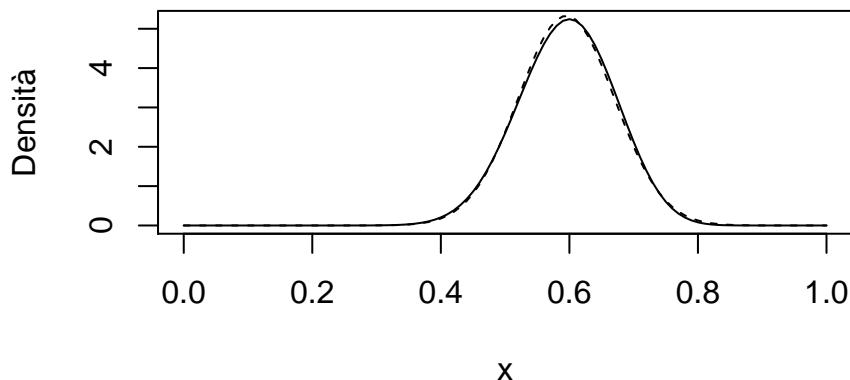
Un sommario dell'approssimazione quadratica è fornito da

```
precis(mod, prob = 0.95)
#>      mean       sd     2.5%     97.5%
#> p 0.5999999 0.0774593 0.4481824 0.7518173
```

Qui sotto è fornito un confronto tra la corretta distribuzione a posteriori (linea continua) e l'approssimazione quadratica (linea tratteggiata).

```
N <- 23
P <- 7
a <- N + 2
b <- P + 10
curve(dbeta(x, a, b), from = 0, to = 1, ylab = "Densità")
# approssimazione quadratica
curve(
  dnorm(x, a / (a + b), sqrt((a * b) / ((a + b)^2 * (a + b + 1)))), 
  lty = 2,
  add = TRUE
)
```

⁵Il pacchetto `rethinking` è stato creato da McElreath (2020) per accompagnare il suo testo *Statistical Rethinking*². Per l'installazione si veda <https://github.com/rmcelreath/rethinking>.



Il grafico precedente mostra che l'approssimazione quadratica fornisce risultati soddisfacenti. Tali risultati sono simili (o identici) a quelli ottenuti con il metodo *grid-based*, con il vantaggio aggiuntivo di disporre di una serie di funzioni R in grado di svolgere i calcoli per noi. In realtà, però, l'approssimazione quadratica è poco usata perché, per problemi complessi, è più conveniente fare ricorso ai metodi Monte Carlo basati su Catena di Markov (MCMC) che verranno descritti nel Paragrafo successivo.

16.3 Metodo Monte Carlo

Una verosimiglianza Binomiale e una distribuzione a priori Beta producono una distribuzione a posteriori Beta (si veda il capitolo 14.2). Con una simulazione R è dunque facile ricavare dei campioni causali dalla distribuzione a posteriori. Maggiore è il numero di campioni, migliore sarà l'approssimazione della distribuzione a posteriori.

Continuando con l'esempio precedente,

$$\begin{aligned}y &| \theta, n \sim \text{Bin}(y = 23, n = 30 | \theta) \\ \theta_{prior} &\sim \text{Beta}(2, 10) \\ \theta_{post} &\sim \text{Beta}(y + a = 23 + 2 = 25, n - y + b = 30 - 23 + 10 = 17),\end{aligned}$$

stimiamo, ad esempio, il valore della media a posteriori di θ :

```
set.seed(7543897)
print(mean(rbeta(1e2, shape1 = 25, shape2 = 17)), 6)
#> [1] 0.587548
```

L'approssimazione migliora all'aumentare del numero di campioni estratto dalla distribuzione a posteriori:

```
print(mean(rbeta(1e3, shape1 = 25, shape2 = 17)), 6)
#> [1] 0.597659
```

```
print(mean(rbeta(1e4, shape1 = 25, shape2 = 17)), 6)
#> [1] 0.595723
```

```
print(mean(rbeta(1e5, shape1 = 25, shape2 = 17)), 6)
#> [1] 0.595271
```

È lo stesso ragionamento che abbiamo fatto in riferimento alla relazione tra campione e popolazione: al crescere della numerosità campionaria il campione approssima sempre meglio le proprietà della popolazione da cui è stato estratto (legge dei grandi numeri). Nel caso presente, il risultato esatto è

$$\bar{\theta}_{post} = \frac{\alpha}{\alpha + \beta} = \frac{25}{25 + 17} \approx 0.5952.$$

Quando il numero di campioni tratti dalla distribuzione a posteriori è molto grande, quindi, la distribuzione dei campioni converge alla densità della popolazione (si veda l'Appendice I).⁶

Inoltre, le statistiche descrittive (es. media, moda, varianza, eccetera) dei campioni estratti dalla distribuzione a posteriori convergeranno ai corrispondenti valori della distribuzione a posteriori. La figura @ref{fig:mcmc-chains-1} mostra come, all'aumentare del numero di repliche, la media, la mediana, la deviazione standard e l'asimmetria convergono ai veri valori della distribuzione a posteriori (linee rosse tratteggiate).

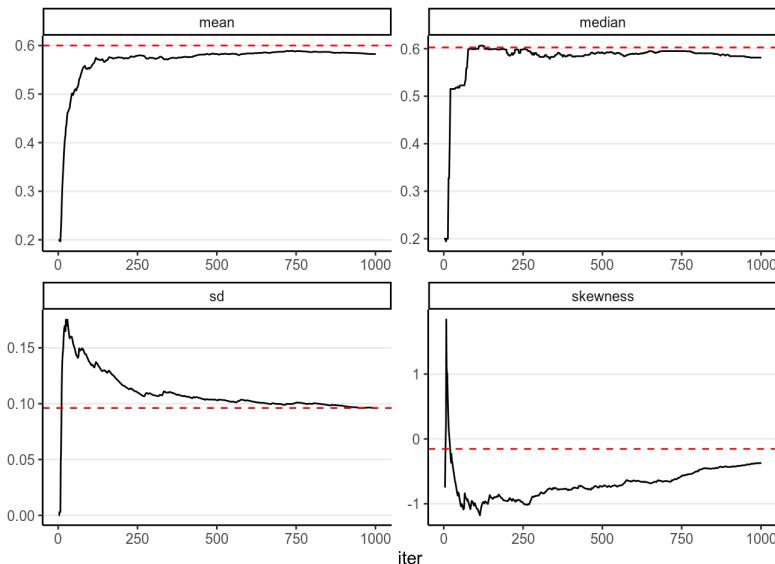


Figura 16.5: Convergenza delle simulazioni Monte Carlo.

16.4 Metodi MC basati su Catena di Markov

Nel Paragrafo 16.3 la simulazione Monte Carlo funzionava perché

- (a) sapevamo che la distribuzione a posteriori era una Beta(25, 17),

⁶Si noti, naturalmente, che il numero dei campioni di simulazione è controllato dal ricercatore; è totalmente diverso dalla dimensione del campione che è fissa ed è una proprietà dei dati.

- (b) era possibile usare le funzioni R per estrarre campioni casuali da tale distribuzione.

Tuttavia, capita raramente di usare una distribuzione a priori coniugata alla verosimiglianza, quindi in generale non valgono né la condizione (a) né la condizione (b) descritte sopra. Ad esempio, nel caso di una verosimiglianza binomiale e una distribuzione a priori Normale, la distribuzione a posteriori di θ è

$$p(\theta | y) = \frac{e^{-(\theta-1/2)^2} \theta^y (1-\theta)^{n-y}}{\int_0^1 e^{-(t-1/2)^2} t^y (1-t)^{n-y} dt}.$$

Una tale distribuzione non è implementata in R e dunque non possiamo campionare da $p(\theta | y)$.

Per fortuna, esiste un algoritmo chiamato Monte Carlo basato su catena di Markov (*Markov Chain Monte Carlo*, MCMC) che consente il campionamento da una distribuzione a posteriori senza che sia necessario conoscere la rappresentazione analitica di una tale distribuzione. I metodi Monte Carlo basati su catena di Markov consentono di costruire sequenze di punti (le “catene”) nello spazio dei parametri le cui densità sono proporzionali alla distribuzione a posteriori — in altre parole, dopo aver simulato un grande numero di passi della catena si possono usare i valori così generati come se fossero un campione casuale della distribuzione a posteriori. Le tecniche MCMC sono attualmente il metodo computazionale maggiormente utilizzato per risolvere i problemi di inferenza bayesiana.

Catene di Markov

Per introdurre il concetto di catena di Markov, supponiamo che una persona esegua una passeggiata casuale sulla retta dei numeri naturali considerando solo i valori 1, 2, 3, 4, 5, 6.⁷ Se la persona è collocata su un valore interno dei valori possibili (ovvero, 2, 3, 4 o 5), nel passo successivo è altrettanto probabile che rimanga su quel numero o si sposti su un numero adiacente. Se si muove, è ugualmente probabile che si muova a sinistra o a destra. Se la persona si trova su uno dei valori estremi (ovvero, 1 o 6), nel passo successivo è altrettanto probabile che rimanga rimanga su quel numero o si sposti nella posizione adiacente.

Questo è un esempio di una catena di Markov discreta. Una catena di Markov descrive il movimento probabilistico tra un numero di stati. Nell'esempio ci sono sei possibili stati, da 1 a 6, i quali corrispondono alle possibili posizioni della passeggiata casuale. Data la sua posizione corrente, la persona si sposterà nelle altre posizioni possibili con delle specifiche probabilità. La probabilità che si sposti in un'altra posizione dipende solo dalla sua posizione attuale e non dalle posizioni visitate in precedenza.

È possibile descrivere il movimento tra gli stati nei termini delle cosiddette *probabilità di transizione*, ovvero le probabilità di movimento tra tutti i possibili stati in un unico passaggio di una catena di Markov. Le probabilità di transizione sono riassunte in una *matrice di transizione* P :

⁷Seguiamo qui la presentazione fornita da Bob Carpenter.

```

p <- c(0, 0, 1, 0, 0, 0)

P <- matrix(
  c(
    .5, .5, 0, 0, 0, 0,
    .25, .5, .25, 0, 0, 0,
    0, .25, .5, .25, 0, 0,
    0, 0, .25, .5, .25, 0,
    0, 0, 0, .25, .5, .25,
    0, 0, 0, 0, .5, .5
  ),
  nrow = 6, ncol = 6, byrow = TRUE
)

kableExtra::kable(P)

```

0.50	0.50	0.00	0.00	0.00	0.00
0.25	0.50	0.25	0.00	0.00	0.00
0.00	0.25	0.50	0.25	0.00	0.00
0.00	0.00	0.25	0.50	0.25	0.00
0.00	0.00	0.00	0.25	0.50	0.25
0.00	0.00	0.00	0.00	0.50	0.50

La prima riga della matrice di transizione P fornisce le probabilità di passare a ciascuno degli stati da 1 a 6 in un unico passaggio a partire dalla posizione 1; la seconda riga fornisce le probabilità di transizione in un unico passaggio dalla posizione 2 e così via. Per esempio, il valore $P[1, 1]$ ci dice che, se la persona è nello stato 1, avrà una probabilità di 0.5 di rimanere in quello stato; $P[1, 2]$ ci dice che c'è una probabilità di 0.5 di passare dallo stato 1 allo stato 2. Gli altri elementi della prima riga sono 0 perché, in un unico passaggio, non è possibile passare dallo stato 1 agli stati 3, 4, 5 e 6. Il valore $P[2, 1]$ ci dice che, se la persona è nello stato 1 (seconda riga), avrà una probabilità di 0.25 di passare allo stato 1; avrà una probabilità di 0.5 di rimanere in quello stato, $P[2, 2]$; e avrà una probabilità di 0.25 di passare allo stato 3, $P[2, 3]$; eccetera.

Si notino alcune importanti proprietà di questa particolare catena di Markov.

- È possibile passare da ogni stato a qualunque altro stato in uno o più passaggi: una catena di Markov con questa proprietà si dice *irriducibile*.
- Dato che la persona si trova in un particolare stato, se può tornare a questo stato solo a intervalli regolari, si dice che la catena di Markov è *periodica*. In questo esempio la catena è *aperiodica* poiché la passeggiata casuale non può ritornare allo stato attuale a intervalli regolari.

Un'importante proprietà di una catena di Markov irriducibile e aperiodica è che il passaggio ad uno stato del sistema dipende unicamente dallo stato immediatamente precedente e non dal come si è giunti a tale stato (dalla storia). Per questo motivo si dice che un processo markoviano è senza memoria.

Tale “assenza di memoria” può essere interpretata come la proprietà mediante cui è possibile ottenere un insieme di campioni casuali da una distribuzione di interesse. Nel caso dell’inferenza bayesiana, la distribuzione di interesse è la distribuzione a posteriori, $p(\theta | \mathcal{Y})$. Le catene di Markov consentono di stimare i valori di aspettazione di variabili rispetto alla distribuzione a posteriori.

La matrice di transizione che si ottiene dopo un enorme numero di passi di una passeggiata casuale markoviana si chiama *distribuzione stazionaria*. Se una catena di Markov è irriducibile e aperiodica, allora ha un’unica distribuzione stazionaria w . La distribuzione limite di una tale catena di Markov, quando il numero di passi tende all’infinito, è uguale alla distribuzione stazionaria w .

Simulare una catena di Markov

Un metodo per dimostrare l’esistenza della distribuzione stazionaria di una catena di Markov è quello di eseguire un esperimento di simulazione. Iniziamo una passeggiata casuale partendo da un particolare stato, diciamo la posizione 3, e quindi simuliamo molti passaggi della catena di Markov usando la matrice di transizione P . Al crescere del numero di passi della catena, le frequenze relative che descrivono il passaggio a ciascuno dei sei possibili nodi della catena approssimano sempre meglio la distribuzione stazionaria w .

Senza entrare nei dettagli della simulazione, la figura 16.6 mostra i risultati ottenuti in 10,000 passi di una passeggiata casuale markoviana. Si noti che, all’augmentare del numero di iterazioni, le frequenze relative approssimano sempre meglio le probabilità nella distribuzione stazionaria $w = (0.1, 0.2, 0.2, 0.2, 0.2, 0.1)$.

```
set.seed(123)
s <- vector("numeric", 10000)
s[1] <- 3
for (j in 2:10000) {
  s[j] <- sample(1:6, size = 1, prob = P[s[j - 1], ])
}
S <- data.frame(
  Iterazione = 1:10000,
  Location = s
)

S %>%
  mutate(
    L1 = (Location == 1),
    L2 = (Location == 2),
    L3 = (Location == 3),
    L4 = (Location == 4),
    L5 = (Location == 5),
    L6 = (Location == 6)
  ) %>%
  mutate(
    Proporzione_1 = cumsum(L1) / Iterazione,
    Proporzione_2 = cumsum(L2) / Iterazione,
```

```

Proporzione_3 = cumsum(L3) / Iterazione,
Proporzione_4 = cumsum(L4) / Iterazione,
Proporzione_5 = cumsum(L5) / Iterazione,
Proporzione_6 = cumsum(L6) / Iterazione
) %>%
select(
  Iterazione, Proporzione_1, Proporzione_2, Proporzione_3,
  Proporzione_4, Proporzione_5, Proporzione_6
) -> S1

gather(S1, Outcome, Probability, -Iterazione) -> S2

ggplot(S2, aes(Iterazione, Probability)) +
  geom_line() +
  facet_wrap(~Outcome, ncol = 3) +
  ylim(0, .4) +
  ylab("Frequenza relativa") +
  # theme(text=element_text(size=14)) +
  scale_x_continuous(breaks = c(0, 3000, 6000, 9000))

```

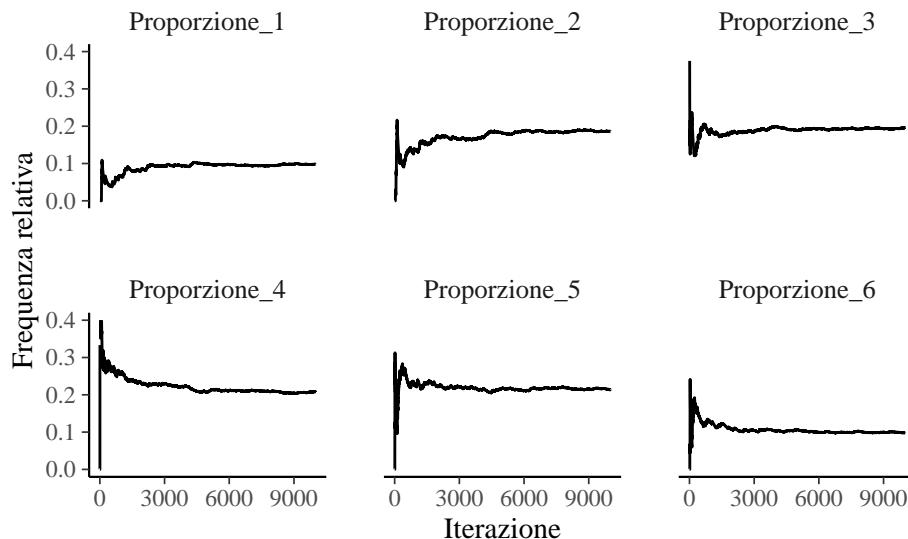


Figura 16.6: Frequenze relative degli stati da 1 a 6 in funzione del numero di iterazioni per la simulazione di una catena di Markov.

Campionamento mediante algoritmi MCMC

Il metodo di campionamento utilizzato dagli algoritmi Monte Carlo a catena di Markov (MCMC) crea una catena di Markov irriducibile e aperiodica, la cui distribuzione stazionaria equivale alla distribuzione a posteriori $p(\theta | y)$. Un modo generale per ottenere una tale catena di Markov è quello di usare l'algoritmo di Metropolis. L'algoritmo di Metropolis è il primo algoritmo MCMC che è stato proposto, ed è applicabile ad una grande varietà di problemi inferenziali di tipo

bayesiano. Tale algoritmo è stato in seguito sviluppato allo scopo di renderlo via via più efficiente. Lo presentiamo qui in una forma intuitiva.

Una passeggiata casuale sui numeri naturali

Per introdurre l'algoritmo di Metropolis considereremo il campionamento da una distribuzione discreta.⁸ Supponiamo di definire una distribuzione di probabilità discreta sugli interi $1, \dots, K$. Scriviamo in R la funzione `pd()` che assegna ai valori $1, \dots, 8$ delle probabilità proporzionali a 5, 10, 4, 4, 20, 20, 12 e 5.

```
pd <- function(x) {
  values <- c(5, 10, 4, 4, 20, 20, 12, 5)
  ifelse(
    x %in% 1:length(values),
    values[x] / sum(values),
    0
  )
}

prob_dist <- tibble(
  x = 1:8,
  prob = pd(1:8)
)
```

La figura 16.7 illustra la distribuzione di probabilità che è stata generata.

```
x <- 1:8
prob_dist %>%
  ggplot(aes(x = x, y = prob)) +
  geom_bar(stat = "identity", width = 0.06) +
  scale_x_continuous("x", labels = as.character(x), breaks = x) +
  labs(
    y = "Probabilità",
    x = "X"
)
```

L'algoritmo di Metropolis corrisponde alla seguente passeggiata casuale.

1. L'algoritmo inizia con un valore iniziale qualsiasi da 1 a $K = 8$ della variabile casuale.
2. Per simulare il valore successivo della sequenza, lanciamo una moneta equilibrata. Se esce testa, consideriamo come valore candidato il valore immediatamente precedente al valore corrente nella sequenza 1, ..., 8; se esce croce, il valore candidato sarà il valore immediatamente successivo al valore corrente nella sequenza.

⁸Seguiamo qui la trattazione di Albert e Hu (2019). Per una presentazione intuitiva dell'algoritmo di Metropolis, si vedano anche Kruschke (2014); McElreath (2020).

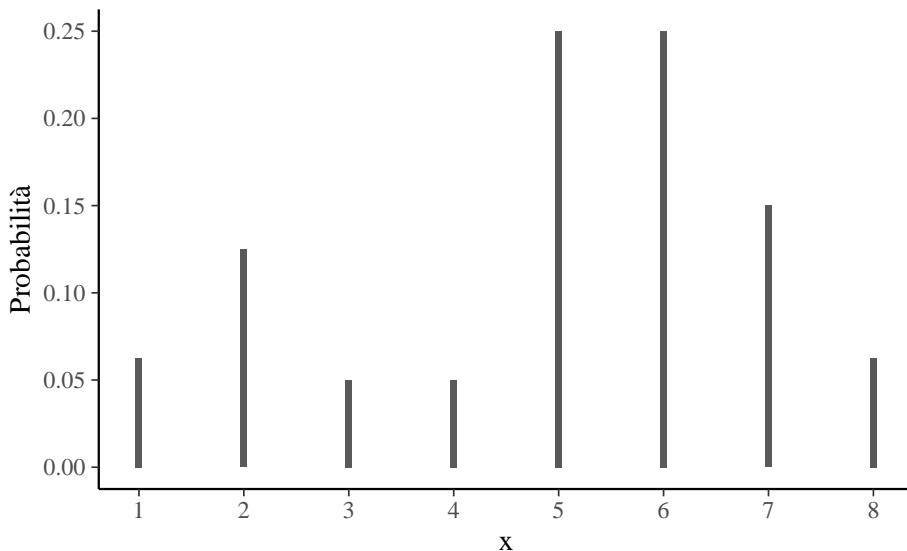


Figura 16.7: Distribuzione di massa di probabilità per una variabile casuale avente valori 1, 2, ..., 8.

3. Calcoliamo il rapporto tra la probabilità del valore candidato e la probabilità del valore corrente:

$$R = \frac{pd(\text{valore candidato})}{pd(\text{valore corrente})}.$$

4. Estraiamo un numero a caso $\in [0, 1]$. Se tale valore è minore di R accettiamo il valore candidato come valore successivo della catena markoviana; altrimenti il valore successivo della catena rimane il valore corrente.

I passi da 1 a 4 definiscono una catena di Markov irriducibile e aperiodica sui valori di stato $\{1, 2, \dots, 8\}$, dove il passo 1 fornisce il valore iniziale della catena e i passi da 2 a 4 definiscono la matrice di transizione P . Un modo di campionare da una distribuzione di massa di probabilità pd consiste nell'iniziare da una posizione qualsiasi e eseguire una passeggiata casuale costituita da un grande numero di passi, ripetendo le fasi 2, 3 e 4 dell'algoritmo di Metropolis. Dopo un grande numero di passi, la distribuzione dei valori della catena markoviana approssimerà la distribuzione di probabilità pd .

La funzione `random_walk()` implementa l'algoritmo di Metropolis. Tale funzione richiede in input la distribuzione di probabilità `pd`, la posizione di partenza `start` e il numero di passi dell'algoritmo `num_steps`.

```
random_walk <- function(pd, start, num_steps) {
  y <- rep(0, num_steps)
  current <- start
  for (j in 1:num_steps) {
    candidate <- current + sample(c(-1, 1), 1)
    prob <- pd(candidate) / pd(current)
    if (runif(1) < prob) {
      current <- candidate
    }
    y[j] <- current
  }
  return(y)
}
```

```
    }
    y[j] <- current
}
return(y)
}
```

Di seguito, implementiamo l'algoritmo di Metropolis utilizzando, quale valore iniziale, $X = 4$. Ripetiamo la simulazione 10,000 volte.

```
out <- random_walk(pd, 4, 1e4)

S <- tibble(out) %>%
  group_by(out) %>%
  summarize(
    N = n(),
    Prob = N / 10000
  )

prob_dist2 <- rbind(
  prob_dist,
  tibble(
    x = S$out,
    prob = S$Prob
  )
)
prob_dist2$type <- rep(
  c("Prob. corrente", "Prob. simulare"),
  each = 8
)

x <- 1:8
prob_dist2 %>%
  ggplot(aes(x = x, y = prob, fill = type)) +
  geom_bar(
    stat = "identity",
    width = 0.1,
    position = position_dodge(0.3)
  ) +
  scale_x_continuous(
    "x",
    labels = as.character(x),
    breaks = x
  ) +
  scale_fill_manual(values = c("black", "gray80")) +
  theme(legend.title = element_blank()) +
  labs(
    y = "Probabilità",
```

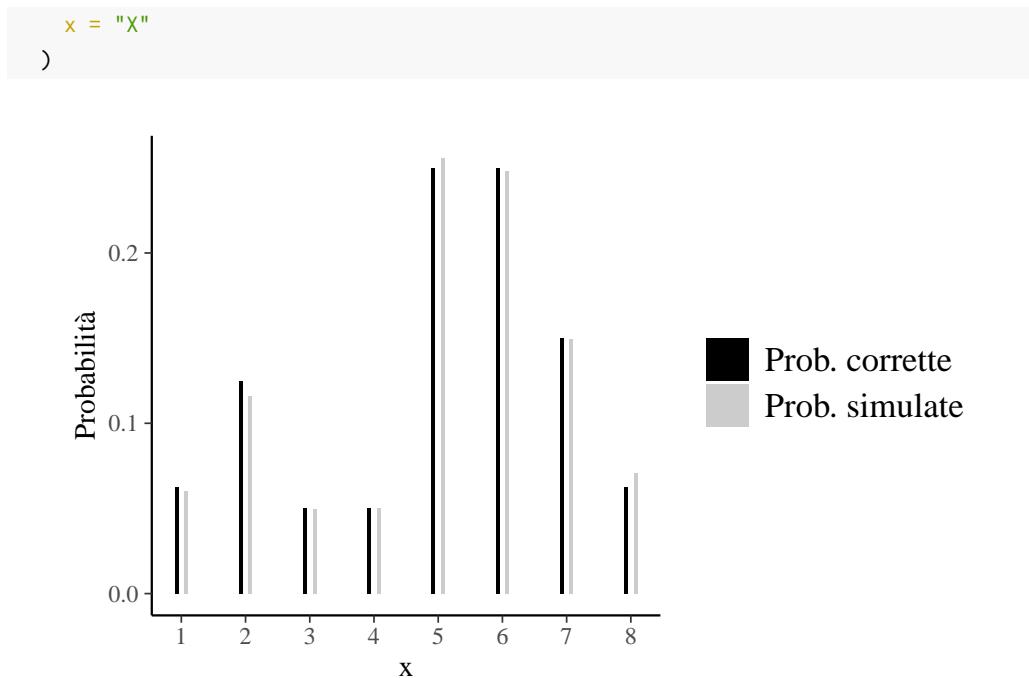


Figura 16.8: L’istogramma confronta i valori prodotti dall’algoritmo di Metropolis con i corretti valori della distribuzione di massa di probabilità.

La figura 16.8 confronta l’istogramma dei valori simulati dalla passeggiata casuale con l’effettiva distribuzione di probabilità p_d . Si noti la somiglianza tra le due distribuzioni.

L’algoritmo di Metropolis

Vediamo ora come l’algoritmo di Metropolis possa venire usato per generare una catena di Markov irriducibile e aperiodica per la quale la distribuzione stazionaria è uguale alla distribuzione a posteriori di interesse.⁹

In termini generali, l’algoritmo di Metropolis include due fasi.

- *Fase 1* La selezione di un valore candidato θ' del parametro mediante il campionamento da una distribuzione proposta.
- *Fase 2* La decisione tra la possibilità di accettare il valore candidato

$$\theta^{(m+1)} = \theta'$$

o di mantenere il valore corrente

$$\theta^{(m+1)} = \theta$$

sulla base del seguente criterio:

- se $\mathcal{L}(\theta' | y)p(\theta') > \mathcal{L}(\theta | y)p(\theta)$ il valore candidato viene sempre accettato;

⁹Una illustrazione visiva di come si svolge il processo di “esplorazione” dell’algoritmo di Metropolis è fornita in questo [post](#).

- altrimenti il valore candidato viene accettato solo in una certa proporzione di casi.

Esaminiamo ora nei dettagli il funzionamento dell'algoritmo di Metropolis.

- (a) Si inizia con un punto arbitrario $\theta^{(1)}$, quindi il primo valore della catena di Markov $\theta^{(1)}$ può corrispondere semplicemente ad un valore a caso tra i valori possibili del parametro.
- (b) Per ogni passo successivo della catena, $m + 1$, si campiona un valore candidato θ' da una distribuzione proposta: $\theta' \sim \Pi(\theta)$. La distribuzione proposta può essere qualunque distribuzione, anche se, idealmente, è meglio che sia simile alla distribuzione a posteriori. In pratica la distribuzione a posteriori è sconosciuta e quindi il valore θ' viene campionato da una qualche distribuzione simmetrica centrata sul valore corrente $\theta^{(m)}$ del parametro. Nell'esempio che verrà discusso qui sotto, useremo la distribuzione Normale. Tale distribuzione sarà centrata sul valore corrente della catena e avrà una appropriata deviazione standard: $\theta' \sim \mathcal{N}(\theta^{(m)}, \sigma)$. In pratica, questo significa che, se σ è piccola, il valore candidato θ' sarà simile al valore corrente $\theta^{(m)}$.
- (c) Una volta generato il valore candidato θ' si calcola il rapporto tra la densità della distribuzione a posteriori non normalizzata nel punto θ' [ovvero, il prodotto tra la verosimiglianza $\mathcal{L}(y | \theta')$ nel punto θ' e la distribuzione a priori nel punto θ'] e la densità della distribuzione a posteriori non normalizzata nel punto $\theta^{(m)}$ [ovvero, il prodotto tra la verosimiglianza $\mathcal{L}(y | \theta^{(m)})$ nel punto $\theta^{(m)}$ e la distribuzione a priori nel punto $\theta^{(m)}$]:

$$\alpha = \frac{p(y | \theta') p(\theta')}{p(y | \theta^{(m)}) p(\theta^{(m)})}. \quad (16.5)$$

Si noti che, essendo un rapporto, la (16.5) cancella la costante di normalizzazione.

- (d) Il rapporto α viene utilizzato per decidere se accettare il valore candidato θ' , oppure se campionare un diverso candidato. Possiamo pensare al rapporto α come alla risposta alla seguente domanda: alla luce dei dati, è più plausibile il valore candidato del parametro o il valore corrente? Se α è maggiore di 1 ciò significa che il valore candidato è più plausibile del valore corrente; in tali circostanze il valore candidato viene sempre accettato. Altrimenti, si decide di accettare il valore candidato con una probabilità minore di 1, ovvero non sempre, ma soltanto con una probabilità uguale ad α . Se α è uguale a 0.10, ad esempio, questo significa che la plausibilità a posteriori del valore candidato è 10 volte più piccola della plausibilità a posteriori del valore corrente. Dunque, il valore candidato verrà accettato solo nel 10% dei casi. Come conseguenza di questa strategia di scelta, l'algoritmo di Metropolis ottiene un campione casuale dalla distribuzione a posteriori, dato che la probabilità di accettare il valore candidato è proporzionale alla densità del candidato nella distribuzione a posteriori. Dal punto di vista algoritmico, la procedura descritta sopra viene implementata confrontando

il rapporto α con un valore casuale estratto da una distribuzione uniforme $\text{Unif}(0, 1)$. Se $\alpha > u \sim \text{Unif}(0, 1)$ allora il punto candidato θ' viene accettato e la catena si muove in quella nuova posizione, ovvero $\theta^{(m+1)} = \theta'^{(m+1)}$. Altrimenti $\theta^{(m+1)} = \theta^{(m)}$ e si campiona un nuovo valore candidato θ' .

- (e) Il passaggio finale dell'algoritmo calcola l'*accettanza* in una specifica esecuzione dell'algoritmo, ovvero la proporzione dei valori candidati θ' che sono stati accettati come valori successivi nella sequenza.

L'algoritmo di Metropolis prende come input il numero M di passi da simulare, la deviazione standard σ della distribuzione proposta e la densità a priori, e ritorna come output la sequenza $\theta^{(1)}, \theta^{(2)}, \dots, \theta^{(M)}$. La chiave del successo dell'algoritmo di Metropolis è il numero di passi fino a che la catena approssima la stazionarietà. Tipicamente i primi da 1000 a 5000 elementi sono scartati. Dopo un certo periodo k (detto di *burn-in*), la catena di Markov converge ad una variabile casuale che è distribuita secondo la distribuzione a posteriori. In altre parole, i campioni del vettore $(\theta^{(k+1)}, \theta^{(k+2)}, \dots, \theta^{(M)})$ diventano campioni di $p(\theta | y)$.

Una applicazione concreta

Per fare un esempio concreto, consideriamo nuovamente i 30 pazienti esaminati da Zetsche et al. (2019) e discussi nel Paragrafo H. Di essi, 23 hanno manifestato aspettative distorte negativamente sul loro stato d'animo futuro. Utilizzando l'algoritmo di Metropolis, ci poniamo il problema di ottenere la stima a posteriori di θ (probabilità di manifestare un'aspettativa distorta negativamente), dati 23 “successi” in 30 prove, imponendo su θ la stessa distribuzione a priori usata nel Paragrafo H.5, ovvero Beta(2, 10).

Per calcolare la funzione di verosimiglianza, avendo fissato i dati di Zetsche et al. (2019), useremo la funzione `likelihood()`

```
likelihood <- function(param, x = 23, N = 30) {
  dbinom(x, N, param)
}
```

che ritorna l'ordinata della verosimiglianza binomiale per ciascun valore del vettore `param` in input.

La distribuzione a priori Beta(2, 10) è implementata nella funzione `prior()`:

```
prior <- function(param, alpha = 2, beta = 10) {
  param_vals <- seq(0, 1, length.out = 100)
  dbeta(param, alpha, beta) # / sum(dbeta(param_vals, alpha, beta))
}
```

Il prodotto della densità a priori e della verosimiglianza è implementato nella funzione `posterior()`:

```
posterior <- function(param) {
  likelihood(param) * prior(param)
}
```

L'Appendice H.6 fornisce un'illustrazione dell'utilizzo di queste funzioni per generare un'approssimazione della distribuzione a posteriori $p(\theta | y)$ mediante il metodo basato su griglia. Ci poniamo ora il problema di replicare tale risultato usando l'algoritmo di Metropolis.

Implementazione

Per implementare l'algoritmo di Metropolis utilizzeremo una distribuzione proposta Normale. Il valore candidato sarà dunque un valore selezionato a caso da una Normale di parametri μ uguale al valore corrente nella catena e $\sigma = 0.9$. In questo esempio, la deviazione standard σ è stata scelta empiricamente in modo tale da ottenere una accettanza adeguata. L'accettanza ottimale è di circa 0.20 e 0.30 — se l'accettanza è troppo grande, l'algoritmo esplora uno spazio troppo ristretto della distribuzione a posteriori.¹⁰

```
proposal_distribution <- function(param) {
  while (1) {
    res <- rnorm(1, mean = param, sd = 0.9)
    if (res > 0 & res < 1) {
      break
    }
  }
  res
}
```

Nella presente implementazione del campionamento dalla distribuzione proposta è stato inserito un controllo che impone al valore candidato di essere incluso nell'intervallo $[0, 1]$.¹¹

L'algoritmo di Metropolis viene implementato nella seguente funzione:

```
run_metropolis_MCMC <- function(startvalue, iterations) {
  chain <- vector(length = iterations + 1)
  chain[1] <- startvalue
  for (i in 1:iterations) {
    proposal <- proposal_distribution(chain[i])
    r <- posterior(proposal) / posterior(chain[i])
    if (runif(1) < r) {
      chain[i + 1] <- proposal
    } else {
      chain[i + 1] <- chain[i]
    }
  }
  chain
}
```

¹⁰L'accettanza dipende dalla distribuzione proposta: in generale, tanto più la distribuzione proposta è simile alla distribuzione target, tanto più alta diventa l'accettanza.

¹¹Si possono trovare implementazioni dell'algoritmo di Metropolis più eleganti di quella presentata qui. Lo scopo dell'esercizio è quello di illustrare la logica soggiacente all'algoritmo di Metropolis, non quello di proporre un'implementazione efficiente dell'algoritmo.

Avendo definito le funzioni precedenti, generiamo una catena di valori θ :

```
set.seed(123)
startvalue <- runif(1, 0, 1)
niter <- 1e4
chain <- run_metropolis_MCMC(startvalue, niter)
```

Mediante le istruzioni precedenti otteniamo una catena di Markov costituita da 10,001 valori. Escludiamo i primi 5,000 valori considerati come burn-in. Ci restano dunque con 5,001 valori che verranno considerati come un campione casuale estratto dalla distribuzione a posteriori $p(\theta | y)$.

L'accettanza è pari a

```
burnIn <- niter / 2
acceptance <- 1 - mean(duplicated(chain[-(1:burnIn)]))
acceptance
#> [1] 0.2511498
```

il che conferma la bontà della deviazione standard ($\sigma = 0.9$) scelta per la distribuzione proposta.

A questo punto è facile ottenere una stima a posteriori del parametro θ . Per esempio, la stima della media a posteriori è:

```
mean(chain[-(1:burnIn)])
#> [1] 0.5921799
```

Una figura che mostra l'approssimazione di $p(\theta | y)$ ottenuta con l'algoritmo di Metropolis, insieme ad un *trace plot* dei valori della catena di Markov, viene prodotta usando le seguenti istruzioni:

```
p1 <- tibble(
  x = chain[-(1:burnIn)]
) %>%
  ggplot(aes(x)) +
  geom_histogram() +
  labs(
    x = expression(theta),
    y = "Frequenza",
    title = "Distribuzione a posteriori"
  ) +
  geom_vline(
    xintercept = mean(chain[-(1:burnIn)])
  )

p2 <- tibble(
  x = 1:length(chain[-(1:burnIn)]),
  y = chain[-(1:burnIn)]
) %>%
```

```

ggplot(aes(x, y)) +
  geom_line() +
  labs(
    x = "Numero di passi",
    y = expression(theta),
    title = "Valori della catena"
  ) +
  geom_hline(
    yintercept = mean(chain[-(1:burnIn)]),
    colour = "gray"
  )
) + p1 + p2

```

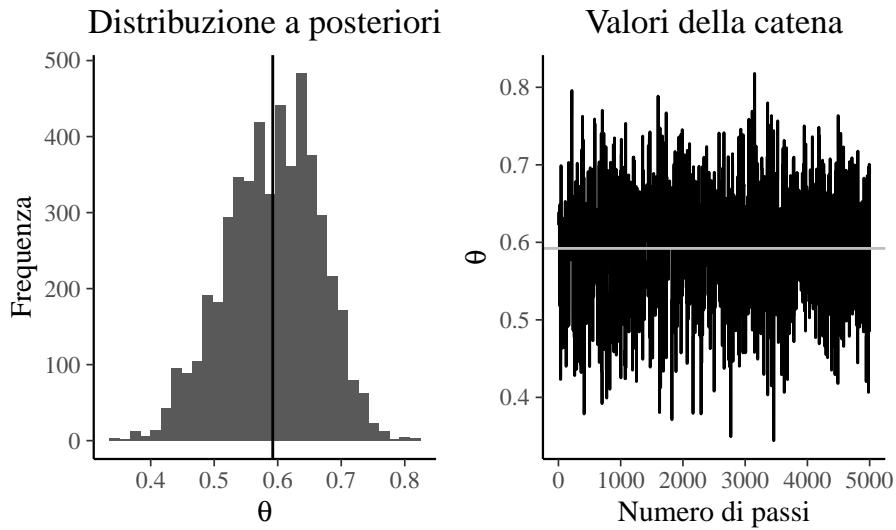


Figura 16.9: Sinistra. Stima della distribuzione a posteriore della probabilità di una aspettativa futura distorta negativamente per i dati di Zetsche et al. (2019). Destra. Trace plot dei valori della catena di Markov escludendo il periodo di burn-in.

Input

Negli esempi discussi in questo Capitolo abbiamo illustrato l'esecuzione di una singola catena in cui si parte un unico valore iniziale e si raccolgono i valori simulati da molte iterazioni. È possibile che i valori di una catena siano influenzati dalla scelta del valore iniziale. Quindi una raccomandazione generale è di eseguire l'algoritmo di Metropolis più volte utilizzando diversi valori di partenza. In questo caso, si avranno più catene di Markov. Confrontando le proprietà delle diverse catene si esplora la sensibilità dell'inferenza alla scelta del valore di partenza. I software MCMC consentono sempre all'utente di specificare diversi valori di partenza e di generare molteplici catene di Markov.

16.5 Stazionarietà

Un punto importante da verificare è se il campionatore ha raggiunto la sua distribuzione stazionaria. La convergenza di una catena di Markov alla distribuzione stazionaria viene detta “mixing”.

Autocorrelazione

Informazioni sul “mixing” della catena di Markov sono fornite dall'autocorrelazione. L'autocorrelazione misura la correlazione tra i valori successivi di una catena di Markov. Il valore m -esimo della serie ordinata viene confrontato con un altro valore ritardato di una quantità k (dove k è l'entità del ritardo) per verificare quanto si correli al variare di k . L'autocorrelazione di ordine 1 (*lag 1*) misura la correlazione tra valori successivi della catena di Markow (cioè, la correlazione tra $\theta^{(m)}$ e $\theta^{(m-1)}$); l'autocorrelazione di ordine 2 (*lag 2*) misura la correlazione tra valori della catena di Markow separati da due “passi” (cioè, la correlazione tra $\theta^{(m)}$ e $\theta^{(m-2)}$); e così via.

L'autocorrelazione di ordine k è data da ρ_k e può essere stimata come:

$$\begin{aligned}\rho_k &= \frac{\text{Cov}(\theta_m, \theta_{m+k})}{\text{Var}(\theta_m)} \\ &= \frac{\sum_{m=1}^{n-k} (\theta_m - \bar{\theta})(\theta_{m+k} - \bar{\theta})}{\sum_{m=1}^{n-k} (\theta_m - \bar{\theta})^2} \quad \text{con} \quad \bar{\theta} = \frac{1}{n} \sum_{m=1}^n \theta_m.\end{aligned}\quad (16.6)$$

Per fare un esempio pratico, simuliamo dei dati autocorrelati con la funzione R `colorednoise::colored_noise()`:

```
suppressPackageStartupMessages(library("colorednoise"))
set.seed(34783859)
rednoise <- colored_noise(
  timesteps = 30, mean = 0.5, sd = 0.05, phi = 0.3
)
```

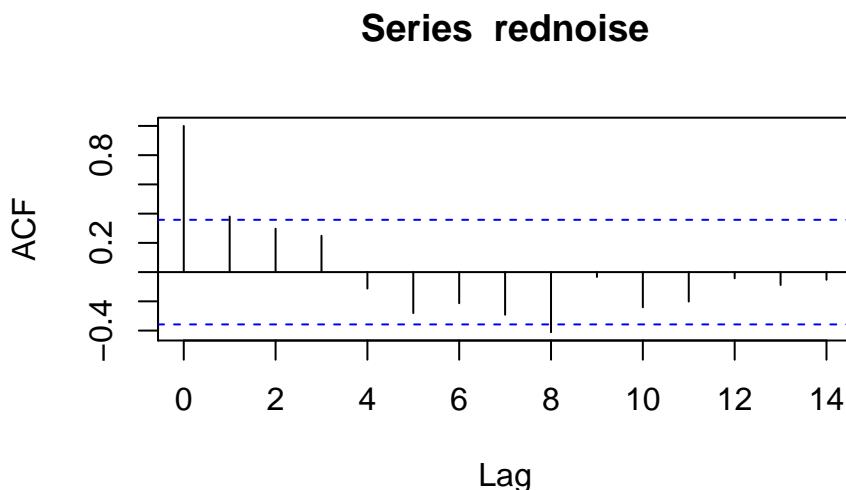
L'autocorrelazione di ordine 1 è semplicemente la correlazione tra ciascun elemento e quello successivo nella sequenza. Nell'esempio, il vettore `rednoise` è una sequenza temporale di 30 elementi. Il vettore `rednoise[-length(rednoise)]` include gli elementi con gli indici da 1 a 29 nella sequenza originaria, mentre il vettore `rednoise[-1]` include gli elementi 2:30. Gli elementi delle coppie ordinate dei due vettori avranno dunque gli indici (1, 2), (2, 3), ... (29, 30) degli elementi della sequenza originaria. La correlazione di Pearson tra i vettori `rednoise[-length(rednoise)]` e `rednoise[-1]` corrisponde dunque all'autocorrelazione di ordine 1 della serie temporale.

```
cor(rednoise[-length(rednoise)], rednoise[-1])
#> [1] 0.3967366
```

Il Correlogramma è uno strumento grafico usato per la valutazione della tendenza di una catena di Markov nel tempo. Il correlogramma si costruisce a

partire dall'autocorrelazione ρ_k di una catena di Markov in funzione del ritardo (*lag*) k con cui l'autocorrelazione è calcolata: nel grafico ogni barretta verticale riporta il valore dell'autocorrelazione (sull'asse delle ordinate) in funzione del ritardo (sull'asse delle ascisse). In R, il correlogramma può essere prodotto con una chiamata a `acf()`:

```
acf(rednoise)
```



Il correlogramma precedente mostra come l'autocorrelazione di ordine 1 sia circa pari a 0.4 e diminuisce per lag maggiori; per lag di 4, l'autocorrelazione diventa negativa e aumenta progressivamente fino ad un lag di 8; eccetera.

In situazioni ottimali l'autocorrelazione diminuisce rapidamente ed è effettivamente pari a 0 per piccoli lag. Ciò indica che i valori della catena di Markov che si trovano a più di soli pochi passi di distanza gli uni dagli altri non risultano associati tra loro, il che fornisce conferma del “mixing” della catena di Markov, ossia di convergenza alla distribuzione stazionaria. Nelle analisi bayesiane, una delle strategie che consentono di ridurre l'autocorrelazione è quella di assottigliare l'output immagazzinando solo ogni m -esimo punto dopo il periodo di burn-in. Una tale strategia va sotto il nome di *thinning*.

Test di convergenza

Un test di convergenza può essere svolto in maniera grafica mediante le tracce delle serie temporali (*trace plot*), cioè il grafico dei valori simulati rispetto al numero di iterazioni. Se la catena è in uno stato stazionario le tracce mostrano assenza di periodicità nel tempo e ampiezza costante, senza tendenze visibili o andamenti degni di nota. Un esempio di *trace plot* è fornito nella figura 16.9 (destra).

Ci sono inoltre alcuni test che permettono di verificare la stazionarietà del campionatore dopo un dato punto. Uno è il test di Geweke che suddivide il campione, dopo aver rimosso un periodo di burn in, in due parti. Se la catena è in uno stato stazionario, le medie dei due campioni dovrebbero essere uguali. Un test modificato, chiamato Geweke z-score, utilizza un test z per confrontare i due subcampioni ed il risultante test statistico, se ad esempio è più alto di 2,

indica che la media della serie sta ancora muovendosi da un punto ad un altro e quindi è necessario un periodo di burn-in più lungo.

Considerazioni conclusive

In generale, la distribuzione a posteriori dei parametri di un modello statistico non può essere determinata per via analitica. Tale problema, invece, viene affrontato facendo ricorso ad una classe di algoritmi per il campionamento da distribuzioni di probabilità che sono estremamente onerosi dal punto di vista computazionale e che possono essere utilizzati nelle applicazioni pratiche solo grazie alla potenza di calcolo dei moderni computer. Lo sviluppo di software che rendono sempre più semplice l'uso dei metodi MCMC, insieme all'incremento della potenza di calcolo dei computer, ha contribuito a rendere sempre più popolare il metodo dell'inferenza bayesiana che, in questo modo, può essere estesa a problemi di qualunque grado di complessità.

Nel 1989 un gruppo di statistici nel Regno Unito si pose il problema di simulare le catene di Markov su un personal computer. Nel 1997 ci riuscirono con il primo rilascio pubblico di un'implementazione Windows dell'inferenza bayesiana basata su Gibbs sampling, detta BUGS. Il materiale presentato in questo capitolo descrive gli sviluppi contemporanei del percorso che è iniziato in quel periodo.

Modello Beta-Binomiale

17.1 Una proporzione

Si considerino n variabili casuali Bernoulliane i.i.d.:

$$y = (y_1, \dots, y_n) \stackrel{iid}{\sim} \mathcal{B}(\theta).$$

Vogliamo stimare θ avendo osservato y . Essendo i.i.d., i dati possono essere riassunti dal numero totale di successi nelle n prove, denotato da y . Il modello binomiale è

$$p(y | \theta) = \text{Bin}(y | n, \theta) = \binom{n}{y} \theta^y (1 - \theta)^{n-y}, \quad (17.1)$$

dove nel termine di sinistra dell'equazione abbiamo ignorato n in quanto viene considerato fisso per disegno.

L'inferenza sul modello binomiale richiede di assegnare una distribuzione a priori su θ che dipende dall'informazione disponibile a priori. Se scegiamo, ad esempio, una $B(2, 2)$ quale distribuzione a priori, il modello diventa:

$$\begin{aligned} y &\sim \text{Bin}(n, \theta) \\ \theta &\sim B(2, 2), \end{aligned} \quad (17.2)$$

dove la prima riga definisce la funzione di verosimiglianza e la seconda riga definisce la distribuzione a priori. Sulla base di ciò che è stato detto nel Capitolo 14, sappiamo che le equazioni (17.2) definiscono il caso Beta-Binomiale.

Il presidente Trump e l'idrossiclorochina

Per fare un esempio concreto, consideriamo un set di dati reali. Cito dal *Washington Post* del 7 aprile 2020:

One of the most bizarre and disturbing aspects of President Trump's nightly press briefings on the coronavirus pandemic is when he turns

into a drug salesman. Like a cable TV pitchman hawking ‘male enhancement’ pills, Trump regularly extols the virtues of taking hydroxychloroquine, a drug used to treat malaria and lupus, as a potential ‘game changer’ that just might cure Covid-19.

Tralasciamo qui il fatto che il presidente Trump non è un esperto in questo campo. Esaminiamo invece le evidenze iniziali a supporto dell’ipotesi che l’idrossiclorochina possa essere utile per la cura del Covid-19, ovvero le evidenze che erano disponibili nel momento in cui il presidente Trump ha fatto le affermazioni riportate sopra (in seguito, quest’idea è stata screditata). Tali evidenze sono state fornite da uno studio di Gautret et al. (2020). Il disegno sperimentale di Gautret et al. (2020) comprende, tra le altre cose, il confronto tra una condizione sperimentale e una condizione di controllo. Il confronto importante è tra la proporzione di paziente positivi al virus SARS-CoV-2 nel gruppo sperimentale (a cui è stata somministrata l’idrossiclorochina; 6 su 14) e la proporzione di paziente positivi nel gruppo di controllo (a cui non è stata somministrata l’idrossiclorochina; ovvero 14 su 16). Obiettivo di questo Capitolo è mostrare come si possa fare inferenza sul modello (17.2) usando il linguaggio Stan.

Interfaccia cmdstanr

Nella seguente discussione verrà ottenuta una stima bayesiana del parametro θ usando l’interfaccia cmdstanr di CmdStan.¹. Considereremo qui solo il gruppo di controllo. Iniziamo a caricare i pacchetti necessari:

```
library("cmdstanr")
set_cmdstan_path("/Users/corrado/.cmdstan/cmdstan-2.28.0")
library("posterior")
rstan_options(auto_write = TRUE) # avoid recompilation of models
options(mc.cores = parallel::detectCores()) # parallelize across all CPUs
Sys.setenv(LOCAL_CPPFLAGS = "-march=native") # improve execution time
SEED <- 374237 # set random seed for reproducibility
```

Ci sono due passaggi essenziali per le analisi svolte mediante cmdstanr:

1. definire la struttura del modello bayesiano nella notazione Stan;
2. eseguire il campionamento della distribuzione a posteriori.

Esaminiamo questi due passaggi nel contesto del modello Beta-Binomiale definito dalla (17.2).

Fase 1

È necessario definire i dati, i parametri e il modello. I *dati* del gruppo di controllo, che verrà qui esaminato, devono essere contenuti in un oggetto di classe `list`:

¹I modelli discussi in questo capitolo sono discussi da Gelman et al. (1995) mentre il codice è stato ricavato dalla seguente [pagina web](#).

```
data1_list <- list(
  N = 16,
  y = c(rep(1, 14), rep(0, 2))
)
```

Il modello dipende dal *parametro theta*. In Stan, dobbiamo specificare che *theta* può essere un qualsiasi numero reale compreso tra 0 e 1.

Il *modello* è $\text{Bin}(n, \theta)$ e, nel linguaggio Stan, può essere scritto come

```
for (i in 1:N) {
  y[i] ~ bernoulli(theta)
}
```

ovvero come

```
y ~ bernoulli(theta)
```

La struttura del modello Beta-Binomiale viene tradotta nella sintassi Stan² e viene poi memorizzata come stringa di caratteri del file `oneprop1.stan`:

```
modelString <- "
data {
  int<lower=0> N;
  int<lower=0, upper=1> y[N];
}
parameters {
  real<lower=0, upper=1> theta;
}
model {
  theta ~ beta(2, 2);
  y ~ bernoulli(theta);
  // the notation using ~ is syntactic sugar for
  // target += beta_lpdf(theta | 1, 1); // lpdf for continuous theta
  // target += bernoulli_lpmf(y | theta); // lpmf for discrete y
  // target is the log density to be sampled
  //
  // y is an array of integers and
  // y ~ bernoulli(theta);
  // is equivalent to
  // for (i in 1:N) {
  //   y[i] ~ bernoulli(theta);
  // }
  // which is equivalent to
  // for (i in 1:N) {
  //   target += bernoulli_lpmf(y[i] | theta);
  // }
```

²Si veda l'Appendice J

```
}

generated quantities {
    int y_rep[N];
    real log_lik[N];
    for (n in 1:N) {
        y_rep[n] = bernoulli_rng(theta);
        log_lik[n] = bernoulli_lpmf(y[n] | theta);
    }
}
"
writeLines(modelString, con = "code/oneprop1.stan")
```

Fase 2

Leggiamo l'indirizzo del file che contiene il codice Stan:

```
file <- file.path("code", "oneprop1.stan")
```

Compiliamo il codice:

```
mod <- cmdstan_model(file)
```

Il campionamento MCMC si realizza con la chiamata:

```
fit1 <- mod$sample(
  data = data1_list,
  iter_sampling = 4000L,
  iter_warmup = 2000L,
  seed = SEED,
  chains = 4L,
  parallel_chains = 4L,
  refresh = 0,
  thin = 1
)
```

Avendo assunto una distribuzione a priori per il parametro θ , l'algoritmo procede in maniera ciclica, correggendo la distribuzione a priori di θ condizionandola ai valori già generati. Dopo un certo numero di cicli, necessari per portare l'algoritmo a convergenza, i valori estratti possono essere assunti come campionati dalla distribuzione a posteriori di θ .

Si noti che `$sample()` richiede due tipi di informazioni. Innanzitutto, dobbiamo specificare le informazioni sul modello in base a:

- `mod` = la stringa di caratteri che definisce il modello (qui `oneprop1.stan`),
- `data` = i dati in formato lista (`data1_list`).

Dobbiamo inoltre specificare le informazioni sul campionamento MCMC utilizzando tre argomenti aggiuntivi:

- L'argomento `chains` specifica quante catene di Markov parallele eseguire. Eseguiamo qui quattro catene, quindi otteniamo quattro campioni distinti di valori π .
- L'argomento `iter` specifica il numero desiderato di iterazioni o la lunghezza di ciascuna catena di Markov. Per impostazione predefinita, la prima metà di queste iterazioni è costituita da campioni “burn-in” o “warm-up” che verranno ignorati. La seconda metà è conservata e costituisce un campione della distribuzione a posteriori.
- L'argomento `seed` per impostare il numero casuale che genera il seme per una simulazione `cmdstanr`.

Burn-in

Al crescere del numero di passi della catena, la distribuzione di target viene sempre meglio approssimata. All'inizio del campionamento, però, la distribuzione può essere significativamente lontana da quella stazionaria, e ci vuole un certo tempo prima di raggiungere la distribuzione stazionaria di equilibrio, detto, appunto, periodo di *burn-in*. I campioni provenienti da tale parte iniziale della catena vanno tipicamente scartati perché possono non rappresentare accuratamente la distribuzione a posteriori

Inferenza

Un sommario della distribuzione a posteriori si ottiene con:

```
fit1$summary(c("theta"))
#> # A tibble: 1 x 10
#>   variable  mean median    sd    mad   q5   q95   rhat
#>   <chr>    <dbl>  <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
#> 1 theta     0.802  0.813 0.0868 0.0867 0.644 0.928 1.00
#> # ... with 2 more variables: ess_bulk <dbl>, ess_tail <dbl>
```

Creiamo un oggetto di classe `stanfit`

```
stanfit1 <- rstan::read_stan_csv(fit1$output_files())
```

di dimensioni

```
dim(as.matrix(stanfit1, pars = "theta"))
#> [1] 16000      1
```

I primi 10 valori sono presentati qui di seguito

```
as.matrix(stanfit1, pars = "theta") %>%
  head(10)
#> #> parameters
#> iterations theta
```

```
#> [1,] 0.757239
#> [2,] 0.703550
#> [3,] 0.772169
#> [4,] 0.747881
#> [5,] 0.765079
#> [6,] 0.793709
#> [7,] 0.857447
#> [8,] 0.845012
#> [9,] 0.824972
#> [10,] 0.881219
```

La matrice precedente include i valori assunti dalla catena di Markov, ovvero un insieme di valori plausibili θ estratti dalla distribuzione a posteriori.

Un tracciato della catena di Markov illustra questa esplorazione rappresentando il valore θ sulle ordinate e l'indice progressivo di in ogni iterazione sull'ascissa. Usiamo la funzione `mcmc_trace()` del pacchetto `bayesplot` (Gabry et al. 2019) per costruire il grafico che include tutte e quattro le catene di Markov:

```
stanfit1 %>%
  mcmc_trace(pars = c("theta"), size = 0.1)
```

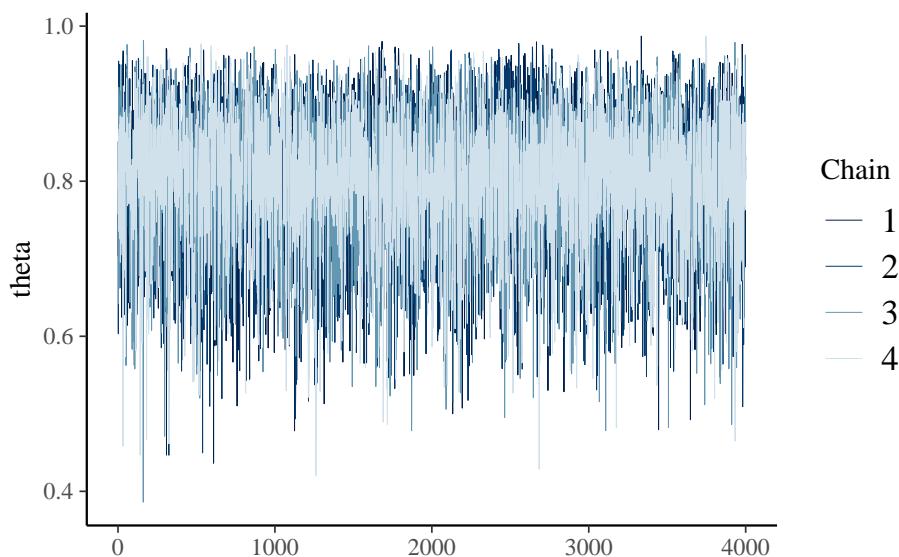


Figura 17.1: Trace-plot per il parametro θ nel modello Beta-Binomiale.

La figura 17.1 mostra che le catene esplorano uno spazio compreso approssimativamente tra 0.7 e 0.9; tale figura descrive il comportamento *longitudinale* delle catene di Markov.

Possiamo anche esaminare la distribuzione degli stati della catena di Markov, ovvero, dei valori che queste catene visitano lungo il loro percorso, ignorando l'ordine di queste visite. L'istogramma della figura 17.2 fornisce una rappresentazione grafica di questa distribuzione per i 16000 valori complessivi delle quattro catene, ovvero per 4000 valori provenienti da ciascuna catena.

```
mcmc_hist(stanfit1, pars = "theta") +
  yaxis_text(TRUE) +
  ylab("count")
```

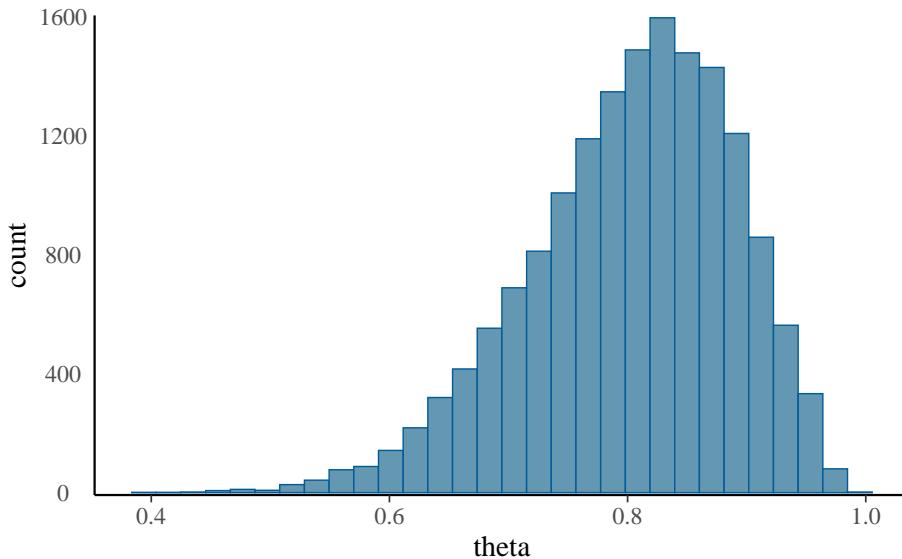


Figura 17.2: Istogramma che illustra l'approssimazione della distribuzione a posteriori per il parametro θ nel modello Beta-Binomiale.

Nel modello Beta-Binomiale in cui la verosimiglianza è binomiale con 14 successi su 16 prove e in cui assumiamo una distribuzione a priori di tipo Beta(2, 2) sul parametro θ , la distribuzione a posteriori è ancora una distribuzione Beta di parametri $\alpha = 2 + 14$ e $\beta = 2 + 16 - 14$. La figura 17.3 riporta un kernel density plot per i valori delle quattro catene di Markov con sovrapposta in nero la densità Beta(16, 4). Il punto importante è che la distribuzione dei valori delle catene di Markov produce un'eccellente approssimazione alla distribuzione bersaglio.³

```
mcmc_dens(stanfit1, pars = "theta") +
  yaxis_text(TRUE) +
  ylab("density") +
  stat_function(fun = dbeta, args = list(shape1 = 16, shape2 = 4))
```

Un intervallo di credibilità al 95% per θ si ottiene con la seguente chiamata:

```
posterior1 <- extract(stanfit1)
rstantools::posterior_interval(as.matrix(stanfit1), prob = 0.95)
#>           2.5%      97.5%
#> theta     0.6107860   0.94402990
#> y_rep[1]  0.0000000   1.00000000
```

³Nel caso presente, il risultato è poco utile dato che è disponibile una soluzione analitica. Tuttavia, questo esercizio mette in evidenza il fatto cruciale che, nei casi in cui possiamo verificarne la soluzione, il campionamento Monte Carlo a catena di Markov è in grado di trovare la risposta corretta. Di conseguenza, possiamo anche essere sicuri che fornirà un'approssimazione alla distribuzione a posteriori anche in quei casi in cui una soluzione analitica non è disponibile.

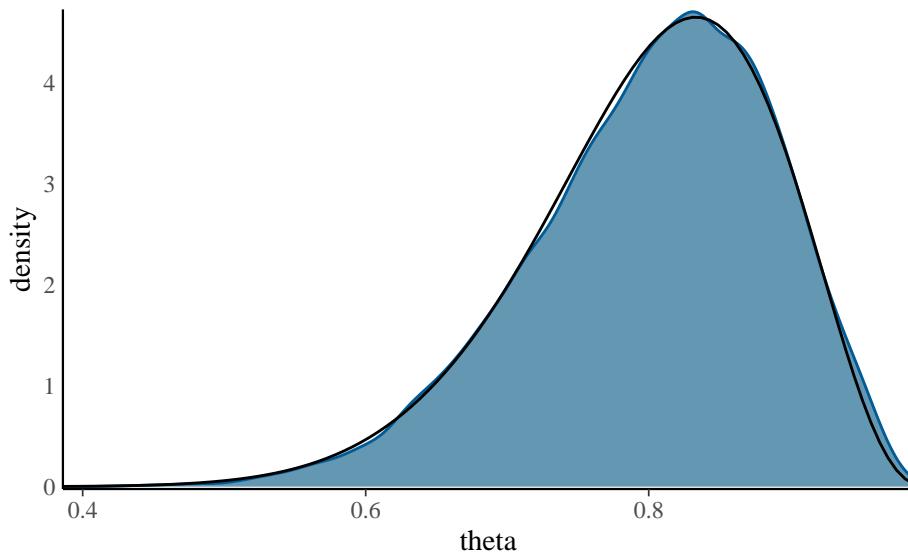


Figura 17.3: Istogramma che illustra l'approssimazione della distribuzione a posteriori per il parametro θ nel modello Beta-Binomiale. La curva nera rappresenta la corretta distribuzione a posteriori $Beta(16, 4)$.

```
#> y_rep[2]      0.0000000 1.00000000
#> y_rep[3]      0.0000000 1.00000000
#> y_rep[4]      0.0000000 1.00000000
#> y_rep[5]      0.0000000 1.00000000
#> y_rep[6]      0.0000000 1.00000000
#> y_rep[7]      0.0000000 1.00000000
#> y_rep[8]      0.0000000 1.00000000
#> y_rep[9]      0.0000000 1.00000000
#> y_rep[10]     0.0000000 1.00000000
#> y_rep[11]     0.0000000 1.00000000
#> y_rep[12]     0.0000000 1.00000000
#> y_rep[13]     0.0000000 1.00000000
#> y_rep[14]     0.0000000 1.00000000
#> y_rep[15]     0.0000000 1.00000000
#> y_rep[16]     0.0000000 1.00000000
#> log_lik[1]    -0.4930093 -0.05759735
#> log_lik[2]    -0.4930093 -0.05759735
#> log_lik[3]    -0.4930093 -0.05759735
#> log_lik[4]    -0.4930093 -0.05759735
#> log_lik[5]    -0.4930093 -0.05759735
#> log_lik[6]    -0.4930093 -0.05759735
#> log_lik[7]    -0.4930093 -0.05759735
#> log_lik[8]    -0.4930093 -0.05759735
#> log_lik[9]    -0.4930093 -0.05759735
#> log_lik[10]   -0.4930093 -0.05759735
#> log_lik[11]   -0.4930093 -0.05759735
#> log_lik[12]   -0.4930093 -0.05759735
#> log_lik[13]   -0.4930093 -0.05759735
```

```
#> log_lik[14] -0.4930093 -0.05759735
#> log_lik[15] -2.8829362 -0.94362543
#> log_lik[16] -2.8829362 -0.94362543
#> lp__ -12.7342100 -10.00860000
```

Svolgendo un’analisi bayesiana simile a questa, Gautret et al. (2020) hanno trovato che gli intervalli di credibilità del gruppo di controllo e del gruppo sperimentale non si sovrappongono. Questo fatto viene interpretato dicendo che il parametro θ è diverso nei due gruppi. Sulla base di queste evidenze, Gautret et al. (2020) hanno concluso, con un grado di certezza soggettiva del 95%, che nel gruppo sperimentale vi è una probabilità più bassa di risultare positivi al SARS-CoV-2 rispetto al gruppo di controllo. In altri termini, questa analisi dei dati suggerisce che l’idrossiclorochina sia efficace come terapia per il Covid-19.

La critica di Hulme et al. (2020)

Un articolo pubblicato da Hulme et al. (2020) si è posto il problema di rianalizzare i dati di Gautret et al. (2020).⁴ Tra gli autori di questo articolo figura anche Eric-Jan Wagenmakers, uno psicologo molto conosciuto per i suoi contributi metodologici. Hulme et al. (2020) hanno osservato che, nelle analisi statistiche riportate, Gautret et al. (2020) hanno escluso alcuni dati. Nel gruppo sperimentale, infatti, vi erano alcuni pazienti i quali, anziché migliorare, sono in realtà peggiorati. L’analisi statistica di Gautret et al. (2020) ha escluso i dati di questi pazienti. Se consideriamo tutti i pazienti — non solo quelli selezionati da Gautret et al. (2020) — la situazione diventa la seguente:

- gruppo sperimentale: 10 positivi su 18;
- gruppo di controllo: 14 positivi su 16.

L’analisi dei dati proposta da Hulme et al. (2020) richiede l’uso di alcuni strumenti statistici che, in queste dispense, non verranno discussi. Ma possiamo giungere alle stesse conclusioni raggiunte da questi ricercatori anche usando le procedure statistiche descritte nel Paragrafo successivo.

17.2 Due proporzioni

Svolgiamo ora l’analisi considerando tutti i dati, come suggerito da Hulme et al. (2020). Per fare questo verrà creato un modello bayesiano per fare inferenza sulla differenza tra due proporzioni. Una volta generate le distribuzioni a posteriori per le proporzioni di “successi” nei due gruppi, verrà anche generata la quantità

$$\omega = \frac{\theta_2/(1-\theta_2)}{\theta_1/(1-\theta_1)},$$

ovvero il rapporto tra gli Odds di positività tra i pazienti del gruppo di controllo e gli Odds di positività tra i pazienti del gruppo sperimentale. Se il valore dell’OR è uguale a 1, significa che l’Odds di positività nel gruppo di controllo

⁴Si veda <https://osf.io/5dgmrx/>.

17. MODELLO BETA-BINOMIALE

è uguale all'odds di positività nel gruppo sperimentale, cioè il fattore in esame (somministrazione dell'idrossiclorochina) è ininfluente sulla comparsa della malattia. L'inferenza statistica sull'efficacia dell'idrossiclorochina come terapia per il Covid-19 può dunque essere effettuata esaminando l'intervallo di credibilità al 95% per l'OR: se tale intervallo include il valore 1, allora non vi è evidenza che l'idrossiclorochina sia efficace come terapia per il Covid-19.

Nell'implementazione di questo modello, la quantità di interesse è dunque l'odds ratio; tale quantità viene calcolata nel blocco generated quantities del programma Stan. In questo esempio useremo delle distribuzioni a priori vagamente informative per i parametri θ_1 e θ_1 .

```
data_list <- list(
  N1 = 18,
  y1 = 10,
  N2 = 16,
  y2 = 14
)

modelString <- "
// Comparison of two groups with Binomial
data {
  int<lower=0> N1;                      // number of experiments in group 1
  int<lower=0> y1;                        // number of deaths in group 1
  int<lower=0> N2;                      // number of experiments in group 2
  int<lower=0> y2;                        // number of deaths in group 2
}
parameters {
  real<lower=0,upper=1> theta1; // probability of death in group 1
  real<lower=0,upper=1> theta2; // probability of death in group 2
}
model {
  theta1 ~ beta(2, 2);                  // prior
  theta2 ~ beta(2, 2);                  // prior
  y1 ~ binomial(N1, theta1);           // observation model / likelihood
  y2 ~ binomial(N2, theta2);           // observation model / likelihood
}
generated quantities {
  // generated quantities are computed after sampling
  real oddsratio = (theta2/(1-theta2))/(theta1/(1-theta1));
}

"
writeLines(modelString, con = "code/twoprop1.stan")

file <- file.path("code", "twoprop1.stan")

mod <- cmdstan_model(file)
```

```

fit <- mod$sample(
  data = data_list,
  iter_sampling = 4000L,
  iter_warmup = 2000L,
  seed = SEED,
  chains = 4L,
  parallel_chains = 4L,
  refresh = 0,
  thin = 1
)

stanfit <- rstan::read_stan_csv(fit$output_files())

print(
  stanfit,
  pars = c("theta1", "theta2", "oddsratio"),
  digits_summary = 3L
)
#> Inference for Stan model: twoprop1-202110180843-1-608466.
#> 4 chains, each with iter=6000; warmup=2000; thin=1;
#> post-warmup draws per chain=4000, total post-warmup draws=16000.
#>
#>           mean se_mean    sd  2.5%   25%   50%   75%
#> theta1    0.546   0.001 0.104 0.337 0.475 0.547 0.619
#> theta2    0.801   0.001 0.087 0.605 0.747 0.812 0.865
#> oddsratio 4.859   0.049 4.740 0.914 2.221 3.599 5.933
#>           97.5% n_eff   Rhat
#> theta1     0.743 11214 1.000
#> theta2     0.939 12359 1.000
#> oddsratio 16.251  9207 1.001
#>
#> Samples were drawn using NUTS(diag_e) at Lun Ott 18 08:43:40 2021.
#> For each parameter, n_eff is a crude measure of effective sample size,
#> and Rhat is the potential scale reduction factor on split chains (at
#> convergence, Rhat=1).

```

L’intervallo di credibilità del 95% per l’OR include il valore di 1.0 (ovvero, il valore che indica che gli odds di positività sono uguali nei due gruppi). In base agli standard correnti, un risultato di questo tipo non viene considerato come evidenza sufficiente per potere concludere che il parametro θ assume un valore diverso nei due gruppi. In altri termini, se consideriamo tutti i dati, e non solo quelli selezionati dagli autori della ricerca originaria, non vi è evidenza alcuna che l’idrossiclorochina sia efficace come terapia per il Covid-19.

Considerazioni conclusive

Concludiamo questa discussione dicendo che ciò che è stato presentato in questo capitolo è un esercizio didattico: la ricerca di Gautret et al. (2020) include

tante altre informazioni che non sono state qui considerate. Tuttavia, notiamo che la semplice analisi statistica che abbiamo qui descritto è stata in grado di replicare le conclusioni a cui sono giunti (per altra via) Hulme et al. (2020).

Diagnostica delle catene markoviane

Come discusso nel Paragrafo 17.1, le catene di Markov forniscono un'approssimazione che tende a convergere alla distribuzione a posteriori. “Approssimazione” e “convergenza” sono le parole chiave qui: il punto è che il campionamento MCMC non è perfetto. Questo solleva le seguenti domande:

- A cosa corrisponde, dal punto di vista grafico, una “buona” catena di Markov?
- Come possiamo sapere se il campione prodotto dalla catena di Markov costituisce un'approssimazione adeguata della distribuzione a posteriori?
- Quanto deve essere grande la dimensione del campione casuale prodotto dalla catena Markov?

Rispondere a queste ed altre domande di questo tipo fa parte di quell'insieme di pratiche che vano sotto il nome di *diagnostica delle catene Markoviane*.

La diagnostica delle catene Markoviane non è “una scienza esatta”. Ovvero, non sono disponibili procedure valide in tutti i casi e non sempre siamo in grado di rispondere alle domande precedenti. È piuttosto l'esperienza del ricercatore che consente di riconoscere una “buona” catena di Markov e a suggerire cosa si può fare per riparare una “cattiva” catena di Markov. In questo Capitolo ci concentreremo su alcuni strumenti diagnostici grafici e numerici che possono essere utilizzati per la diagnostica delle catene markoviane. L'utilizzo di questi strumenti diagnostici deve essere eseguito in modo olistico. Nessuna singola diagnostica visiva o numerica è infatti sufficiente: un quadro completo della qualità della catena di Markov si può solo ottenere considerando tutti gli strumenti descritti di seguito.

18.1 Esame dei *trace plot*

La convergenza e il “mixing” possono essere controllate mediante il *trace plot* che mostra l'andamento delle simulazioni e ci dice se stiamo effettivamente

utilizzando una distribuzione limite. Consideriamo nuovamente il *trace plot* del simulazione Beta-Binomiale della figura 18.1:

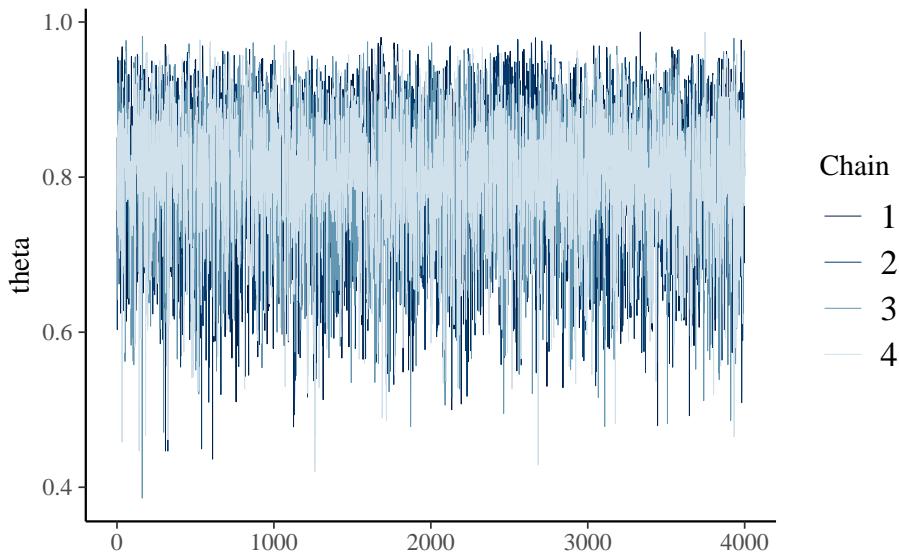


Figura 18.1: Trace plot per il modello Beta-Binomiale dei dati di Gautret et al. (2020).

La figura 18.1 fornisce un esempio perfetto di come dovrebbero apparire i *trace plot*. Quando le catene markoviane raggiungono uno stato stazionario e sono stabili ciò significa che hanno raggiunto la distribuzione stazionaria e il *trace plot* rivela una assenza di struttura e assomiglia alla rappresentazione del rumore bianco, come nella figura 18.1. Al contrario, la figura 18.2 indica mancanza di convergenza¹.

Consideriamo i trace-plot della figura 18.2 (a sinistra). La tendenza verso il basso indica che la catena A non è stazionaria, ovvero non si mantiene costante all’evolversi nel tempo. La tendenza verso il basso suggerisce inoltre la presenza di una forte correlazione tra i valori della catena: il trace-plot non fornisce una rappresentazione di rumore indipendente. Tutto questo significa che la catena A “si sta mescolando lentamente”. Sebbene le catene di Markov siano intrinsecamente dipendenti, più si comportano come se fossero dei campioni casuali (rumorosi), minore è l’errore dell’approssimazione alla distribuzione a posteriori. La catena B presenta un problema diverso. Come evidenziato dalle due linee completamente piatte nel tracciato, essa tende a bloccarsi quando visita valori bassi di θ .

Gli histogrammi lisciati della figura 18.2 (a destra) confermano che entrambe queste catene sono problematiche: infatti producono approssimazioni scadenti della distribuzione a posteriori che, nell’esempio di Johnson et al. (2022), è una Beta(11, 3) (curva nera nella figura). Consideriamo la catena A. Dal momento che si sta mescolando lentamente, nelle iterazioni eseguite ha esplorato unicamente i valori θ nell’intervallo da 0.6 a 0.9. Di conseguenza, la sua approssimazione della distribuzione a posteriori sopravvaluta la plausibilità dei valori θ in questo intervallo e, nel contempo, sottovaluta la plausibilità dei valori θ esterni a questo intervallo. Consideriamo ora la catena B. Rimanendo bloccata, la catena

¹Figura riprodotta da Johnson et al. (2022)

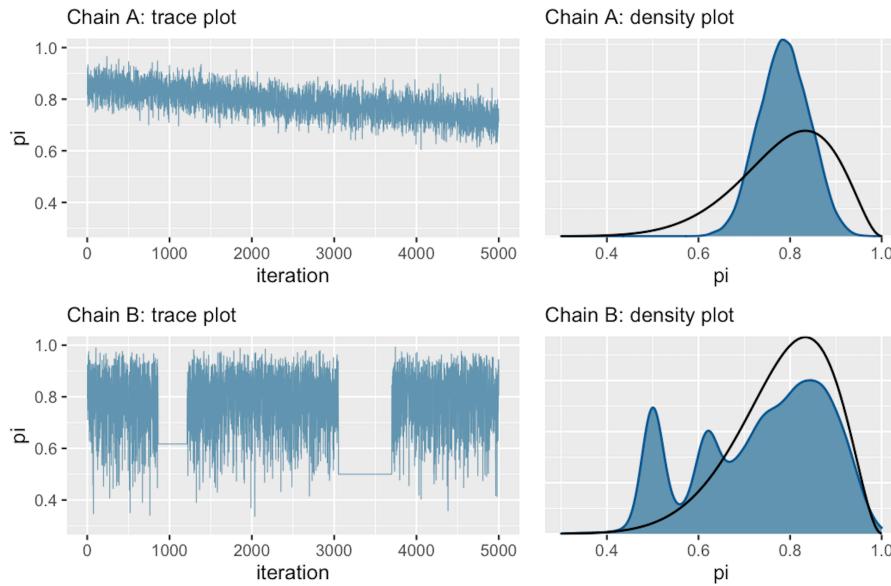


Figura 18.2: Trace plots (a sinistra) e corrispondenti grafici di densità (a destra) di due ipotetiche catene di Markov. Queste figure forniscono due esempi di come potrebbero apparire delle catene di Markov non stazionarie. Le linee nere sovrapposte alle densità empiriche (a destra) rappresentano una ipotetica distribuzione target Beta(11,3).

B campiona in maniera eccessiva alcuni valori nella coda sinistra della distribuzione a posteriori di θ . Questo fenomeno produce i picchi che sono presenti nell'approssimazione alla distribuzione a posteriori.

In pratica, al di là dei presenti esempi “scolastici” (in cui disponiamo di una formulazione analitica della distribuzione a posteriori), non abbiamo mai il privilegio di poter confrontare i risultati del campionamento MCMC con la corretta distribuzione a posteriori. Ecco perché la diagnostica delle catene di Markov è così importante: se vediamo trace-plots come quelli della figura 18.2, sappiamo che non abbiamo ottenuto una adeguata approssimazione della distribuzione a posteriori.

In tali circostanze possiamo ricorrere ad alcuni rimedi.

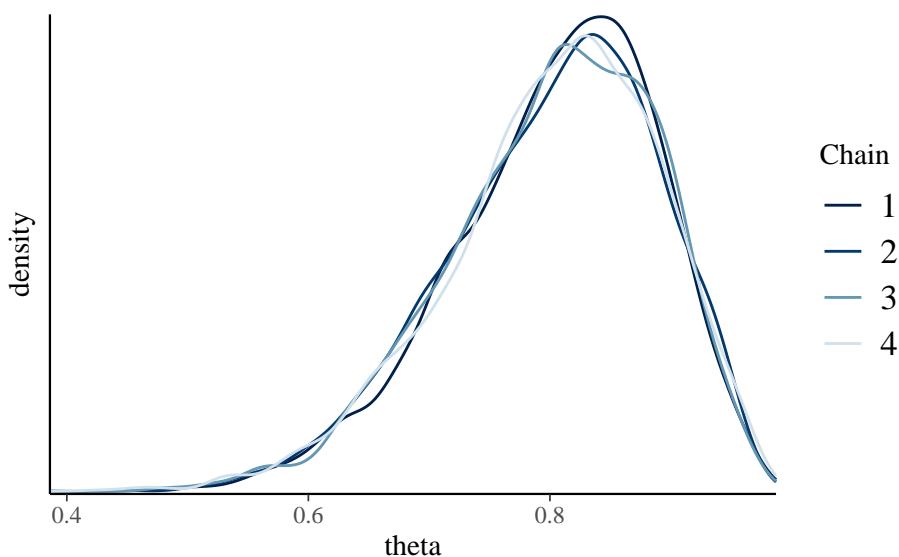
1. Controllare il modello. Siamo sicuri che le distribuzioni a priori e la verosimiglianza siano appropriate per i dati osservati?
2. Utilizzare un numero maggiore di iterazioni. Alcune tendenze indesiderate a breve termine della catena possono appianarsi nel lungo termine.

18.2 Confronto delle catene parallele

Nella simulazione `cmdstanr()` per il modello Beta-Binomiale dei dati di Gau-tret et al. (2020) abbiamo utilizzato quattro catene di Markov parallele. Non solo è necessario che ogni singola catena sia stazionaria (come discusso sopra), ma è anche necessario che le quattro catene siano coerenti tra loro. Sebbene le catene esplorino percorsi diversi nello spazio dei parametri, quando convergono ad uno stato di equilibrio dovrebbero presentare caratteristiche simili e dovrebbero

produrre approssimazioni simili alla distribuzione a posteriori. Per l'esempio del modello Beta-Binomiale dei dati di Gautret et al. (2020), i seguenti istogrammi lasciati indicano che le quattro catene producono approssimazioni quasi indistinguibili della distribuzione a posteriori. Ciò prova che la simulazione è stabile e contiene un numero sufficiente di valori: l'esecuzione delle catene per un numero maggiore di iterazioni non migliorerebbe l'approssimazione della distribuzione a posteriori.

```
mcmc_dens_overlay(stanfit1, pars = "theta") +  
  ylab("density")
```



Per fare un confronto, consideriamo la simulazione di una catena di Markov più corta per lo stesso modello. La chiamata seguente richiede quattro catene parallele per sole 100 iterazioni ciascuna:

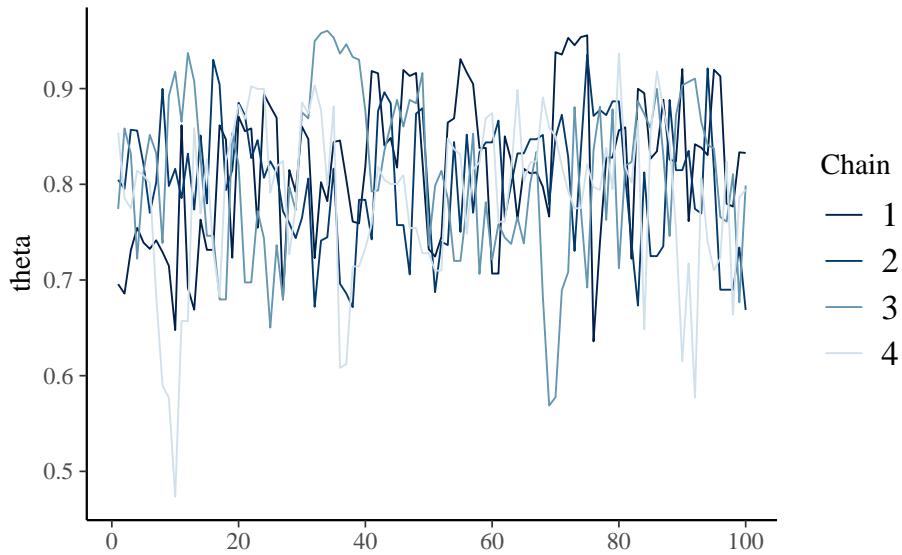
```
bb_short <- mod$sample(  
  data = data1_list,  
  iter_sampling = 50 * 2L,  
  seed = SEED,  
  chains = 4L,  
  parallel_chains = 4L,  
  refresh = 0,  
  thin = 1  
)  
FALSE Running MCMC with 4 parallel chains...  
FALSE  
FALSE Chain 1 finished in 0.0 seconds.  
FALSE Chain 2 finished in 0.0 seconds.  
FALSE Chain 3 finished in 0.0 seconds.  
FALSE Chain 4 finished in 0.0 seconds.  
FALSE  
FALSE All 4 chains finished successfully.
```

```
FALSE Mean chain execution time: 0.0 seconds.
FALSE Total execution time: 0.2 seconds.

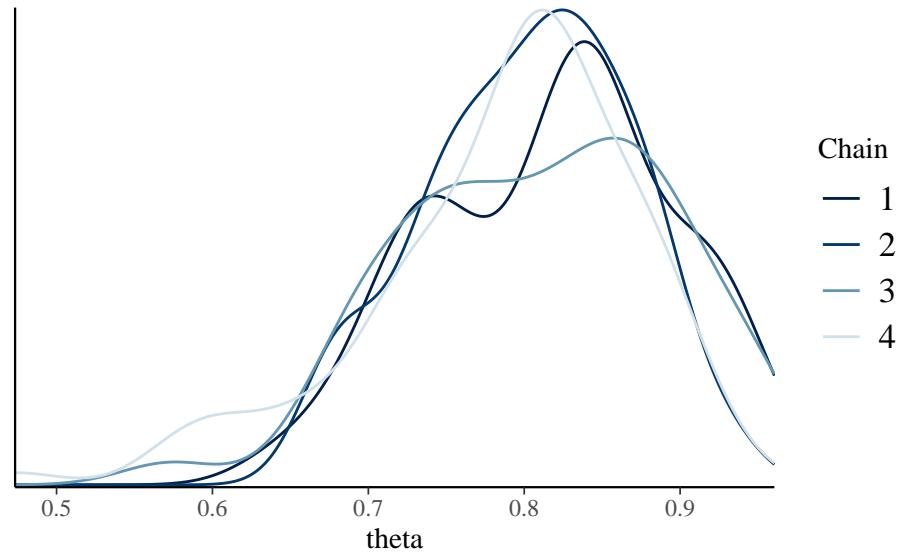
stanfit_bb_short <- rstan::read_stan_csv(bb_short$output_files())
```

Di seguito sono riportati i *trace-plot* e i corrispondenti istogrammi lisciati.

```
mcmc_trace(stanfit_bb_short, pars = "theta")
```



```
mcmc_dens_overlay(stanfit_bb_short, pars = "theta")
```



Anche se i *trace plot* sembrano tutti mostrare un andamento casuale, gli istogrammi lisciati sono piuttosto diversi tra loro e producono approssimazioni diverse della distribuzione a posteriori. Di fronte a tale instabilità è chiaro che sarebbe un errore interrompere la simulazione dopo solo 100 iterazioni.

18.3 Numerosità campionaria effettiva

Nella simulazione del modello Beta-Binomiale per i dati di Gautret et al. (2020) abbiamo utilizzato quattro catene di Markov parallele che producono un totale di $N = 16000$ campioni *dipendenti* di θ . Sapendo che l'errore dell'approssimazione alla distribuzione a posteriori è probabilmente più grande di quello che si otterebbe usando 16000 campioni *indipendenti*, ci possiamo porre la seguente domanda: quanti campioni indipendenti sarebbero necessari per produrre un'approssimazione della distribuzione a posteriori equivalentemente a quella che abbiamo ottenuto? La numerosità campionaria effettiva (*effective sample size*, N_{eff}) fornisce una risposta a questa domanda.

Tipicamente, $N_{eff} < N$, per cui il rapporto campionario effettivo (*effective sample size ratio*) $\frac{N_{eff}}{N}$ è minore di 1. Come regola euristica, viene considerato problematico un rapporto campionario effettivo minore del 10% del numero totale di campioni ottenuti nella simulazione (più basso è il rapporto campionario effettivo peggiore è il “mixing” della catena). La funzione `bayesplot::neff_ratio()` consente di calcolare il rapporto campionario effettivo. Per il modello Beta-Binomiale dei dati di Gautret et al. (2020), questo rapporto è di circa 0.34:

```
bayesplot::neff_ratio(stanfit1, pars = c("theta"))
#> [1] 0.3352141
```

Ciò indica che l'accuratezza dell'approssimazione della distribuzione a posteriori di θ ottenuta mediante 16000 campioni dipendenti è approssimativamente simile a quella che si potrebbe ottenere con

```
bayesplot::neff_ratio(stanfit1, pars = c("theta")) * 16000
#> [1] 5363.426
```

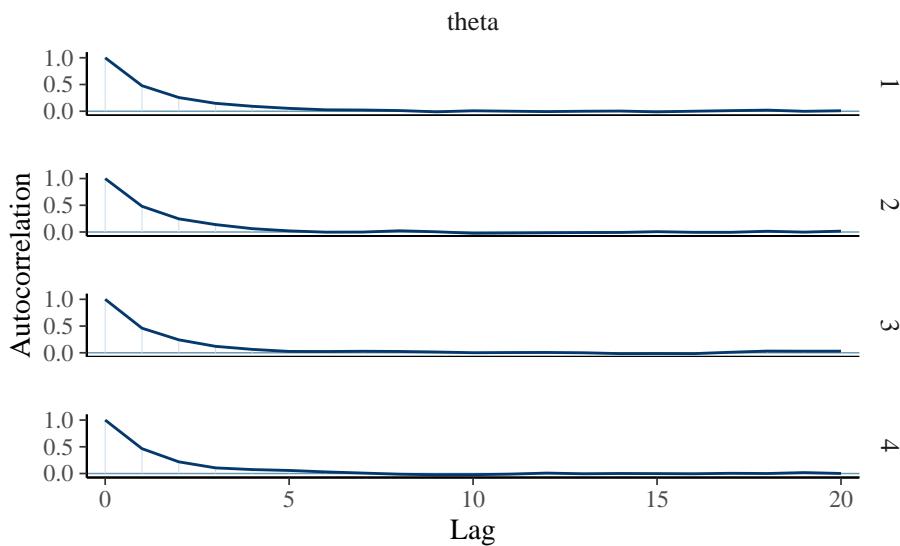
campioni *indipendenti*. In questo esempio, il rapporto campionario effettivo è maggiore di 0.1; dunque non ci sono problemi.

18.4 Autocorrelazione

Normalmente un algoritmo MCMC genera catene di Markov di campioni, ognuno dei quali è autocorrelato a quelli generati immediatamente prima e dopo di lui. Conseguentemente campioni successivi non sono indipendenti ma formano una catena di Markov con un certo grado di correlazione. Il valore $\theta^{(i)}$ tende ad essere più simile al valore $\theta^{(i-1)}$ che al valore $\theta^{(i-2)}$, o al valore $\theta^{(i-3)}$, eccetera. Una misura di ciò è fornita dall'autocorrelazione tra i valori consecutivi della catena.

Il correlogramma per ciascuna delle quattro catene dell'esempio si produce con la seguente chiamata:

```
bayesplot::mcmc_acf(stanfit1, pars = "theta")
```



Il correlogramma mostra l'autocorrelazione in funzione di ritardi da 0 a 20. L'autocorrelazione di lag 0 è naturalmente 1 – misura la correlazione tra un valore della catena di Markov e se stesso. L'autocorrelazione di lag 1 è di circa 0.5, indicando una correlazione moderata tra i valori della catena che distano di solo 1 passo l'uno dall'altro. Successivamente, l'autocorrelazione diminuisce rapidamente ed è effettivamente pari a 0 per un lag di 5. Questo risultato fornisce una conferma del fatto che la catena di Markov costituisce una buona approssimazione di un campione casuale di $p(\theta | y)$.

Al contrario, nella figura 18.3 (a destra) (riprodotta da Johnson et al., 2022) vediamo un esempio nel quale il trace plot rivela una forte tendenza tra i valori di una catena di Markov e, dunque, una forte autocorrelazione.

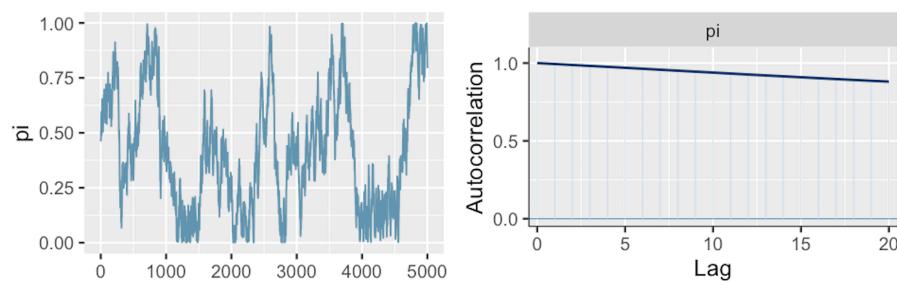


Figura 18.3: Trace plot (a sinistra) e correlogramma (a destra) di una catena di Markov in cui il mixing è lento – figura riprodotta da @Johnson2022bayesrules.

Questa osservazione è confermata nell'autocorrelazione (a destra). La lenta diminuzione della curva di autocorrelazione indica che la dipendenza tra i valori della catena non svanisce rapidamente. Con un lag di 20 la correlazione è addirittura pari a 0.9. Poiché i valori della catena sono fortemente associati tra loro, il “mixing” è lento: la simulazione richiede un numero molto grande di iterazioni per esplorare adeguatamente l'intera gamma di valori della distribuzione a posteriori.²

In presenza di catene di Markov non *rapidly mixing* sono possibili due rimedi.

²Una (famiglia di) catene di Markov è *rapidly mixing* se mostra un comportamento simile

- Aumentare il numero di iterazioni. Anche una catena non *rapidly mixing* può produrre eventualmente una buona approssimazione della distribuzione a posteriori se il numero di iterazioni è sufficientemente grande.
- *Thinning*. Per esempio, se la catena di Markov è costituita da 16000 valori di θ , potremmo decidere di conservare solo ogni secondo valore e ignorare gli altri valori: $\{\theta^{(2)}, \theta^{(4)}, \theta^{(6)}, \dots, \theta^{(16000)}\}$. Oppure, potremmo decidere di conservare ogni decimo valore: $\{\theta^{(10)}, \theta^{(20)}, \theta^{(30)}, \dots, \theta^{(16000)}\}$. Scartando i campioni intermedi, è possibile rimuovere le forti correlazioni che sono presenti nel caso di lag più piccoli.

Vediamo ora come sia possibile estrarre i valori di una catena dall'oggetto `stanfit1`.

```
# valori delle 4 catene
S <- ggcmc::ggs(stanfit1)
head(S)
#> # A tibble: 6 x 4
#>   Iteration Chain Parameter value
#>       <dbl> <int> <fct>     <dbl>
#> 1         1     1 theta     0.833
#> 2         2     1 theta     0.822
#> 3         3     1 theta     0.633
#> 4         4     1 theta     0.798
#> 5         5     1 theta     0.855
#> 6         6     1 theta     0.909
```

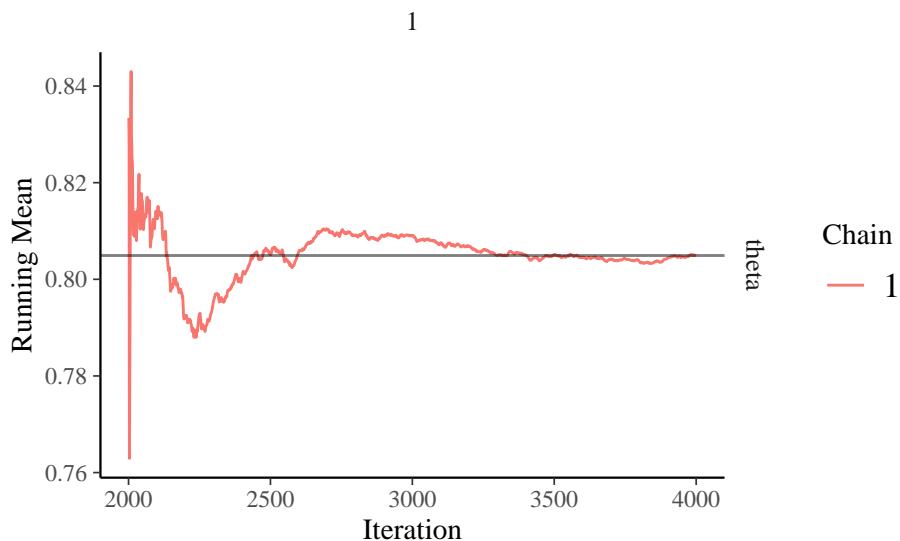
La prima catena può essere isolata nel modo seguente:

```
S1 <- S %>%
  dplyr::filter(
  Chain == 1,
  Parameter == "theta"
)
```

Una serie temporale della catena si ottiene con la funzione `ggcmc::ggs_running`:

```
ggcmc::ggs_running(S1)
```

a quello di un campione indipendente: i valori delle catene si addensano nell'intervallo dei valori più plausibili della distribuzione a posteriori; l'autocorrelazione tra i valori della catena diminuisce rapidamente; il rapporto campionario effettivo è ragionevolmente grande. Le catene che non sono *rapidly mixing* non godono delle caratteristiche di un campione indipendente: le catene non si addensano nell'intervallo dei valori più plausibili della distribuzione a posteriori; l'autocorrelazione tra i valori della catena diminuisce molto lentamente; il rapporto campionario effettivo è piccolo.



Il grafico precedente mostra che, per il modello bayesiano che stiamo discutendo, una condizione di equilibrio della catena di Markov richiederebbe un numero maggiore di iterazioni di quelle che sono state effettivamente simulate.

L'autocorrelazione di ordine 1 si ottiene nel modo seguente (si veda il Paragrafo 16.5):

```
cor(S1$value[-length(S1$value)], S1$value[-1])
#> [1] 0.471083
```

Questo valore corrisponde a ciò che è riportato nel correlogramma mostrato sopra.

18.5 Statistica \hat{R}

In precedenza abbiamo detto che non solo è necessario che ogni singola catena sia stazionaria, è anche necessario che le diverse catene siano coerenti tra loro. La statistica \hat{R} affronta questo problema calcolando il rapporto tra la varianza tra le catene markoviane e la varianza entro le catene. In una situazione ottimale $\hat{R} = 1$; se \hat{R} è lontano da 1 questo vuol dire che non è ancora stata raggiunta la convergenza.

È possibile calcolare \hat{R} mediante la chiamata alla funzione `bayesplot::rhat()`. Per il modello Beta-Binomiale applicato ai dati di Gautret et al. (2020) abbiamo:

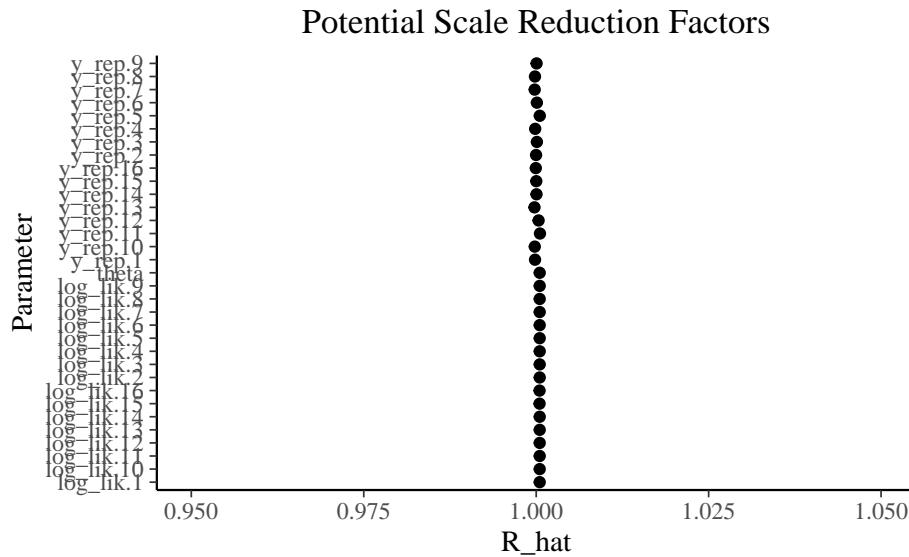
```
bayesplot::rhat(stanfit1, pars = "theta")
#> [1] 1.000499
```

il che indica che il valore \hat{R} ottenuto è molto simile al valore ottimale.

In maniera euristica, si può affermare che se \hat{R} supera la soglia di 1.05 questo viene interpretato come evidenza che le diverse catene parallele non producono approssimazioni coerenti della distribuzione a posteriori, quindi la simulazione è instabile.

Una rappresentazione grafica dei valori \hat{R} per tutti i parametri del modello si ottiene con la seguente chiamata:

```
ggmcmc::ggs_Rhat(S) + xlab("R_hat") + xlim(0.95, 1.05)
```



18.6 Diagnostica di convergenza di Geweke

La statistica diagnostica di convergenza di Geweke è basata su un test per l'uguaglianza delle medie della prima e dell'ultima parte di una catena di Markov (di default il primo 10% e l'ultimo 50% della catena). Se i due campioni sono estratti dalla distribuzione stazionaria della catena, le due medie sono statisticamente uguali e la statistica di Geweke ha una distribuzione asintotica Normale standardizzata.

Utilizzando l'oggetto `stanfit1`, possiamo recuperare la statistica di Geweke nel modo seguente:

```
fit_mcmc <- As.mcmc.list(
  stanfit1,
  pars = c("theta")
)
coda::geweke.diag(fit_mcmc, frac1 = .1, frac2 = .5)
#> [[1]]
#>
#> Fraction in 1st window = 0.1
#> Fraction in 2nd window = 0.5
#>
#>   theta
#> -0.8403
#>
#>
#> [[2]]
```

```
#>
#> Fraction in 1st window = 0.1
#> Fraction in 2nd window = 0.5
#>
#> theta
#> 0.0759
#>
#> [[3]]
#>
#> Fraction in 1st window = 0.1
#> Fraction in 2nd window = 0.5
#>
#> theta
#> -0.7616
#>
#> [[4]]
#>
#> Fraction in 1st window = 0.1
#> Fraction in 2nd window = 0.5
#>
#> theta
#> 1.878
```

Per interpretare questi valori ricordiamo che la statistica di Geweke è uguale a zero quando le medie delle due porzioni della catena di Markov sono uguali. Valori maggiori di $|2|$ suggeriscono che la catena non ha ancora raggiunto una distribuzione stazionaria.

Sintesi a posteriori

La distribuzione a posteriori è un modo per descrivere il nostro grado di incertezza rispetto al parametro incognito (o rispetto ai parametri incogniti) oggetto dell'inferenza. La distribuzione a posteriori contiene tutte le informazioni disponibili sui possibili valori del parametro. Se il parametro esaminato è monodimensionale (o bidimensionale) è possibile fornire un grafico di tutta la distribuzione a posteriori $p(\theta | y)$. Tuttavia, spesso vogliamo anche giungere ad una sintesi numerica della distribuzione a posteriori, soprattutto se il vettore dei parametri ha più di due dimensioni. A questo proposito è possibile utilizzare le consuete statistiche descrittive, come media, mediana, moda, varianza, deviazione standard e i quantili. In alcuni casi, queste statistiche descrittive sono più facili da presentare e interpretare rispetto alla rappresentazione grafica della distribuzione a posteriori.

La stima puntuale della tendenza centrale della distribuzione a posteriori fornisce informazioni su quello che può essere considerato come il “valore più plausibile” del parametro. L’intervallo di credibilità fornisce invece un’indicazione dell’ampiezza dell’intervallo che contiene una determinata quota della massa della distribuzione a posteriori del parametro.

19.1 Stima puntuale

Per sintetizzare la distribuzione a posteriori in modo da giungere ad una stima puntuale di θ si è soliti scegliere tra moda, mediana o media a seconda del tipo di distribuzione con cui si ha a che fare e della sua forma. Ogni stima puntuale ha una sua interpretazione.

- La media è il valore atteso a posteriori del parametro.
- La moda può essere interpretata come il singolo valore più credibile (“più plausibile”) del parametro, alla luce dei dati, ovvero il valore per il parametro θ che massimizza la distribuzione a posteriori. Per questa ragione la moda viene detta *massimo a posteriori*, MAP. Il limite della moda quale

statistica riassuntiva della distribuzione a posteriori è che, talvolta, tale distribuzione è multimodale e il MAP non è necessariamente il valore “più credibile”.

- La mediana è il valore del parametro tale per cui, su entrambi i lati di essa, giace il 50% della massa di probabilità a posteriori.

La misura di variabilità del parametro è la *varianza a posteriori* la quale, nel caso di una distribuzione a posteriori ottenuta per via numerica, si calcola con la formula della varianza che conosciamo rispetto alla tendenza centrale data dalla media a posteriori. La radice quadrata della varianza a posteriori è la *deviazione standard a posteriori* che descrive l’incertezza a posteriori circa il parametro di interesse nella stessa unità di misura dei dati.

Le procedure bayesiane basate sui metodi MCMC utilizzano un numero finito di campioni dalla distribuzione stazionaria, e una tale caratteristica della simulazione introduce un ulteriore livello di incertezza nella stima del parametro. L’*errore standard della stima* (in inglese *Monte Carlo standard error*, MCSE) misura l’accuratezza della simulazione. La deviazione standard a posteriori e l’errore standard della stima sono due concetti completamente diversi. La deviazione standard a posteriori descrive l’incertezza circa il parametro (l’ampiezza della distribuzione a posteriori) ed è una funzione della dimensione del campione; il MCSE descrive invece l’incertezza nella stima del parametro dovuta alla simulazione MCMC ed è una funzione del numero di iterazioni nella simulazione.

19.2 Intervallo di credibilità

Molto spesso la stima puntuale è accompagnata da una stima intervallare. Nella statistica bayesiana, se il parametro $\theta \in \Theta$ è monodimensionale, si dice *intervallo di credibilità* un intervallo di valori I_α che contiene la proporzione $1 - \alpha$ della massa di probabilità della funzione a posteriori:

$$p(\Theta \in I_\alpha | y) = 1 - \alpha. \quad (19.1)$$

L’intervallo di credibilità ha lo scopo di esprimere il nostro grado di incertezza riguardo la stima del parametro. Se il parametro θ è multidimensionale, si parla invece di “regione di credibilità”.

La condizione (19.1) non determina un unico intervallo di credibilità al $(1 - \alpha) \cdot 100\%$. In realtà esiste un numero infinito di tali intervalli. Ciò significa che dobbiamo definire alcune condizioni aggiuntive per la scelta dell’intervallo di credibilità. Esaminiamo due delle condizioni aggiuntive più comuni.

Intervallo di credibilità a code uguali

Un intervallo di credibilità *a code uguali* a livello α è un intervallo

$$I_\alpha = [q_{\alpha/2}, 1 - q_{\alpha/2}],$$

dove q_z è un quantile z della distribuzione a posteriori. Per esempio, l’intervallo di credibilità a code uguali al 95% è un intervallo

$$I_{0.05} = [q_{0.025}, q_{0.975}]$$

che lascia il 2.5% della massa di densità a posteriori in ciascuna coda.

Intervallo di credibilità a densità a posteriori più alta

Nell'intervallo di credibilità a code uguali alcuni valori del parametro che sono inclusi nell'intervallo possono avere una credibilità a posteriori più bassa rispetto a quelli esterni all'intervallo. L'intervalllo di credibilità *a densità a posteriori più alta* (in inglese *High Posterior Density Interval*, HPD) è invece costruito in modo tale da assicurare di includere nell'intervallo tutti i valori θ che sono a posteriori maggiormente credibili. Graficamente questo intervallo può essere ricavato tracciando una linea orizzontale sulla rappresentazione della distribuzione a posteriori e regolando l'altezza della linea in modo tale che l'area sottesa alla curva sia pari a $1 - \alpha$. Questo tipo di intervallo è il più stretto possibile, tra tutti i possibili intervalli di credibilità allo stesso livello di fiducia. Se la distribuzione a posteriori è simmetrica unimodale, l'intervallo di credibilità a densità a posteriori più alta corrisponde all'intervallo di credibilità a code uguali.

Interpretazione

L'interpretazione dell'intervallo di credibilità è molto intuitiva: l'intervallo di credibilità è un intervallo di valori all'interno del quale cade il valore del parametro incognito con un particolare livello di probabilità soggettiva. Possiamo dire che, dopo aver visto i dati crediamo, con un determinato livello di probabilità soggettiva, che il valore del parametro (ad esempio, la dimensione dell'effetto di un trattamento) abbia un valore compreso all'interno dell'intervallo che è stato calcolato, laddove per probabilità soggettiva intendiamo “il grado di fiducia che lo sperimentatore ripone nel verificarsi di un evento”. Gli intervalli di credibilità si calcolano con un software.

19.3 Un esempio concreto

Per fare un esempio pratico, consideriamo nuovamente i valori del BDI-II dei 30 soggetti clinici di Zetsche et al. (2019):

```
suppressPackageStartupMessages(library("bayesrules"))

df <- data.frame(
  y = c(
    26, 35, 30, 25, 44, 30, 33, 43, 22, 43,
    24, 19, 39, 31, 25, 28, 35, 30, 26, 31,
    41, 36, 26, 35, 33, 28, 27, 34, 27, 22
  )
)
```

Un valore BDI-II ≥ 30 indica la presenza di un livello “grave” di depressione. Nel campione clinico di Zetsche et al. (2019),

```
sum(df$y > 29)
#> [1] 17
```

17 pazienti su 30 manifestano un livello grave di depressione.

Supponiamo di volere stimare la distribuzione a posteriori della probabilità θ di depressione “grave” nei pazienti clinici, così come viene misurata dal test BDI-II, imponendo su θ una distribuzione a priori Beta(8, 2).

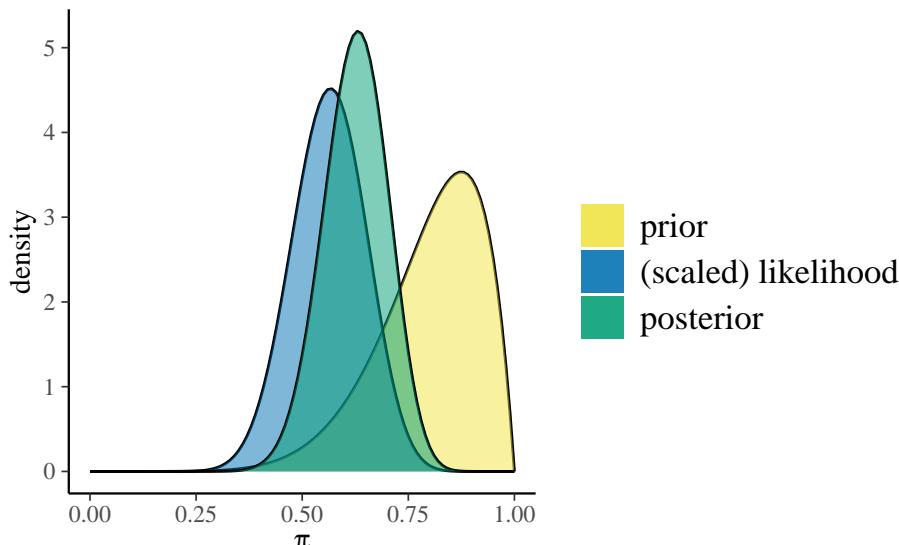
Sappiamo che il modello Beta-Binomiale può essere espresso nella forma seguente:

$$\begin{aligned} Y|\theta &\sim \text{Bin}(30, \theta) \\ \theta &\sim \text{Beta}(8, 2) \end{aligned}$$

con una corrispondente distribuzione a posteriori Beta(25, 15):

$$f(\theta|y = 17) = \frac{\Gamma(25 + 15)}{\Gamma(25)\Gamma(15)}\theta^{25-1}(1-\theta)^{15-1} \quad \text{for } \theta \in [0, 1]. \quad (19.2)$$

```
plot_beta_binomial(alpha = 8, beta = 2, y = 17, n = 30)
```



Stime puntuale della distribuzione a posteriori

Una volta trovata l’intera distribuzione a posteriori, quale valore di sintesi è necessario riportare? Questa sembra una domanda innocente, ma in realtà è una domanda a cui è difficile rispondere. La stima bayesiana dei parametri è fornita dall’intera distribuzione a posteriori, che non è un singolo numero, ma una funzione che mappa ciascun valore del parametro ad un valore di plausibilità. Quindi non è necessario scegliere una stima puntuale. In linea di principio, una stima puntuale non è quasi mai necessaria ed è spesso dannosa in quanto comporta una perdita di informazioni.

Tuttavia talvolta una tale sintesi è richiesta. Diverse risposte sono allora possibili. La media della distribuzione a posteriori per θ è

$$\mathbb{E}(\pi | y = 17) = \frac{\alpha}{\alpha + \beta} = \frac{25}{25 + 15} = 0.625.$$

Una stima del massimo della probabilità a posteriori, o brevemente massimo a posteriori, MAP (da *maximum a posteriori probability*), è la moda della distribuzione a posteriori. Nel caso presente, una stima del MAP può essere ottenuta

nel modo seguente:

$$\text{Mo}(\pi \mid y = 17) = \frac{\alpha - 1}{\alpha + \beta - 2} = \frac{25 - 1}{25 + 15 - 2} = 0.6316.$$

Gli stessi risultati si ottengono usando la chiamata a `bayesrules::summarize_beta_binomial()`:

```
summarize_beta_binomial(alpha = 8, beta = 2, y = 17, n = 30)
#>      model alpha beta  mean     mode     var
#> 1    prior     8     2 0.800 0.8750000 0.014545455
#> 2 posterior   25    15 0.625 0.6315789 0.005716463
#>           sd
#> 1 0.1206045
#> 2 0.0756073
```

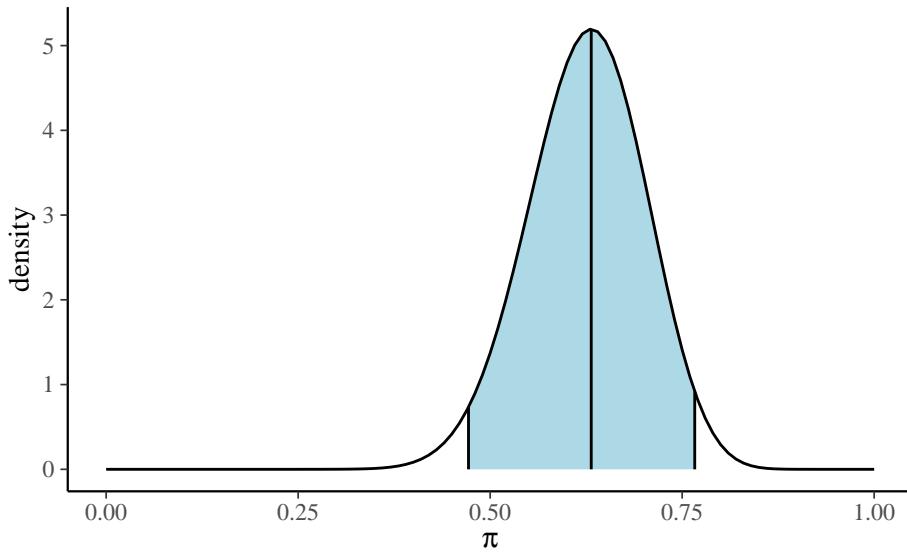
La mediana si ottiene con

```
qbeta(.5, shape1 = 25, shape2 = 15)
#> [1] 0.6271031
```

Intervallo di credibilità

È più comune sintetizzare la distribuzione a posteriori mediante l'intervallo di credibilità. Per esempio, l'intervallo di credibilità a code uguali al 95%

```
plot_beta_ci(alpha = 25, beta = 15, ci_level = 0.95)
```



è dato dalla chiamata

```
qbeta(c(0.025, 0.975), 25, 15)
#> [1] 0.4717951 0.7663607
```

Il calcolo precedente evidenzia l'interpretazione intuitiva dell'intervallo di credibilità. Tale intervallo, infatti, può essere interpretato come la probabilità che θ assuma valori compresi tra 0.472 e 0.766:

$$P(\theta \in (0.472, 0.766) | Y = 17) = \int_{0.472}^{0.766} f(\theta | y = 17) d\theta = 0.95,$$

ovvero

```
postFun <- function(theta) {  
  gamma(25 + 15) / (gamma(25) * gamma(15)) * theta^24 * (1 - theta)^14  
}  
integrate(  
  postFun,  
  lower = 0.4717951,  
  upper = 0.7663607  
)$value  
#> [1] 0.95
```

Possiamo costruire diversi intervalli di credibilità a code equivalenti. Ad esempio, l'intervallo di credibilità compreso tra il 25-esimo e il 75-esimo percentile è

```
qbeta(c(0.25, 0.75), 25, 15)  
#> [1] 0.5743878 0.6778673
```

ovvero, abbiamo una certezza a posteriori del 50% che la probabilità di depressione grave tra i pazienti clinici sia un valore compreso tra 0.57 e 0.68.

Non esiste un livello credibile “corretto”. I ricercatori, utilizzano vari livelli, ad esempio 50%, 80% o 95%, a seconda del contesto dell'analisi. Ciascuno di questi intervalli fornisce un'immagine diversa della nostra comprensione della distribuzione a posteriori del parametro di interesse.

Non è inoltre necessario riportare l'intervallo di credibilità a code uguali. Se la distribuzione a posteriori è fortemente asimmetrica è più sensato riportare l'intervallo di credibilità a densità a posteriori più alta. L'intervallo HPD risulta più semplice da determinare quando la distribuzione a posteriori viene approssimata con il metodo MCMC.

Probabilità della distribuzione a posteriori

Il test di ipotesi è un compito comune dell'analisi della distribuzione a posteriori. Supponiamo che si voglia conoscere la probabilità a posteriori che θ sia superiore a 0.5. Per sapere quanto credibile sia l'evento $\theta > 0.5$ possiamo calcolare il seguente integrale:

$$P(\theta > 0.5 | y = 17) = \int_{0.5}^1 f(\theta | y = 17) d\theta ,$$

dove $f(\cdot)$ è la distribuzione $(25, 15)$:

```
pbeta(0.5, shape1 = 25, shape2 = 15, lower.tail = FALSE)
#> [1] 0.9459355
```

il che è equivalente a:

```
postFun <- function(theta) {
  gamma(25 + 15) / (gamma(25) * gamma(15)) * theta^24 * (1 - theta)^14
}
integrate(
  postFun,
  lower = 0.5,
  upper = 1
)$value
#> [1] 0.9459355
```

È anche possibile formulare un test di ipotesi contrastando due ipotesi contrapposte. Per esempio, $H_1 : \theta \geq 0.5$ e $H_2 : \theta < 0.5$. Ciò consente di calcolare l'*odds a posteriori* di $\theta > 0.5$:

$$\text{posterior odds} = \frac{H_1 | y = 17}{H_2 | y = 17} \quad (19.3)$$

ovvero

```
posterior_odds <-
  pbeta(0.5, shape1 = 25, shape2 = 15, lower.tail = FALSE) /
  pbeta(0.5, shape1 = 25, shape2 = 15, lower.tail = TRUE)
posterior_odds
#> [1] 17.49642
```

L'odds a posteriori rappresenta l'aggiornamento delle nostre credenze dopo avere osservato $y = 17$ in $n = 30$. L'odds a priori di $\theta > 0.5$ era:

```
prior_odds <-
  pbeta(0.5, shape1 = 8, shape2 = 2, lower.tail = FALSE) /
  pbeta(0.5, shape1 = 8, shape2 = 2, lower.tail = TRUE)
prior_odds
#> [1] 50.2
```

Il *fattore di Bayes* (*Bayes Factor*; BF) confronta gli odds a posteriori con gli odds a priori e quindi fornisce informazioni su quanto sia mutata la nostra comprensione relativa a θ dopo avere osservato i nostri dati del campione:

$$\text{BF} = \frac{\text{odds a posteriori}}{\text{odds a priori}}.$$

Nel caso presente abbiamo

```
BF <- posterior_odds / prior_odds
BF
#> [1] 0.3485343
```

Quindi, dopo avere osservato i dati, gli odds a posteriori della nostra ipotesi a proposito di θ sono pari a solo il 34% degli odds a priori.

Per fare un altro esempio, consideriamo invece il caso in cui le credenze a priori rivelano una credenza diametralmente opposta rispetto a θ che nel caso considerato in precedenza, ovvero Beta(2, 8). In questo secondo caso, la distribuzione a posteriori diventa

```
summarize_beta_binomial(alpha = 2, beta = 8, y = 17, n = 30)
#> #>      model alpha beta   mean     mode      var
#> 1    prior     2     8 0.200 0.1250000 0.014545455
#> 2 posterior  19    21 0.475 0.4736842 0.006082317
#> #>      sd
#> 1 0.12060454
#> 2 0.07798921
```

e il BF è

```
posterior_odds <-
  pbeta(0.5, shape1 = 19, shape2 = 21, lower.tail = FALSE) /
  pbeta(0.5, shape1 = 19, shape2 = 21, lower.tail = TRUE)

prior_odds <-
  pbeta(0.5, shape1 = 2, shape2 = 8, lower.tail = FALSE) /
  pbeta(0.5, shape1 = 2, shape2 = 8, lower.tail = TRUE)

BF <- posterior_odds / prior_odds
BF
#> [1] 30.07239
```

In altre parole, in questo secondo esempio gli odds a posteriori della nostra ipotesi a proposito di θ sono aumentati di 30 volte rispetto agli odds a priori.

In generale, in un test di ipotesi che contrappone un'ipotesi sostantiva H_a ad un'ipotesi nulla H_0 il BF è un rapporto di odds per l'ipotesi sostantiva:

$$\text{Bayes Factor} = \frac{\text{posterior odds}}{\text{prior odds}} = \frac{P(H_a | Y)/P(H_0 | Y)}{P(H_a)/P(H_0)} .$$

Essendo un rapporto, il BF deve essere valutato rispetto al valore di 1. Ci sono tre possibilità:

- $\text{BF} = 1$: La credibilità di H_a non è cambiata dopo avere osservato i dati.
- $\text{BF} > 1$: La credibilità di H_a è aumentata dopo avere osservato i dati.
Quindi maggiore è BF, più convincente risulta l'evidenza per H_a .
- $\text{BF} < 1$: La credibilità di H_a è diminuita dopo avere osservato i dati.

Non ci sono delle soglie universalmente riconosciute per interpretare il BF. Per esempio, Lee e Wagenmakers (2014) propongono il seguente schema:

BF	Interpretation
> 100	Extreme evidence for H_a
30 - 100	Very strong evidence for H_a
10 - 30	Strong evidence for H_a
3 - 10	Moderate evidence for H_a
1 - 3	Anecdotal evidence for H_a
1	No evidence
1/3 - 1	Anecdotal evidence for H_0
1/10 - 1/3	Moderate evidence for H_0
1/30 - 1/10	Strong evidence for H_0
1/100 - 1/30	Very strong evidence for H_0
< 1/100	Extreme evidence for H_0

Tuttavia, è importante notare che l’opinione maggiormente diffusa nella comunità scientifica sia quella che incoraggia a non trarre conclusioni rigide dai dati utilizzando dei criteri fissati una volta per tutte. Pertanto, non esiste una soglia univoca per il BF che consente di classificare le ipotesi dei ricercatori nelle due categorie “vero” o “falso”. Invece, è più utile adottare una pratica più flessibile capace di tenere in considerazione il contesto e le potenziali implicazioni di ogni singolo test di ipotesi. Inoltre, è stato molte volte ripetuto che la distribuzione a posteriori è molto più informativa di una decisione binaria: la rappresentazione di tutta la distribuzione a posteriori fornisce una misura olistica del nostro livello di incertezza riguardo all’affermazione (il parametro, ovvero l’ipotesi) che viene valutata.

Considerazioni conclusive

Questo capitolo introduce le procedure di base per la manipolazione della distribuzione a posteriori. Lo strumento fondamentale che è stato utilizzato è quello fornito dai campioni di valori del parametro che vengono estratti dalla distribuzione a posteriori. Lavorare con campioni di valori del parametro estratti dalla distribuzione a posteriori trasforma un problema di calcolo integrale in un problema di riepilogo dei dati. Abbiamo visto le procedure maggiormente usate che consentono di utilizzare i campioni a posteriori per produrre indici di sintesi della distribuzione a posteriori: gli intervalli di credibilità e le stime puntuali.

Distribuzione predittiva a posteriori

Oltre ad una sintesi della distribuzione a posteriori attraverso il computo di indici caratteristici e alla verifica delle ipotesi, un altro compito dell'analisi bayesiana è la predizione di nuovi dati futuri.

Definizione 20.1. La *distribuzione predittiva a posteriori* (*posterior predictive distribution*, PPD)

$$p(\tilde{y} | y) = \int_{\theta} p(\tilde{y} | \theta)p(\theta | y)d\theta \quad (20.1)$$

è la distribuzione di un nuovo campione di possibili osservazioni \tilde{Y} avendo già osservato n manifestazioni dello stesso fenomeno $Y = y$.

La (20.1) descrive la nostra incertezza sui dati previsti futuri data la distribuzione a posteriori per θ che abbiamo ottenuto, ovvero tenendo conto della scelta del modello e della stima dei parametri mediante i dati osservati. La distribuzione predittiva a posteriori viene usata per fare inferenze predittive, cioè per prevedere la distribuzione di nuovi dati non osservati.

20.1 Schema Beta-Binomiale

Consideriamo un'altra volta il campione di pazienti clinici depressi di Zetsche et al. (2019) – si veda l'Appendice H. Supponiamo di volere esaminare in futuro altri 20 pazienti clinici e ci chiediamo quanti di essi ($\tilde{y} \in \{0, 1, \dots, 20\}$) manifesteranno una depressione grave.

Se vogliamo fare predizioni su \tilde{y} dobbiamo innanzitutto riconoscere che i valori $\tilde{y} \in [0, 20]$ non sono tutti egualmente plausibili. Sappiamo che \tilde{y} è una v.c. binomiale con distribuzione

$$p(\tilde{y} | \theta) = \binom{20}{\tilde{y}} \theta^{\tilde{y}} (1 - \theta)^{20 - \tilde{y}}. \quad (20.2)$$

La v.c. \tilde{y} dipende da θ , ma θ è essa stessa una variabile casuale. Avendo osservato $y = 23$ successi in $n = 30$ prove nel campione a disposizione (laddove la

presenza di una depressione grave è considerata un “successo”), e avendo assunto come distribuzione a priori per θ una Beta(2, 10), per continuare con l’esempio precedente, la distribuzione a posteriori di θ sarà una Beta(25, 9). Per trovare la distribuzione sui possibili dati previsti futuri \tilde{y} dobbiamo dunque applicare la (20.1):

$$p(\tilde{y} | y = 23) = \int_0^1 p(\tilde{y} | \theta)p(\theta | y = 23)d\theta . \quad (20.3)$$

Per il modello Beta-Binomiale, che stiamo discutendo, è possibile trovare una soluzione analitica all’equazione (20.1):

$$\begin{aligned} p(\tilde{y} | y) &= \int_0^1 p(\tilde{y} | \theta)p(\theta | y) d\theta \\ &= \int_0^1 \binom{\tilde{n}}{\tilde{y}} \theta^{\tilde{y}} (1 - \theta)^{\tilde{n}-\tilde{y}} \text{Beta}(a + y, b + n - y) d\theta \\ &= \binom{\tilde{n}}{\tilde{y}} \int_0^1 \theta^{\tilde{y}} (1 - \theta)^{\tilde{n}-\tilde{y}} \frac{1}{B(a + y, b + n - y)} \theta^{a+y-1} (1 - \theta)^{b+n-y-1} \\ &= \binom{\tilde{n}}{\tilde{y}} \frac{1}{B(a + y, b + n - y)} \int_0^1 \theta^{\tilde{y}+a+y-1} (1 - \theta)^{\tilde{n}-\tilde{y}+b+n-y-1} \\ &= \binom{\tilde{n}}{\tilde{y}} \frac{B(\tilde{y} + a + y, b + n - y + \tilde{n} - \tilde{y})}{B(a + y, b + n - y)} . \end{aligned} \quad (20.4)$$

Svolgendo i calcoli in R, per i dati dell’esempio otteniamo:

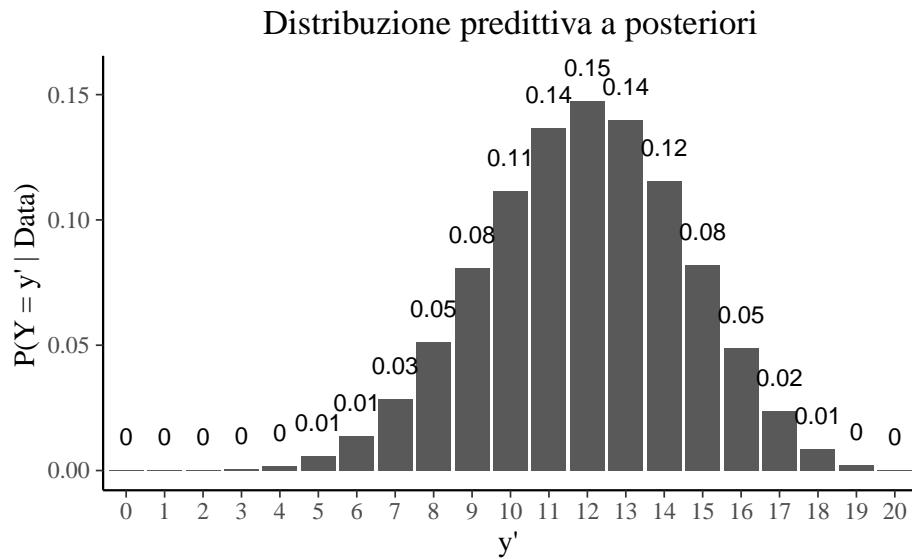
```
# Beta Binomial Predictive distribution function
# https://rpubs.com/FJRubio/BetaBinomialPred
BetaBinom <- Vectorize(
  function(rp) {
    log_val <- lchoose(np, rp) +
      lbeta(rp + a + y, b + n - y + np - rp) -
      lbeta(a + y, b + n - y)
    return(exp(log_val))
  }
)

n <- 30
y <- 23
a <- 2
b <- 10
np <- 20
data.frame(
  heads = 0:20,
  pmf = BetaBinom(0:20)
) %>%
  ggplot(aes(x = factor(heads), y = pmf)) +
  geom_col() +
  geom_text(
```

```

aes(label = round(pmf, 2), y = pmf + 0.01),
position = position_dodge(0.9),
size = 3,
vjust = 0
) +
labs(
  title = "Distribuzione predittiva a posteriori",
  x = "y'",
  y = "P(Y = y' | Data)"
)

```

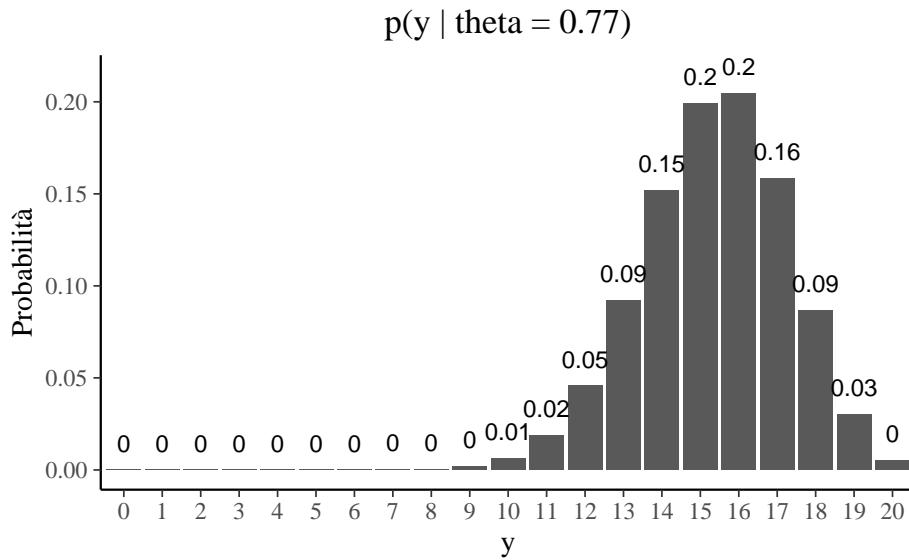


È facile vedere che, in questo esempio, la distribuzione predittiva a posteriori $p(\tilde{y} | y)$ è diversa dalla binomiale di parametro $\theta = 23/30$:

```

tibble(
  heads = 0:20,
  pmf = dbinom(x = 0:20, size = 20, prob = 23 / 30)
) %>%
  ggplot(aes(x = factor(heads), y = pmf)) +
  geom_col() +
  geom_text(
    aes(label = round(pmf, 2), y = pmf + 0.01),
    position = position_dodge(0.9),
    size = 3,
    vjust = 0
  ) +
  labs(
    title = "p(y | theta = 0.77)",
    x = "y",
    y = "Probabilità"
)

```



In particolare, la $p(\tilde{y} | y)$ ha una varianza maggiore di $\text{Bin}(y | \theta = 0.77, n = 20)$. Questa maggiore varianza riflette le due fonti di incertezza che sono presenti nella (20.1): l'incertezza sul valore del parametro (descritta dalla distribuzione a posteriori) e l'incertezza dovuta alla variabilità campionaria (descritta dalla funzione di verosimiglianza). Possiamo concludere la discussione di questo esempio dicendo che, nel caso di 20 nuovi pazienti clinici, ci aspettiamo di osservare 12 pazienti che manifestano una depressione severa, anche se è ragionevole aspettarci un numero compreso, diciamo, tra 8 e 16.

Una volta trovata la distribuzione predittiva a posteriori $p(\tilde{y} | y)$ diventa possibile rispondere a domande come: qual è la probabilità che almeno 10 dei 20 pazienti futuri mostrino una depressione grave? Rispondere a domande di questo tipo è possibile, ma richiede un po' di lavoro — non ci sono funzioni R che svolgano questi calcoli per noi. Tuttavia, non è importante imparare a risolvere problemi di questo tipo perché, in generale, anche per problemi solo leggermente più complessi di quello discusso qui, non sono disponibili espressioni analitiche della distribuzione predittiva a posteriori. Mediante simulazioni MCMC, invece, è possibile trovare una approssimazione numerica della $p(\tilde{y} | y)$. In tali circostanze, è più facile rispondere alle domande che ci siamo posti.

20.2 Metodi MCMC per la distribuzione predittiva a posteriori

Utilizzando la notazione di Gelman et al. (2014), chiamiamo y^{rep} i dati previsti futuri che potrebbero venire osservati se l'esperimento casuale che ha prodotto y venisse ripetuto, ovvero una realizzazione futura del modello statistico con gli stessi valori dei parametri θ che hanno prodotto y . Gelman et al. (2014) distinguono y^{rep} (repliche sotto lo stesso modello statistico) da \tilde{y} , che corrisponde invece ad un effettivo campione empirico di dati osservato in qualche futura occasione.

Mostreremo qui come ottenere $p(y^{rep} | y)$ quale stima di $p(\tilde{y} | y)$. Se svolgiamo l'analisi bayesiana con il metodo MCMC, $p(y^{rep} | y)$ può essere ottenuta nel modo seguente:

- campionare $\theta_i \sim p(\theta | y)$, ovvero campionare un valore del parametro dalla distribuzione a posteriori;
- campionare $y^{rep} \sim p(y^{rep} | \theta_i)$, ovvero campionare il valore di un'osservazione dalla funzione di verosimiglianza condizionata al valore del parametro definito nel passo precedente.

Se i due passaggi descritti sopra vengono ripetuti un numero sufficiente di volte, l'istogramma risultante approssimerà la distribuzione predittiva a posteriori che, in teoria (ma non in pratica) potrebbe essere ottenuta per via analitica (si deva il Paragrafo 20.1).

Vediamo ora come calcolare $p(y^{rep} | y)$ usando Stan. Qui di seguito è riportato il codice Stan per fare inferenza su una proporzione — si veda il Capitolo 17:

```
modelString <- "
data {
  int<lower=0> N;
  int<lower=0, upper=1> y[N];
}
parameters {
  real<lower=0, upper=1> theta;
}
model {
  theta ~ beta(2, 10);
  y ~ bernoulli(theta);
}
generated quantities {
  int y_rep[N];
  real log_lik[N];
  for (n in 1:N) {
    y_rep[n] = bernoulli_rng(theta);
    log_lik[n] = bernoulli_lpmf(y[n] | theta);
  }
}
"
writeLines(modelString, con = "code/betabin23-30-2-10.stan")
```

Si noti che nel blocco generated quantities sono state aggiunte le istruzioni necessarie per simulare y^{rep} , ovvero, $y_rep[n] = bernoulli_rng(theta);$.

Svolgiamo ora la simulazione. I dati dell'esempio che stiamo discutendo sono:

```
data_list <- list(
  N = 30,
```

```
y = c(rep(1, 23), rep(0, 7))  
)
```

Compiliamo il codice Stan

```
file <- file.path("code", "betabin23-30-2-10.stan")  
mod <- cmdstan_model(file)
```

ed eseguiamo il campionamento MCMC:

```
fit <- mod$sample(  
  data = data_list,  
  iter_sampling = 4000L,  
  iter_warmup = 2000L,  
  seed = SEED,  
  chains = 4L,  
  parallel_chains = 4L,  
  refresh = 0,  
  thin = 1  
)
```

Per comodità, trasformiamo l'oggetto `fit` in un oggetto di classe `stanfit`:

```
stanfit <- rstan::read_stan_csv(fit$output_files())
```

Il contenuto dell'oggetto `stanfit` si può esaminare nel modo seguente:

```
list_of_draws <- extract(stanfit)  
print(names(list_of_draws))  
#> [1] "theta"    "y_rep"    "log_lik"   "lp__"
```

Occupiamoci ora della distribuzione predittiva a posteriori¹. Usando l'oggetto `stanfit` creiamo `y_bern`:

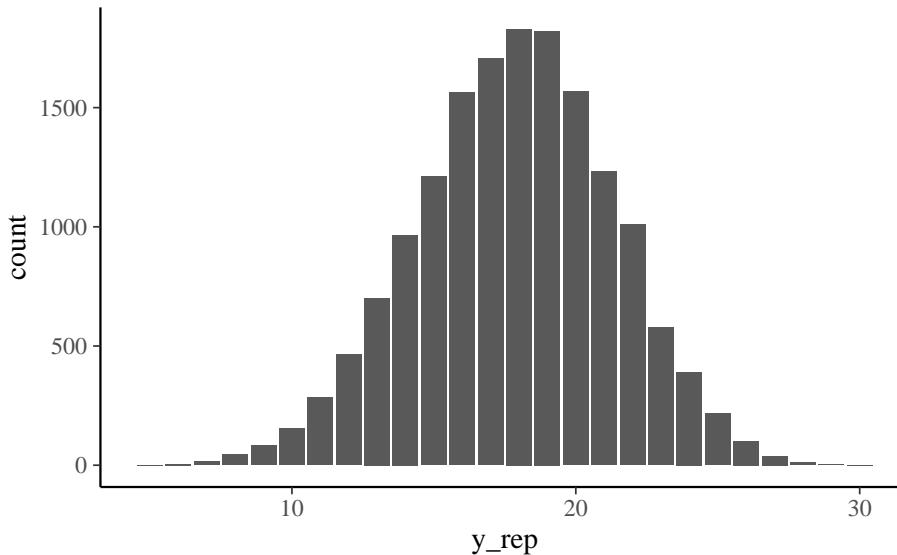
```
y_bern <- list_of_draws$y_rep  
dim(y_bern)  
#> [1] 16000    30  
head(y_bern)  
#>  
#> iterations [,1] [,2] [,3] [,4] [,5] [,6] [,7] [,8] [,9]  
#>      [1,]    0    1    1    0    0    1    1    1    1  
#>      [2,]    1    0    1    0    1    1    1    1    1  
#>      [3,]    1    1    0    1    1    1    0    1    1  
#>      [4,]    0    1    1    1    0    1    1    1    1  
#>      [5,]    0    1    1    0    0    1    1    0    1  
#>      [6,]    1    1    1    0    0    0    0    1    0
```

¹Un approfondimento di questa analisi statistica è fornita nell'Appendice K

```
#>
#> iterations [,10] [,11] [,12] [,13] [,14] [,15] [,16] [,17]
#> [1,] 1 1 0 0 0 1 1 1 0
#> [2,] 1 1 1 1 1 0 1 1 0
#> [3,] 0 0 1 1 1 1 1 1 1
#> [4,] 1 1 1 0 1 0 0 1 1
#> [5,] 0 1 1 0 1 1 1 0 0
#> [6,] 1 1 1 1 0 1 1 1 0
#>
#> iterations [,18] [,19] [,20] [,21] [,22] [,23] [,24] [,25]
#> [1,] 1 0 1 1 0 1 0 0
#> [2,] 0 1 1 1 0 1 1 1
#> [3,] 1 1 1 0 1 0 1 0
#> [4,] 1 1 1 1 1 1 1 1
#> [5,] 1 1 1 0 0 1 1 1
#> [6,] 0 1 0 0 1 0 1 1
#>
#> iterations [,26] [,27] [,28] [,29] [,30]
#> [1,] 0 1 1 1 0
#> [2,] 1 0 1 1 1
#> [3,] 1 0 1 1 0
#> [4,] 0 0 1 0 1
#> [5,] 1 0 1 0 0
#> [6,] 1 1 1 1 0
```

Dato che il codice Stan definisce un modello per i dati grezzi (ovvero, per ciascuna singola prova Bernoulliana del campione), ogni riga di `y_bern` include 30 colonne, ciascuna delle quali è una stima di un nuovo futuro valore possibile $y_i \in \{0, 1\}$. Per ottenere `y_rep`, ovvero, il numero previsto di “successi” in nuove future $N = 30$ prove è sufficiente calcolare la somma dei valori di ciascuna riga. Ripetendo questa operazione per tutte le 16000 righe otteniamo una stima della distribuzione predittiva a posteriori:

```
data.frame(y_rep = rowSums(y_bern)) %>%
  ggplot(aes(x = y_rep)) +
  stat_count()
```



Si noti che la simulazione di y_{rep} assume che l'ampiezza del campione di dati futuri sia uguale all'ampiezza del campione di dati osservati — nel caso presente $n = 30$.

20.3 Posterior predictive checks

La distribuzione predittiva a posteriori viene utilizzata per eseguire i cosiddetti *Posterior Predictive Checks* (PPC). I PPC vengono utilizzati per valutare l'*accuratezza predittiva* del modello, ovvero per confrontare con metodi grafici la distribuzione dei dati osservati y con la stima della distribuzione predittiva a posteriori $p(y^{rep} | y)$. Confrontando visivamente gli aspetti chiave dei dati previsti futuri y^{rep} e dei dati osservati y possiamo determinare se il modello è adeguato. Se il modello si adatta bene ai dati, la distribuzione di y^{rep} è molto simile alla distribuzione dei dati osservati. In altre parole, i dati osservati devono risultare plausibili alla luce della distribuzione predittiva a posteriori.

Oltre al confronto tra le distribuzioni di y e di y^{rep} è anche possibile un confronto tra la distribuzione di varie statistiche descrittive, i cui valori sono calcolati su diversi campioni y^{rep} , e le corrispondenti statistiche descrittive calcolate sui dati osservati. Vengono solitamente considerate statistiche descrittive quali la media, la varianza, la deviazione standard, il minimo o il massimo. Ma confronti di questo tipo sono possibili per qualunque statistica descrittiva. Questi confronti sono appunto chiamati PPC.

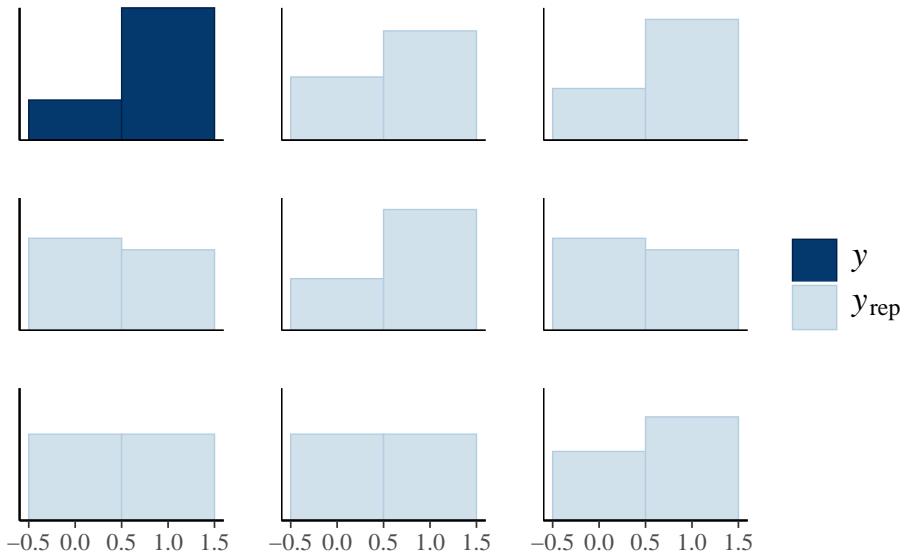
Per l'esempio presente, una volta eseguito il campionamento MCMC e ottenuto un oggetto di classe `stanfit`, è possibile usare le funzionalità del pacchetto `bayesplot` per eseguire i PPC. Nel caso presente, il campione di dati ha dimensioni esigue, per cui i PPC rifletteranno la grande incertezza dell'inferenza.

Dall'oggetto `stanfit` estraiamo y^{rep} :

```
y_rep <- as.matrix(stanfit, pars = "y_rep")
dim(y_rep)
#> [1] 16000     30
```

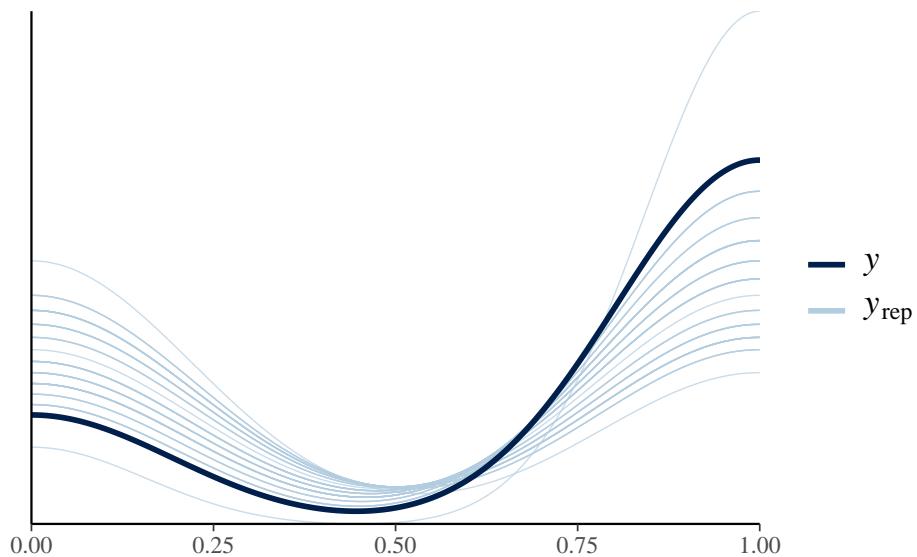
Qui sotto esaminiamo la distribuzione della y insieme alla distribuzione di 8 campioni y^{rep} :

```
ppc_hist(data_list$y, y_rep[1:8, ], binwidth = 1)
```



La corrispondenza tra le distribuzioni della y e di y^{rep} è solo parziale. Il confronto è più facile se sovrapponiamo graficamente i kernel density plot della y e di y^{rep} (qui usiamo 50 campioni y^{rep}):

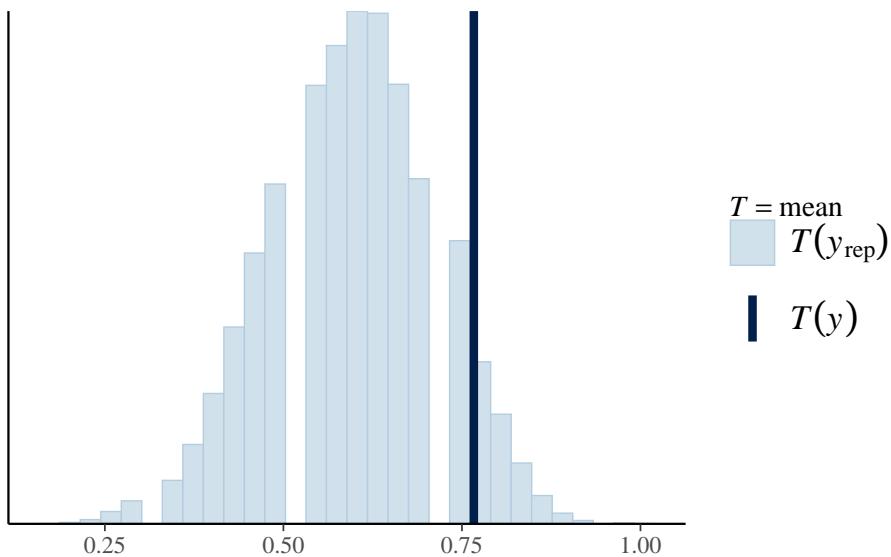
```
ppc_dens_overlay(data_list$y, y_rep[1:50, ])
```



Anche in questo caso c'è una corrispondenza solo approssimativa tra l'istogramma lisciato della y e quello di y^{rep} — ciò è dovuto al fatto che il campione è molto piccolo.

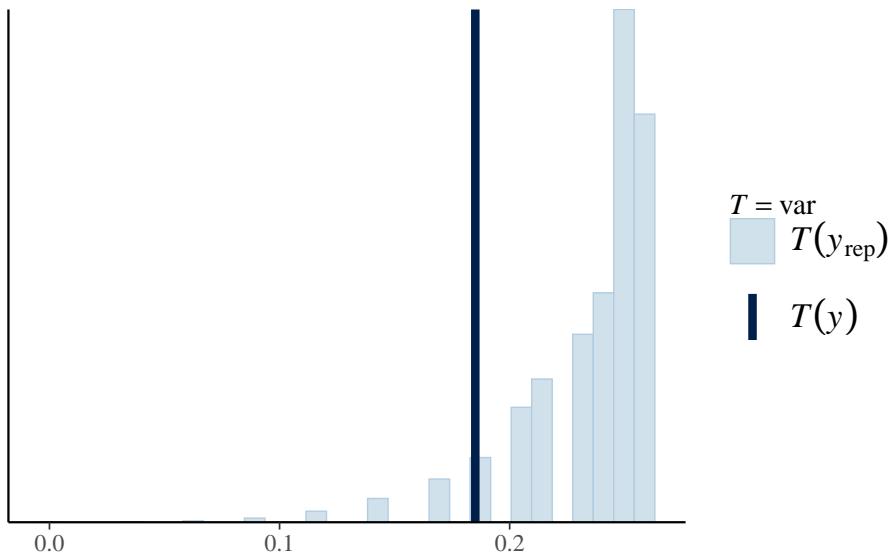
La distribuzione predittiva a posteriori è comunque in grado di rappresentare abbastanza bene la media di y :

```
ppc_stat(data_list$y, y_rep, stat = "mean")
```



Lo stesso si può dire della varianza:

```
ppc_stat(data_list$y, y_rep, stat = "var")
```



Nell'esempio successivo considereremo un campione più grande e vedremo come i PPC possano fornirci delle indicazioni sulla mancanza di adattamento del modello ai dati.

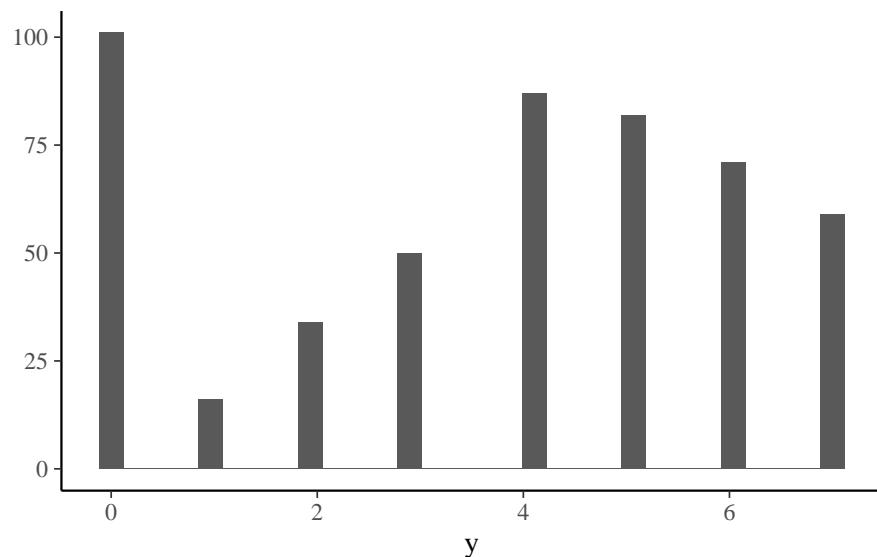
PPC per il modello di Poisson

Le istruzioni R qui utilizzate sono state recuperate dalla seguente [pagina web](#). Nell'esempio discusso da Jonah Gabry e Aki Vehtari vengono usati i seguenti dati:


```
0L, 2L, 5L, 0L, 0L, 6L, 0L, 0L,  
6L, 5L, 4L, 6L, 4L, 5L, 5L, 4L, 0L,  
3L, 4L, 3L, 3L, 5L, 3L, 4L, 5L, 7L,  
0L, 0L, 1L, 4L, 6L, 3L, 5L, 7L, 6L,  
6L, 5L, 0L, 5L, 4L, 0L, 0L, 2L, 6L,  
0L, 6L, 0L, 4L, 5L, 6L, 3L, 4L, 2L,  
3L, 4L, 0L, 5L, 0L, 0L, 0L, 3L,  
4L, 7L, 6L, 7L, 7L, 3L, 4L, 4L, 7L,  
4L, 5L, 2L, 5L, 6L  
)  
  
N <- length(y)
```

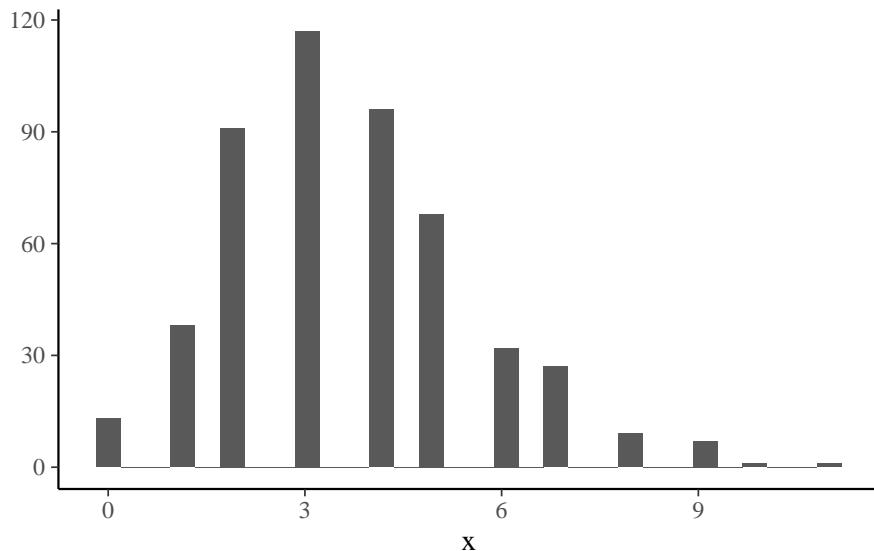
Per questi dati sembra appropriato un modello di Poisson.

```
qplot(y)
```



Un istogramma di un campione casuale della stessa ampiezza di y tratto dalla distribuzione di Poisson è il seguente:

```
x <- rpois(N, mean(y))  
qplot(x)
```



È chiaro però che i due istogrammi sono molto diversi.

Anche se sospettiamo che non sarà un buon modello per questi dati, è comunque una buona idea iniziare adattando ai dati il modello più semplice, ovvero quello di Poisson. Partendo da lì possiamo poi cercare di capire in che modo il modello è inadeguato.

```
modelString <- "
data {
  int<lower=1> N;
  int<lower=0> y[N];
}
parameters {
  real<lower=0> lambda;
}
model {
  lambda ~ exponential(0.2);
  y ~ poisson(lambda);
}
generated quantities {
  int y_rep[N];
  for (n in 1:N) {
    y_rep[n] = poisson_rng(lambda);
  }
}
"
writeLines(modelString, con = "code/code_poisson.stan")
```

Creiamo un oggetto di tipo `list` dove inserire i dati:

```
data_list <- list(
  y = y,
```

```
N = length(y)
)
```

Adattando il modello ai dati

```
file <- file.path("code", "code_poisson.stan")
mod <- cmdstan_model(file)
fit <- mod$sample(
  data = data_list,
  iter_sampling = 4000L,
  iter_warmup = 2000L,
  seed = SEED,
  chains = 4L,
  parallel_chains = 4L,
  refresh = 0,
  thin = 1
)
```

otteniamo la seguente stima del parametro λ :

```
fit$summary(c("lambda"))
#> # A tibble: 1 x 10
#>   variable  mean median    sd    mad    q5    q95 rhat
#>   <chr>    <dbl>  <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
#> 1 lambda    3.66   3.66  0.0839 0.0837  3.52  3.80  1.00
#> # ... with 2 more variables: ess_bulk <dbl>, ess_tail <dbl>
```

Confrontiamo λ con la media di y :

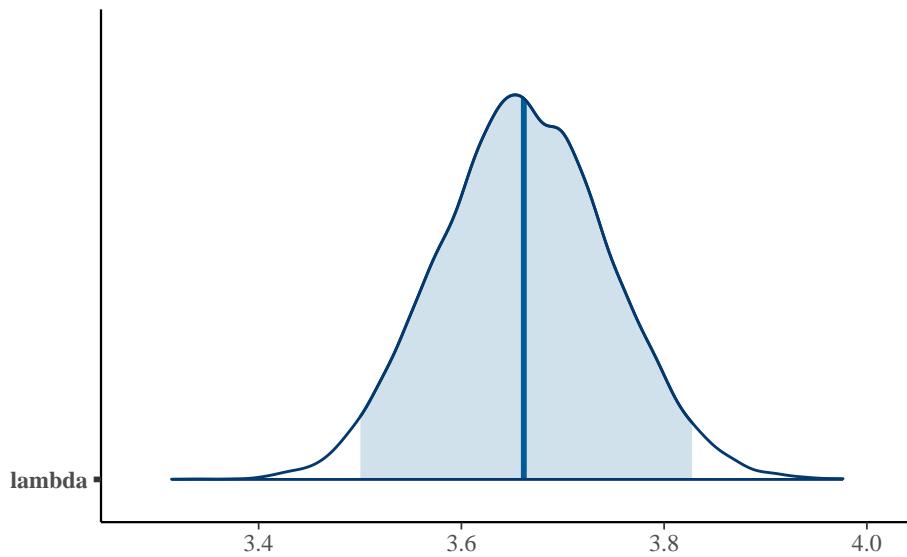
```
mean(y)
#> [1] 3.662
```

Anche se trova la media giusta, il modello non è comunque adeguato a prevedere le altre proprietà della y . Trasformiamo `fit` in un oggetto `stanfit`:

```
stanfit <- rstan::read_stan_csv(fit$output_files())
```

La distribuzione a posteriori di λ è

```
lambda_draws <- as.matrix(stanfit, pars = "lambda")
mcmc_areas(lambda_draws, prob = 0.95) # color 95% interval
```

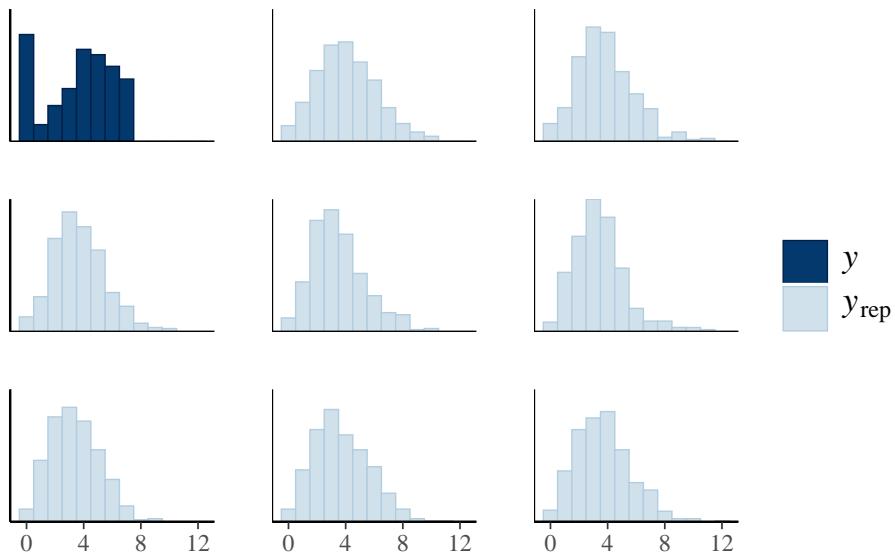


Estraiamo y^{rep} dall'oggetto `stanfit`:

```
y_rep <- as.matrix(stanfit, pars = "y_rep")
dim(y_rep)
#> [1] 16000    500
```

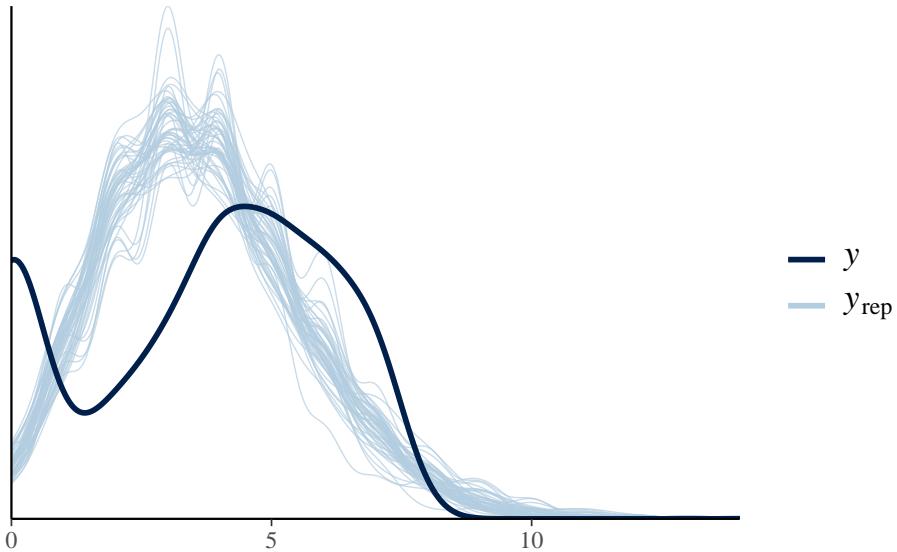
Il confronto tra l'istogramma della y e gli istogrammi di diversi campioni y^{rep} mostra una scarsa corrispondenza tra i due:

```
ppc_hist(y, y_rep[1:8, ], binwidth = 1)
```



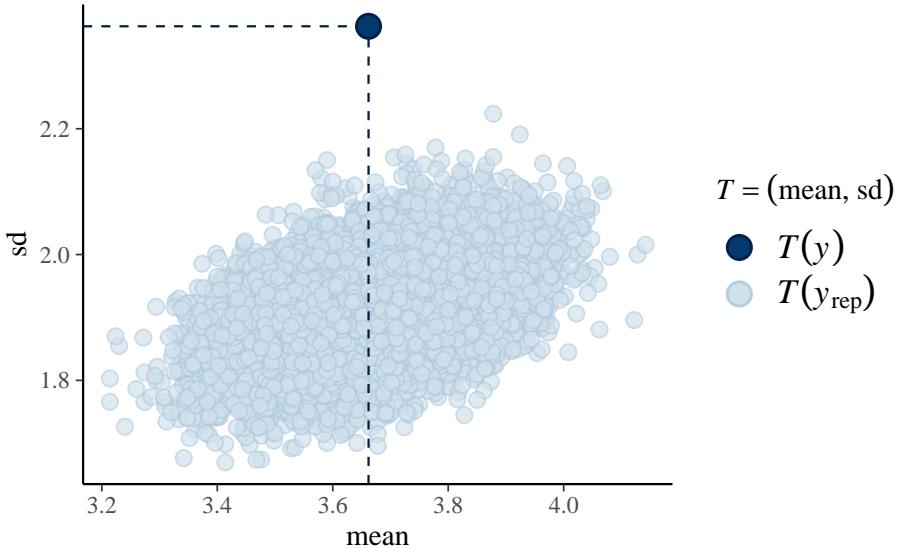
Alla stessa conclusione si giunge tramite un confronto tra la funzione di densità empirica della y e quella di diversi campioni y^{rep} :

```
ppc_dens_overlay(y, y_rep[1:50, ])
```



Eseguiamo ora i PPC per la media e la deviazione standard:

```
ppc_stat_2d(y, y_rep, stat = c("mean", "sd"))
```



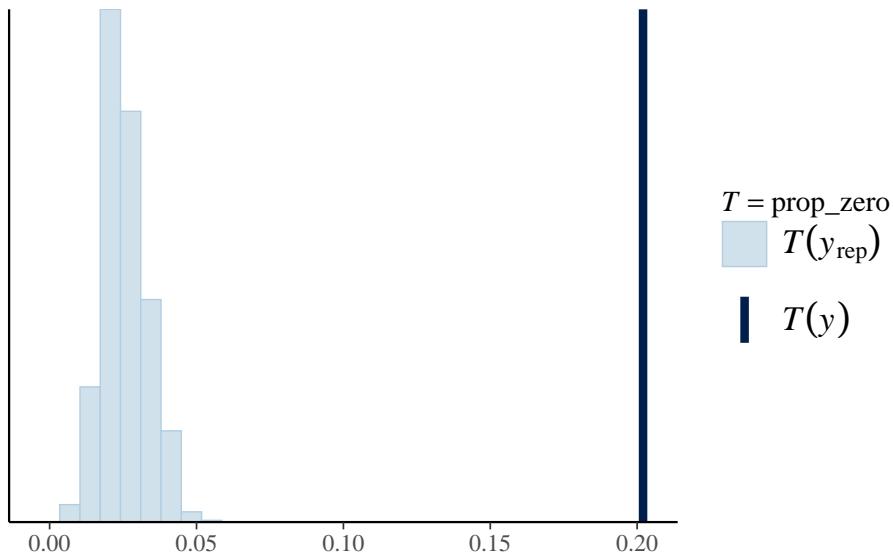
Mentre la media viene riprodotta accuratamente dal modello (come avevamo visto sopra), ciò non è vero per la deviazione stanard dei dati. La domanda è quale sia l'origine di questa mancanza di adattamento.

Calcoliamo ora la proporzione di zeri in y e nei campioni y^{rep} .

```
prop_zero <- function(x) mean(x == 0)
print(prop_zero(y))
#> [1] 0.202
```

Eseguendo il PPC sulla proporzione di zeri

```
ppc_stat(y, y_rep, stat = "prop_zero")
```



notiamo che il modello non è assolutamente in grado di catturare la proporzione di casi nei quali la variabile Y assume il valore 0. In altri termini, i dati presentano un'inflazione di valori 0 rispetto a quelli che sono previsti da un modello di Poisson. Questo è un problema che si verifica spesso nei dati empirici.

Per ovviare al problema dell'inflazione di valori pari a 0 è possibile definire un modello di tipo “hurdle” che consente la presenza di una proporzione di valori pari a 0 maggiore di quanto normalmente previsto dalla distribuzione di Poisson. Senza entrare nei dettagli di come questo viene fatto, Gabry e Vehtari definiscono il seguente modello:

```
modelString2 <- "
data {
  int<lower=1> N;
  int<lower=0> y[N];
}
transformed data {
  int U = max(y); // upper truncation point
}
parameters {
  real<lower=0,upper=1> theta; // Pr(y = 0)
  real<lower=0> lambda; // Poisson rate parameter (if y > 0)
}
model {
  lambda ~ exponential(0.2);

  for (n in 1:N) {
    if (y[n] == 0) {
      target += log(theta); // log(Pr(y = 0))
    } else {
      target += log(lambda);
      target -= lambda;
    }
  }
}
```

```
    } else {
        target += log1m(theta); // log(Pr(y > 0))
        y[n] ~ poisson(lambda) T[1,U]; // truncated poisson
    }
}
generated quantities {
    real log_lik[N];
    int y_rep[N];
    for (n in 1:N) {
        if (bernoulli_rng(theta)) {
            y_rep[n] = 0;
        } else {
            int w; // temporary variable
            w = poisson_rng(lambda);
            while (w == 0 || w > U)
                w = poisson_rng(lambda);

            y_rep[n] = w;
        }
        if (y[n] == 0) {
            log_lik[n] = log(theta);
        } else {
            log_lik[n] = log1m(theta)
            + poisson_lpmf(y[n] | lambda)
            - log_diff_exp(poisson_lcdf(U | lambda),
                            poisson_lcdf(0 | lambda));
        }
    }
}
"
writeLines(modelString2, con = "code/code_poisson_hurdle.stan")
```

Adattiamo il modello ai dati:

```
file2 <- file.path("code", "code_poisson_hurdle.stan")
mod2 <- cmdstan_model(file2)

fit2 <- mod2$sample(
    data = data_list,
    iter_sampling = 4000L,
    iter_warmup = 2000L,
    seed = SEED,
    chains = 4L,
    parallel_chains = 4L,
    refresh = 0,
    thin = 1
)
```

In questo caso otteniamo una stima di λ diversa da quella ottenuta in precedenza:

```
fit2$summary(c("lambda", "theta"))
#> # A tibble: 2 × 10
#>   variable  mean median    sd    mad   q5   q95 rhat
#>   <chr>     <dbl>  <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
#> 1 lambda    5.31   5.30  0.163  0.164  5.05  5.58  1.00
#> 2 theta     0.203  0.203  0.0177 0.0179 0.175  0.233  1.00
#> # ... with 2 more variables: ess_bulk <dbl>, ess_tail <dbl>
```

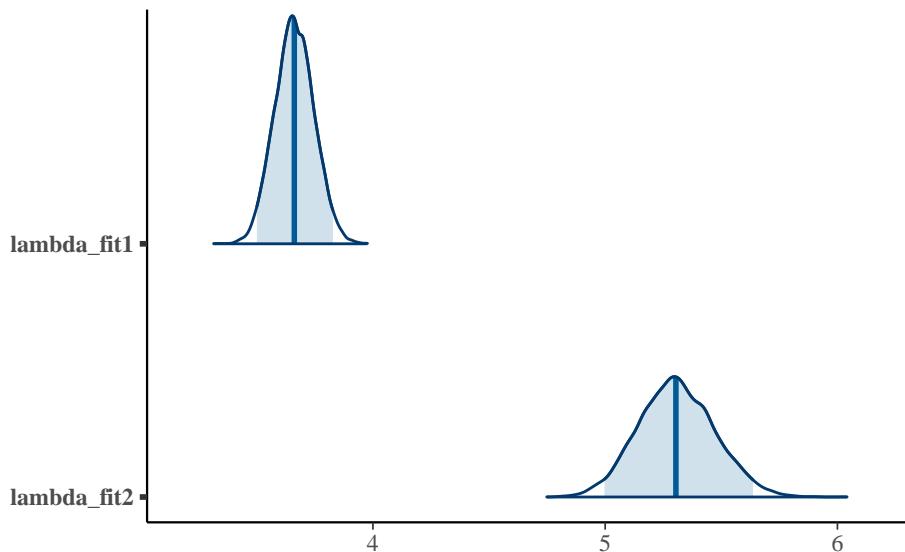
Si noti che il parametro θ viene usato per modellizzare l'eccesso di valori 0.

Eseguiamo un confronto tra le distribuzioni a posteriori di λ per i due modelli si ottiene nel modo seguente:

```
stanfit2 <- rstan::read_stan_csv(fit2$output_files())
```

```
lambda_draws2 <- as.matrix(stanfit2, pars = "lambda")

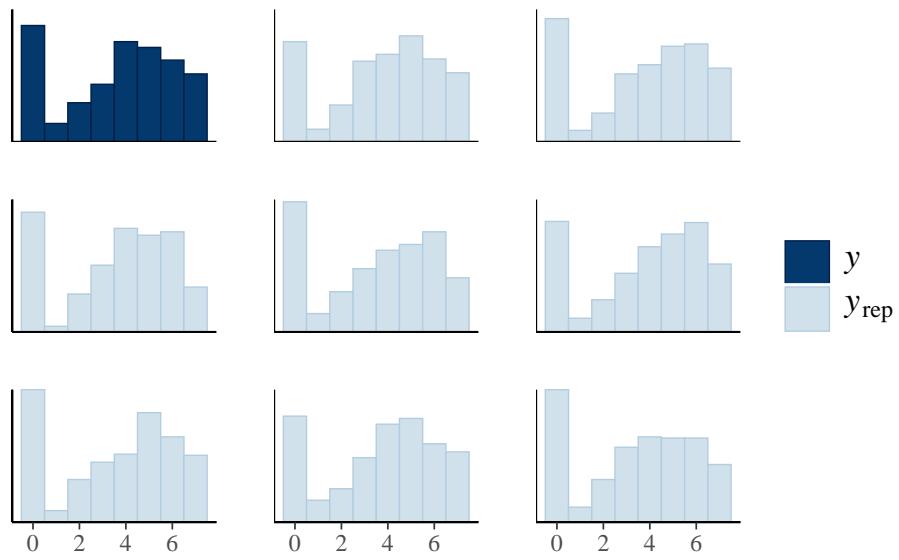
lambda_fit1 <- cbind(
  lambda_fit1 = lambda_draws[, 1],
  lambda_fit2 = lambda_draws2[, 1]
)
mcmc_areas(lambda_fit1, prob = 0.95) # color 95% interval
```



Rifacciamo i grafici esaminati in precedenza (e alcuni altri), ma questa volta estraendo y^{rep} da fit2:

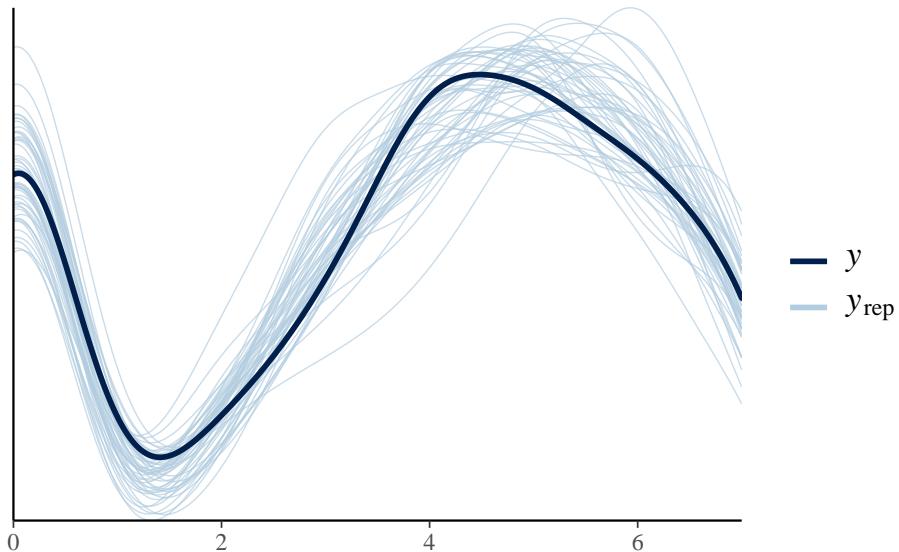
```
y_rep2 <- as.matrix(stanfit2, pars = "y_rep")
ppc_hist(y, y_rep2[1:8, ], binwidth = 1)
```

20. DISTRIBUZIONE PREDITTIVA A POSTERIORI

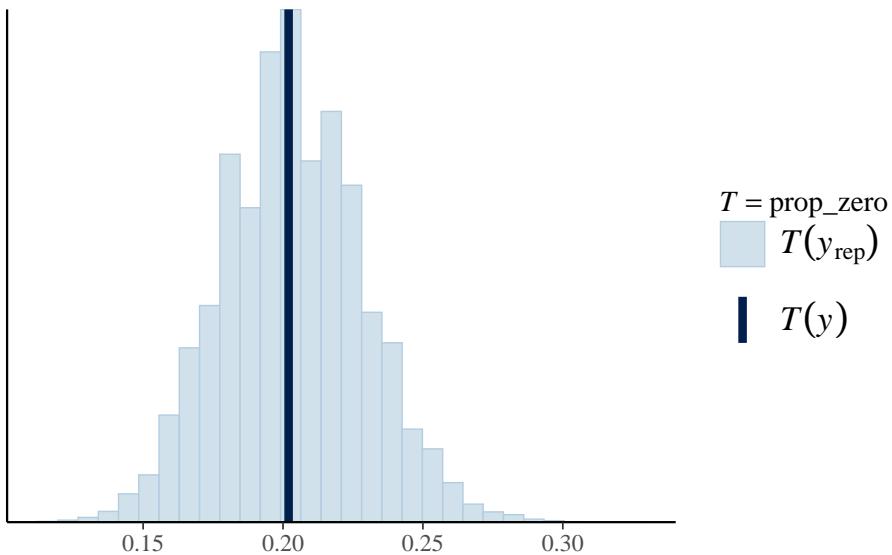


In questo caso la distribuzione di y^{rep} è molto simile alla distribuzione di y .

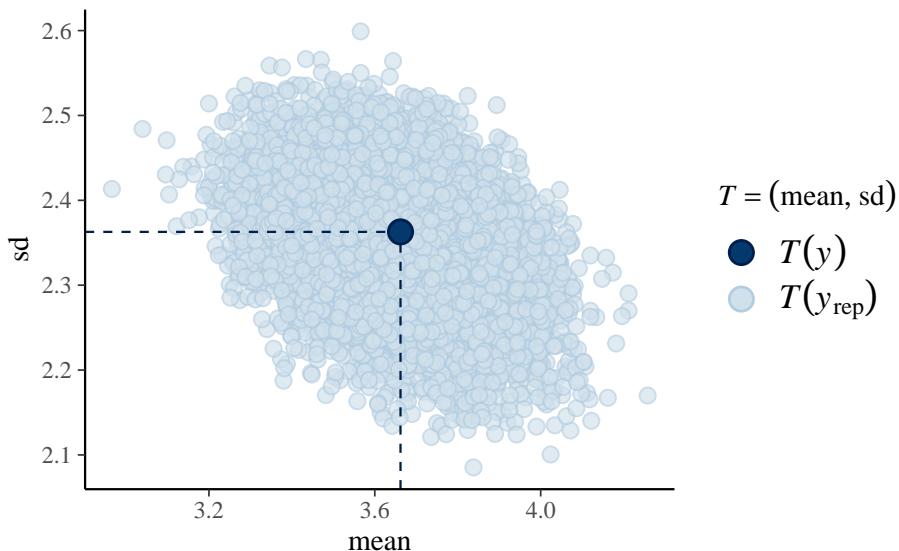
```
ppc_dens_overlay(y, y_rep2[1:50, ])
```



```
ppc_stat(y, y_rep2, stat = "prop_zero")
```



```
ppc_stat_2d(y, y_rep2, stat = c("mean", "sd"))
```



In conclusione, l'accuratezza predittiva del modello “hurdle” è chiaramente migliore di quella del modello di Poisson.

Considerazioni conclusive

Questo capitolo abbiamo discusso i controlli predittivi a posteriori. A questo proposito è necessario notare un punto importante: i controlli predittivi a posteriori, quando suggeriscono un buon adattamento del modello alle caratteristiche dei dati previsti futuri y^{rep} , non forniscono una forte evidenza della capacità del modello di generalizzarsi a nuovi campioni di dati. Infatti, una tale evidenza sulla generalizzabilità del modello può essere solo fornita da studi di *cross-validation*, ovvero da studi nei quali viene utilizzato un *nuovo* campione di dati. D'altra parte, invece, se i PPC mostrano un cattivo adattamento del modello ai dati

previsti futuri, questo fornisce una forte evidenza di una errata specificazione del modello.

Modello Normale-Normale

21.1 Distribuzione Normale-Normale con varianza nota

Per σ^2 nota, la v.c. Normale è distribuzione a priori coniugata della v.c. Normale. Siano Y_1, \dots, Y_n n variabili casuali i.i.d. che seguono la distribuzione Normale:

$$Y_1, \dots, Y_n \stackrel{iid}{\sim} \mathcal{N}(\mu, \sigma).$$

Si vuole stimare μ sulla base di n osservazioni y_1, \dots, y_n . Considereremo qui solamente il caso in cui σ^2 sia supposta perfettamente nota.

Ricordiamo che la densità di una Normale è

$$p(y_i | \mu, \sigma) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} \exp\left\{-\frac{(y_i - \mu)^2}{2\sigma^2}\right\}.$$

Essendo le variabili i.i.d., possiamo scrivere la densità congiunta come il prodotto delle singole densità e quindi si ottiene

$$p(y | \mu) = \prod_{i=1}^n p(y_i | \mu).$$

Una volta osservati i dati y , la verosimiglianza diventa

$$\begin{aligned}
 \mathcal{L}(\mu | y) &= \prod_{i=1}^n p(y_i | \mu) = \\
 &\frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} \exp\left\{-\frac{(y_1 - \mu)^2}{2\sigma^2}\right\} \times \\
 &\frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} \exp\left\{-\frac{(y_2 - \mu)^2}{2\sigma^2}\right\} \times \\
 &\vdots \\
 &\frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} \exp\left\{-\frac{(y_n - \mu)^2}{2\sigma^2}\right\}.
 \end{aligned} \tag{21.1}$$

Se viene scelta una densità a priori Normale, ciò fa sì che anche la densità a posteriori sia Normale. Supponiamo che

$$p(\mu) = \frac{1}{\tau_0\sqrt{2\pi}} \exp\left\{-\frac{(\mu - \mu_0)^2}{2\tau_0^2}\right\}, \tag{21.2}$$

ovvero che la distribuzione a priori di μ sia Normale con media μ_0 e varianza τ_0^2 . Possiamo dire che μ_0 rappresenta il valore ritenuto più probabile per μ e τ_0^2 il grado di incertezza che abbiamo rispetto a tale valore.

Svolgendo una serie di passaggi algebrici, si arriva a

$$p(\mu | y) = \frac{1}{\tau_p\sqrt{2\pi}} \exp\left\{-\frac{(\mu - \mu_p)^2}{2\tau_p^2}\right\}, \tag{21.3}$$

dove

$$\mu_p = \frac{\frac{1}{\tau_0^2}\mu_0 + \frac{n}{\sigma^2}\bar{y}}{\frac{1}{\tau_0^2} + \frac{n}{\sigma^2}} \tag{21.4}$$

e

$$\tau_p^2 = \frac{1}{\frac{1}{\tau_0^2} + \frac{n}{\sigma^2}}. \tag{21.5}$$

In altri termini, se la distribuzione a priori per μ è Normale, la distribuzione a posteriori è anch'essa Normale con valore atteso (a posteriori) μ_p e varianza (a posteriori) τ_p^2 date dalle espressioni precedenti.

In conclusione, il risultato trovato indica che:

- il valore atteso a posteriori è una media pesata fra il valore atteso a priori μ_0 e la media campionaria \bar{y} ; il peso della media campionaria è tanto maggiore tanto più è grande n (il numero di osservazioni) e τ_0^2 (l'incertezza iniziale);
- l'incertezza (varianza) a posteriori τ_p^2 è sempre più piccola dell'incertezza a priori τ_0^2 e diminuisce al crescere di n .

21.2 Il modello Normale con Stan

Per esaminare un esempio pratico, consideriamo i 30 valori BDI-II dei soggetti clinici di Zetsche et al. (2019):

```
df <- data.frame(
  y = c(
    26.0, 35.0, 30, 25, 44, 30, 33, 43, 22, 43,
    24, 19, 39, 31, 25, 28, 35, 30, 26, 31, 41,
    36, 26, 35, 33, 28, 27, 34, 27, 22
  )
)
```

Calcoliamo le statistiche descrittive del campione di dati:

```
df %>%
  summarise(
    sample_mean = mean(y),
    sample_sd = sd(y)
  )
#> #> sample_mean sample_sd
#> 1 30.93333 6.606858
```

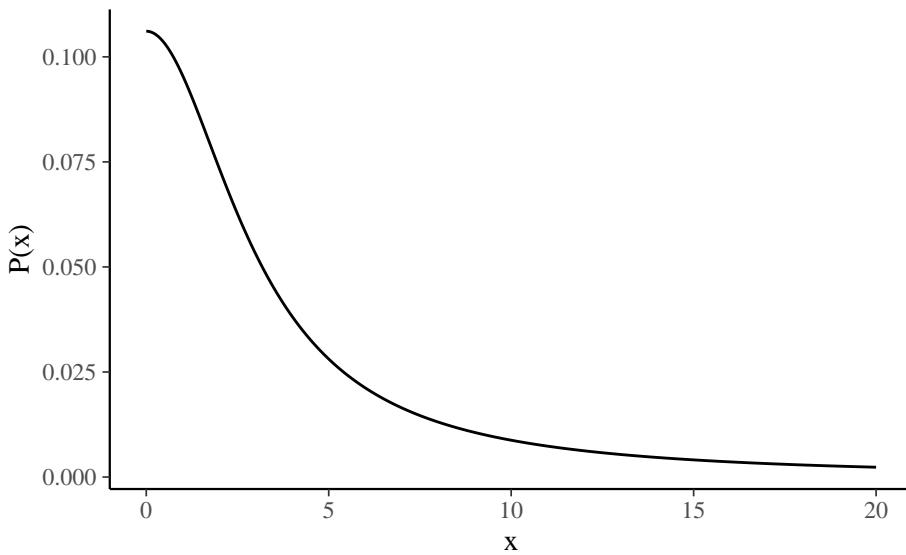
Nella discussione seguente assumeremo che μ e σ siano indipendenti. Assegneremo a μ una distribuzione a priori $\mathcal{N}(25, 2)$ e a σ una distribuzione a priori $\text{Cauchy}(0, 3)$.

Il modello statistico diventa:

$$\begin{aligned} Y_i &\sim \mathcal{N}(\mu, \sigma) \\ \mu &\sim \mathcal{N}(\mu_\mu = 25, \sigma_\mu = 2) \\ \sigma &\sim \text{Cauchy}(0, 3) \end{aligned}$$

In base al modello definito, la variabile casuale Y segue la distribuzione Normale di parametri μ e σ . Il parametro μ è sconosciuto e abbiamo deciso di descrivere la nostra incertezza relativa ad esso mediante una distribuzione a priori Normale con media uguale a 25 e deviazione standard pari a 2. L'incertezza relativa a σ è quantificata da una distribuzione a priori half-Cauchy(0, 5), come indicato nella figura seguente:

```
data.frame(x = c(0, 20)) %>%
  ggplot(aes(x)) +
  stat_function(
    fun = dcauchy,
    n = 1e3,
    args = list(location = 0, scale = 3)
  ) +
  ylab("P(x)") +
  theme(legend.position = "none")
```

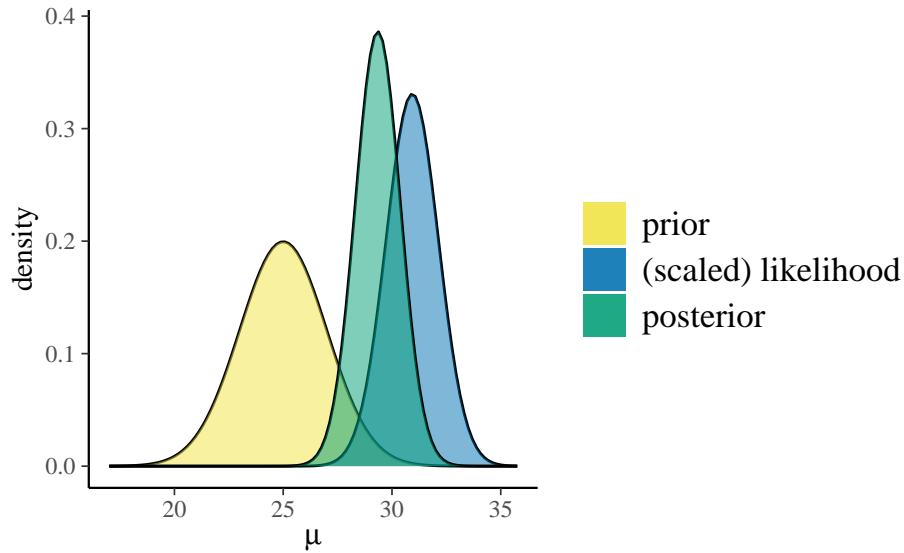


Dato che il modello è Normale-Normale, è possibile una soluzione analitica, come descritto in precedenza per il caso in cui σ è noto. In tali condizioni, la distribuzione a posteriori per μ può essere trovata con la funzione `bayesrules:::summarize_normal_normal()`:

```
bayesrules:::summarize_normal_normal(
  mean = 25, sd = 2, sigma = sd(df$y), y_bar = mean(df$y), n = 30
)
#>      model      mean      mode      var      sd
#> 1    prior 25.00000 25.00000 4.000000 2.000000
#> 2 posterior 29.35073 29.35073 1.066921 1.032919
```

La rappresentazione grafica della funzione a priori, della verosimiglianza e della distribuzione a posteriori per μ è fornita da:

```
bayesrules:::plot_normal_normal(
  mean = 25, sd = 2, sigma = sd(df$y), y_bar = mean(df$y), n = 30
)
```



La procedura MCMC utilizzata da Stan è basata su un campionamento Monte Carlo Hamiltoniano che non richiede l'uso di distribuzioni a priori coniugate. Pertanto per i parametri è possibile scegliere una qualunque distribuzione a priori arbitraria.

Per continuare con l'esempio, poniamoci il problema di trovare le distribuzioni a posteriori dei parametri μ e σ usando le funzioni del pacchetto `cmdstanr`. Il modello statistico descritto sopra si può scrivere in Stan nel modo seguente:

```
modelString <- "
data {
  int<lower=0> N;
  vector[N] y;
}
parameters {
  real mu;
  real<lower=0> sigma;
}
model {
  mu ~ normal(25, 2);
  sigma ~ cauchy(0, 3);
  y ~ normal(mu, sigma);
}
"
writeLines(modelString, con = "code/normalmodel.stan")
```

Si noti che, nel modello, il parametro σ è considerato incognito.

Sistemiamo i dati nel formato appropriato per potere essere letti da Stan:

```
data_list <- list(
  N = length(df$y),
  y = df$y
)
```

21. MODELLO NORMALE-NORMALE

Leggiamo il file in cui abbiamo salvato il codice Stan

```
file <- file.path("code", "normalmodel.stan")
```

compiliamo il modello

```
mod <- cmdstan_model(file)
```

ed eseguiamo il campionamento MCMC:

```
fit <- mod$sample(  
  data = data_list,  
  iter_sampling = 4000L,  
  iter_warmup = 2000L,  
  seed = SEED,  
  chains = 4L,  
  parallel_chains = 2L,  
  refresh = 0,  
  thin = 1  
)
```

Le stime a posteriori dei parametri si ottengono con:

```
fit$summary(c("mu", "sigma"))  
#> # A tibble: 2 x 10  
#>   variable  mean median    sd  mad    q5    q95  rhat  
#>   <chr>     <dbl>  <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>  
#> 1 mu        29.3   29.3  1.10  1.09  27.4  31.0  1.00  
#> 2 sigma      6.88   6.78  0.956  0.907  5.50  8.58  1.00  
#> # ... with 2 more variables: ess_bulk <dbl>, ess_tail <dbl>
```

oppure, dopo avere trasformato l'oggetto fit nel formato stanfit,

```
stanfit <- rstan::read_stan_csv(fit$output_files())
```

con

```
out <- rstantools::posterior_interval(as.matrix(stanfit), prob = 0.95)  
out  
#>           2.5%      97.5%  
#> mu      27.03928  31.305245  
#> sigma    5.31728  9.039887  
#> lp__   -77.93218 -74.273895
```

Possiamo dunque concludere, con un grado di certezza soggettiva del 95%, che siamo sicuri che la media della popolazione da cui abbiamo tratto i dati è compresa nell'intervallo [27.04, 31.31].

21.3 Il modello normale con `quap()`

Ripetiamo l'analisi precedente usando le funzioni del pacchetto `rethinking` per trovare le distribuzioni a posteriori dei parametri μ e σ . Definiamo il modello statistico mediante la funzione `alist()`:

```
flist <- alist(
  y ~ dnorm(mu, sigma),
  mu ~ dnorm(25, 2),
  sigma ~ dcauchy(0, 3)
)
```

Le precedenti istruzioni R specificano una variabile casuale Y che si distribuisce come una Normale di parametri μ e σ ; questa è la verosimiglianza. La distribuzione a priori del parametro μ è una Normale di media 25 e deviazione standard 2. La distribuzione a priori del parametro σ è una half-Cauchy di parametri `location = 0` e `scale = 3`.

Usiamo la funzione `quap()` per ottenere l'approssimazione quadratica delle distribuzioni a posteriori di μ e σ :

```
set.seed(123)
m <- quap(
  flist,
  data = df
)
```

L'intervallo di credibilità al 95% è dato dalla funzione `precis()`:

```
out <- precis(m, prob = 0.95)
out
#>           mean      sd    2.5%   97.5%
#> mu     29.387976 1.0632785 27.303989 31.471964
#> sigma  6.500837 0.8473294  4.840102  8.161572
```

I risultati sono simili a quelli trovati in precedenza.

21.4 Il modello normale con `brm()`

Stimiamo ora la distribuzione a posteriori di μ usando la funzione `brms::brm()`. In questo caso non è necessario scrivere il modello in forma esplicita, come abbiamo fatto usando linguaggio Stan. La sintassi specificata di seguito viene comunque trasformata in linguaggio Stan prima di adattare il modello ai dati:

```
fit3 <- brm(
  data = df,
  family = gaussian(),
  y ~ 1,
  prior = c(
```

21. MODELLO NORMALE-NORMALE

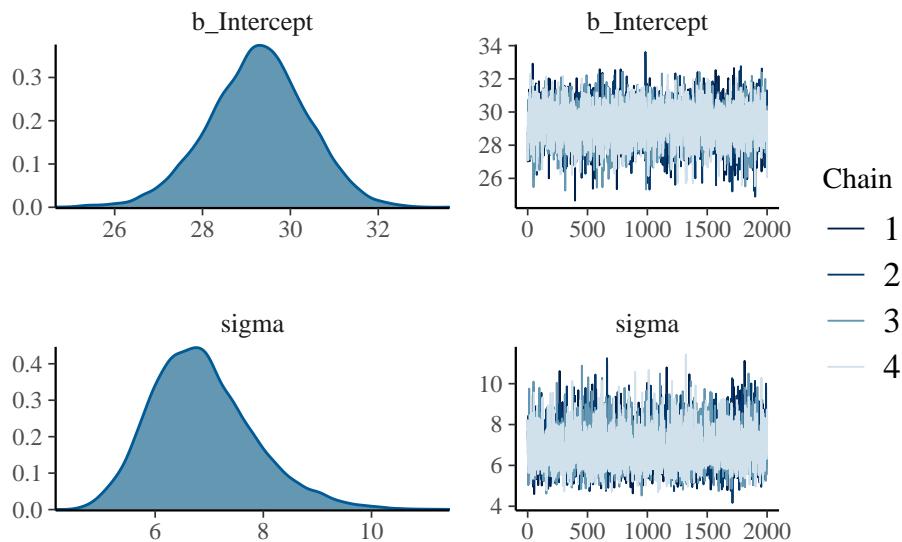
```

prior(normal(25, 2), class = Intercept),
prior(cauchy(0, 3), class = sigma)
),
iter = 4000,
refresh = 0,
chains = 4
)

```

I trace-plot si ottengono con l'istruzione seguente:

```
plot(fit3)
```



Le stime della distribuzione a posteriori si ottengono con la funzione `summary()`:

```

summary(fit3)
#> Family: gaussian
#> Links: mu = identity; sigma = identity
#> Formula: y ~ 1
#> Data: df (Number of observations: 30)
#> Draws: 4 chains, each with iter = 4000; warmup = 2000; thin = 1;
#>          total post-warmup draws = 8000
#>
#> Population-Level Effects:
#>             Estimate Est.Error l-95% CI u-95% CI Rhat
#> Intercept     29.26      1.13    26.97    31.39 1.00
#>             Bulk_ESS Tail_ESS
#> Intercept     4660      3929
#>
#> Family Specific Parameters:
#>             Estimate Est.Error l-95% CI u-95% CI Rhat Bulk_ESS
#> sigma        6.88      0.95     5.28     9.05 1.00      4666
#>             Tail_ESS

```

```
#> sigma    5272
#>
#> Draws were sampled using sampling(NUTS). For each parameter, Bulk_ESS
#> and Tail_ESS are effective sample size measures, and Rhat is the potential
#> scale reduction factor on split chains (at convergence, Rhat = 1).
```

Nuovamente, i risultati sono molto simili a quelli ottenuti in precedenza.

Considerazioni conclusive

Questo esempio ci mostra come calcolare l'intervallo di credibilità per la media di una v.c. Normale. La domanda più ovvia di analisi dei dati, dopo avere visto come creare l'intervallo di credibilità per la media di un gruppo, riguarda il confronto tra le medie di due gruppi. Questo però è un caso speciale di una tecnica di analisi dei dati più generale, chiamate analisi di regressione lineare. Prima di discutere il problema del confronto tra le medie di due gruppi è dunque necessario esaminare il modello statistico di regressione lineare.

Introduzione alla regressione lineare

Lo scopo della ricerca è trovare le associazioni tra le variabili e fare confronti fra le condizioni sperimentali. Nel caso della psicologia, il ricercatore vuole scoprire le leggi generali che descrivono le relazioni tra i costrutti psicologici e le relazioni che intercorrono tra i fenomeni psicologici e quelli non psicologici (sociali, economici, storici, ...). Abbiamo già visto come la correlazione di Pearson sia uno strumento adatto a questo scopo. Infatti, essa ci informa sulla direzione e sull'intensità della relazione lineare tra due variabili. Tuttavia, la correlazione non è sufficiente, in quanto il ricercatore ha a disposizione solo i dati di un campione, mentre vorrebbe descrivere la relazione tra le variabili nella popolazione. A causa della variabilità campionaria, le proprietà dei campioni sono necessariamente diverse da quelle della popolazione: ciò che si può osservare nella popolazione potrebbe non emergere nel campione e, al contrario, il campione manifesta caratteristiche che non sono necessariamente presenti nella popolazione. È dunque necessario chiarire, dal punto di vista statistico, il legame che intercorre tra le proprietà del campione e le proprietà della popolazione da cui esso è stato estratto. Il modello di regressione utilizza la funzione matematica più semplice per descrivere la relazione fra due variabili, ovvero la funzione lineare. In questo Capitolo vedremo come si possa fare inferenza sulla relazione tra due variabili mediante il modello di regressione bayesiano. Inizieremo a descrivere le proprietà geometriche della funzione lineare per poi utilizzare questa semplice funzione per costruire un modello statistico secondo un approccio bayesiano.

22.1 La funzione lineare

Iniziamo con un ripasso sulla funzione di lineare. Si chiama *funzione lineare* una funzione del tipo

$$f(x) = a + bx, \quad (22.1)$$

dove a e b sono delle costanti. Il grafico di tale funzione è una retta di cui il

parametro b è detto *coefficiente angolare* e il parametro a è detto *intercetta* con l'asse delle y [infatti, la retta interseca l'asse y nel punto $(0, a)$, se $b \neq 0$].

Per assegnare un'interpretazione geometrica alle costanti a e b si consideri la funzione

$$y = bx. \quad (22.2)$$

Tale funzione rappresenta un caso particolare, ovvero quello della *proporzionalità diretta* tra x e y . Il caso generale della linearità

$$y = a + bx \quad (22.3)$$

non fa altro che sommare una costante a a ciascuno dei valori $y = bx$. Nella funzione lineare $y = a + bx$, se b è positivo allora y aumenta al crescere di x ; se b è negativo allora y diminuisce al crescere di x ; se $b = 0$ la retta è orizzontale, ovvero y non muta al variare di x .

Consideriamo ora il coefficiente b . Si consideri un punto x_0 e un incremento arbitrario ε come indicato nella figura 22.1. Le differenze $\Delta x = (x_0 + \varepsilon) - x_0$ e $\Delta y = f(x_0 + \varepsilon) - f(x_0)$ sono detti *incrementi* di x e y . Il coefficiente angolare b è uguale al rapporto

$$b = \frac{\Delta y}{\Delta x} = \frac{f(x_0 + \varepsilon) - f(x_0)}{(x_0 + \varepsilon) - x_0}, \quad (22.4)$$

indipendentemente dalla grandezza degli incrementi Δx e Δy . Il modo più semplice per assegnare un'interpretazione geometrica al coefficiente angolare (o pendenza) della retta è dunque quello di porre $\Delta x = 1$. In tali circostanze infatti $b = \Delta y$.

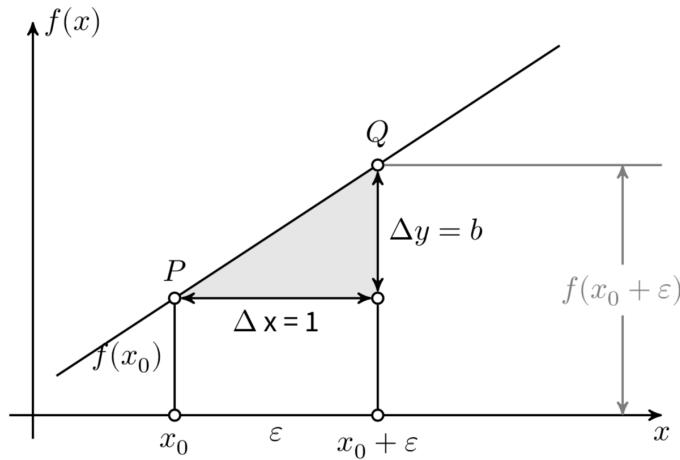


Figura 22.1: La funzione lineare $y = a + bx$.

22.2 L'errore di misurazione

Per descrivere l'associazione tra due variabili, tuttavia, la funzione lineare non è sufficiente. Nel mondo empirico, infatti, la relazione tra variabili non è mai perfettamente lineare. È dunque necessario includere nel modello di regressione anche una componente d'errore, ovvero una componente della y che non può essere spiegata dal modello lineare. Nel caso di due sole variabili, questo ci conduce alla seguente formulazione del modello di regressione:

$$y = \alpha + \beta x + \varepsilon, \quad (22.5)$$

laddove i parametri α e β descrivono l'associazione tra le variabili casuali y e x , e il termine ε specifica quant'è grande la porzione della variabile y che non può essere predetta nei termini di una relazione lineare con la x .

Si noti che la (22.5) consente di formulare una predizione, nei termini di un modello lineare, del valore atteso della y conoscendo x , ovvero

$$\hat{y} = \mathbb{E}(y | x) = \alpha + \beta x. \quad (22.6)$$

In altri termini, se i parametri del modello (α e β) sono noti, allora è possibile predire la y sulla base della nostra conoscenza della x . Per esempio, se conosciamo la relazione lineare tra quoziente di intelligenza ed aspettativa di vita, allora possiamo prevedere quanto a lungo vivrà una persona sulla base del suo QI. Sì, c'è una relazione lineare tra intelligenza e aspettativa di vita (Hambrick, 2015)! Ma quando è accurata la previsione? Ciò dipende dal termine d'errore della (22.5). L'analisi di regressione fornisce un metodo per rispondere a domande di questo tipo.

22.3 Una media per ciascuna osservazione

In precedenza abbiamo visto come sia possibile stimare i parametri di un modello bayesiano Normale nel quale le osservazioni sono indipendenti e identicamente distribuite secondo una densità Normale,

$$Y_i \stackrel{i.i.d.}{\sim} \mathcal{N}(\mu, \sigma^2), \quad i = 1, \dots, n. \quad (22.7)$$

Il modello (22.7) assume che ogni Y_i sia una realizzazione della stessa $\mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$. Da un punto di vista bayesiano¹, si assegnano distribuzioni a priori ai parametri μ e σ , si genera la verosimiglianza in base ai dati osservati e, con queste informazioni, si generano le distribuzioni a posteriori dei parametri (Gelman et al., 2020):

$$\begin{aligned} Y_i | \mu, \sigma &\stackrel{iid}{\sim} \mathcal{N}(\mu, \sigma^2) \\ \mu &\sim \mathcal{N}(\mu_0, \tau^2) \\ \sigma &\sim \text{Cauchy}(x_0, \gamma) \end{aligned}$$

¹Per un'introduzione alla trattazione frequentista dell'analisi di regressione, si veda l'Appendice L.

È comune però che vengano però registrate altre variabili x_i che possono essere associate alla risposta di interesse y_i . La variabile x_i viene chiamata *predittore* (o variabile indipendente) in quanto il ricercatore è tipicamente interessato a prevedere il valore y_i a partire da x_i . Come si può estendere il modello Normale della (22.7) per lo studio della possibile relazione tra y_i e x_i ?

Il modello (22.7) assume una media μ comune per ciascuna osservazione Y_i . Dal momento che desideriamo introdurre una nuova variabile x_i che assume un valore specifico per ciascuna osservazione y_i , il modello (22.7) può essere modificato in modo che la media comune μ venga sostituita da una media μ_i specifica a ciascuna i -esima osservazione:

$$Y_i | \mu_i, \sigma \stackrel{\text{ind}}{\sim} \mathcal{N}(\mu_i, \sigma), \quad i = 1, \dots, n. \quad (22.8)$$

Si noti che le osservazioni Y_1, \dots, Y_n non sono più identicamente distribuite poiché hanno medie diverse, ma sono ancora indipendenti come indicato dalla notazione *ind* posta sopra il simbolo \sim nella (22.8)

Relazione lineare tra la media e il predittore

L'approccio che consente di mettere in relazione un predittore x_i con la risposta Y_i è quello di assumere che la media di ciascuna Y_i , ovvero μ_i , sia una funzione lineare del predittore x_i . Una tale relazione lineare è scritta come

$$\mu_i = \beta_0 + \beta_1 x_i, \quad i = 1, \dots, n. \quad (22.9)$$

Nella (22.9), ciascuna x_i è una costante nota (ecco perché viene usata una lettera minuscola per la x) e β_0 e β_1 sono parametri incogniti. Questi parametri che rappresentano l'intercetta e la pendenza della retta di regressione sono variabili casuali. Si assegna una distribuzione a priori a β_0 e a β_1 e si esegue l'inferenza riassumendo la distribuzione a posteriori di questi parametri.

In questo modello, la funzione lineare $\beta_0 + \beta_1 x_i$ è interpretata come il valore atteso della Y_i per ciascun valore x_i , mentre l'intercetta β_0 rappresenta il valore atteso della Y_i quando $x_i = 0$. Il parametro β_1 (pendenza) rappresenta invece l'aumento medio della Y_i quando x_i aumenta di un'unità. È importante notare che la relazione lineare (22.8) di parametri β_0 e β_1 descrive l'associazione tra *la media* μ_i e il predittore x_i . In altri termini, tale relazione lineare ci fornisce una predizione sul valore medio μ_i , non sul valore *effettivo* Y_i .

Il modello di regressione lineare

Sostituendo la (22.9) nel modello (22.8) otteniamo il modello di regressione lineare:

$$Y_i | \beta_0, \beta_1, \sigma \stackrel{\text{ind}}{\sim} \mathcal{N}(\beta_0 + \beta_1 x_i, \sigma), \quad i = 1, \dots, n. \quad (22.10)$$

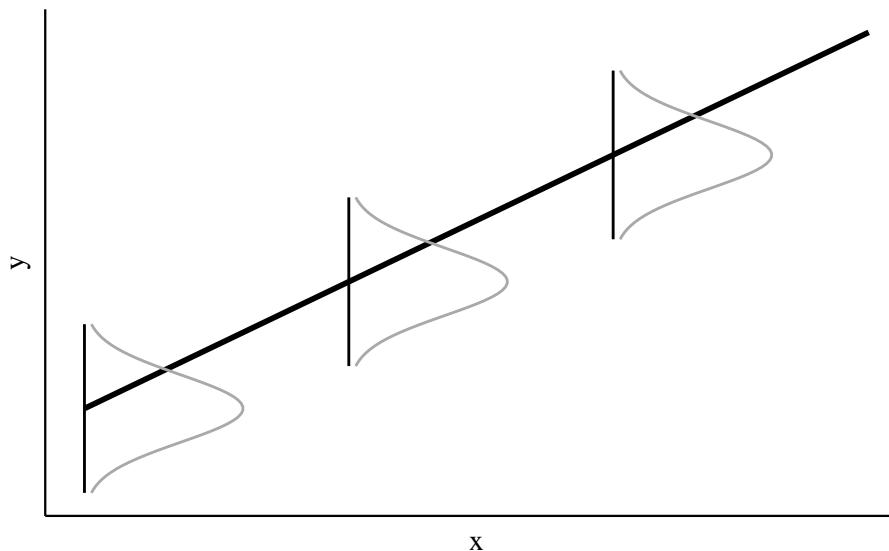
Questo è un caso speciale del modello di campionamento Normale, dove le Y_i seguono indipendentemente una densità Normale con una media $(\beta_0 + \beta_1 x_i)$ specifica per ciascuna osservazione e con una deviazione standard (σ) comune

a tutte le osservazioni. Poiché include un solo predittore (x), questo modello è comunemente chiamato *modello di regressione lineare semplice*.

In maniera equivalente, il modello (22.10) può essere formulato come

$$Y_i = \mu_i + \varepsilon_i, \quad i = 1, \dots, n, \quad (22.11)$$

dove la risposta media è $\mu_i = \beta_0 + \beta_1 x_i$ e i residui $\varepsilon_1, \dots, \varepsilon_n$ sono i.i.d. da una Normale con media 0 e deviazione standard σ .



Nel modello di regressione lineare, l'osservazione Y_i è una variabile casuale, il predittore x_i è una costante fissa, e β_0 , β_1 e σ sono parametri incogniti. Utilizzando il paradigma bayesiano, viene assegnata una distribuzione a priori congiunta a $(\beta_0, \beta_1, \sigma)$. Dopo avere osservato le risposte $Y_i, i = 1, \dots, n$, l'inferenza procede stimando la distribuzione a posteriori dei parametri.

Nella costruzione di un modello di regressione bayesiano, è importante iniziare dalle basi e procedere un passo alla volta. Sia Y una variabile di risposta e sia x un predittore o un insieme di predittori. È possibile costruire un modello di regressione di Y su x applicando i seguenti principi generali:

- Stabilire se Y è discreto o continuo. Di conseguenza, identificare l'appropriata struttura dei dati (per esempio, Normale, di Poisson, o Binomiale).
- Esprimere la media di Y come funzione dei predittori x (per esempio, $\mu = \beta_0 + \beta_1 x$).
- Identificare tutti i parametri incogniti del modello (per esempio, μ, β_1, β_2).
- Valutare quali valori che ciascuno di questi parametri potrebbe assumere. Di conseguenza, identificare le distribuzioni a priori appropriate per questi parametri.

Nel caso di una variabile Y continua che segue la legge Normale e un solo predittore, ad esempio, il modello diventa:

$$\begin{aligned} Y_i | \beta_0, \beta_1, \sigma &\stackrel{ind}{\sim} \mathcal{N}(\mu_i, \sigma^2) \quad \text{con} \quad \mu_i = \beta_0 + \beta_1 x_i \\ \beta_0 &\sim \mathcal{N}(\mu_0, \sigma_0^2) \\ \beta_1 &\sim \mathcal{N}(\mu_1, \sigma_1^2) \\ \sigma &\sim \text{Cauchy}(x_0, \gamma) . \end{aligned}$$

Un algoritmo MCMC viene usato per simulare i campioni dalle distribuzioni a posteriori e, mediante tali campioni, si fanno inferenze sulla risposta attesa $\beta_0 + \beta_1 x$ per ciascuno specifico valore del predittore x . Inoltre, è possibile valutare le dimensioni degli errori di previsione mediante un indice sintetico della densità a posteriori della deviazione standard σ .

Considerazioni conclusive

Il modello di regressione lineare semplice viene usato per descrivere la relazione tra due variabili e per determinare il segno e l'intensità di tale relazione. Inoltre, il modello di regressione ci consente di prevedere il valore della variabile dipendente in base ad alcuni nuovi valori della variabile indipendente. Il modello di regressione lineare semplice è in realtà molto limitato, in quanto descrive soltanto la relazione tra la variabile dipendente y e una sola variabile esplicativa x . Esso diventa molto più utile quando incorpora più variabili indipendenti. In questo secondo caso, però, i calcoli per la stima dei coefficienti del modello diventano più complicati. Abbiamo deciso di iniziare considerando il modello di regressione lineare semplice perché, in questo caso, sia la logica dell'inferenza sia le procedure di calcolo sono facilmente maneggiabili. Nel caso più generale, quello del modello di regressione multipla, la logica dell'inferenza rimarrà identica a quella discussa qui, ma le procedure di calcolo richiedono l'uso dell'algebra matriciale. Il modello di regressione multipla può includere sia regressori quantitativi, sia regressori qualitativi, utilizzando un opportuna schema di codifica. È interessante notare come un modello di regressione multipla che include una sola variabile esplicativa quantitativa corrisponde all'analisi della varianza ad una via; un modello di regressione multipla che include più di una variabile esplicativa quantitativa corrisponde all'analisi della varianza più vie. Possiamo qui concludere dicendo che il modello di regressione, nelle sue varie forme e varianti, costituisce la tecnica di analisi dei dati maggiormente usata in psicologia.

Regressione lineare in Stan

23.1 La specificazione del modello in linguaggio Stan

Obiettivo di questo Capitolo è illustrare come svolgere l’analisi di regressione bayesiana usando il linguaggio Stan.¹ Per fare un esempio concreto useremo un famoso dataset chiamato `kidiq` (Gelman et al., 2020) che riporta i dati di un’indagine del 2007 su un campione di donne americane adulte e sui loro bambini di età compresa tra i 3 e i 4 anni. I dati sono costituiti da 434 osservazioni e 4 variabili:

- `kid_score`: QI del bambino; è il punteggio totale del *Peabody Individual Achievement Test* (PIAT) costituito dalla somma dei punteggi di tre sottoscale (Mathematics, Reading comprehension, Reading recognition);
- `mom_hs`: variabile dicotomica (0 or 1) che indica se la madre del bambino ha completato le scuole superiori (1) oppure no (0);
- `mom_iq`: QI della madre;
- `mom_age`: età della madre.

Leggiamo i dati in R:

```
library("foreign")
df <- read.dta(here("data", "kidiq.dta"))
head(df)
#>   kid_score mom_hs    mom_iq mom_work mom_age
#> 1      65     1 121.11753      4     27
#> 2      98     1  89.36188      4     25
#> 3      85     1 115.44316      4     27
#> 4      83     1  99.44964      3     25
```

¹Una descrizione dell’approccio frequentista all’analisi di regressione è fornita nell’Appendice ??.

```
#> 5      115      1 92.74571      4      27
#> 6      98      0 107.90184      1      18
```

Calcoliamo alcune statistiche descrittive:

```
summary(df)
#>   kid_score        mom_hs        mom_iq
#>   Min. : 20.0   Min. :0.0000   Min. : 71.04
#>   1st Qu.: 74.0  1st Qu.:1.0000  1st Qu.: 88.66
#>   Median : 90.0  Median :1.0000  Median : 97.92
#>   Mean    : 86.8  Mean    :0.7857  Mean    :100.00
#>   3rd Qu.:102.0  3rd Qu.:1.0000  3rd Qu.:110.27
#>   Max.   :144.0  Max.   :1.0000  Max.   :138.89
#> 
#>   mom_work       mom_age
#>   Min. :1.000   Min. :17.00
#>   1st Qu.:2.000  1st Qu.:21.00
#>   Median :3.000  Median :23.00
#>   Mean    :2.896  Mean    :22.79
#>   3rd Qu.:4.000  3rd Qu.:25.00
#>   Max.   :4.000  Max.   :29.00
```

Il QI medio dei bambini è di circa 87 mentre quello della madre è di 100. La gamma di età delle madri va da 17 a 29 anni con una media di circa 23 anni. Si noti infine che il 79% delle mamme ha un diploma di scuola superiore.

Ci poniamo il problema di descrivere l'associazione tra il QI dei figli e il QI delle madri mediante un modello di regressione lineare. Per farci un'idea del valore dei parametri, adattiamo il modello di regressione ai dati mediante la procedura di massima verosimiglianza:

```
coef(lm(kid_score ~ mom_iq, data = df))
#> (Intercept)    mom_iq
#>  25.799778   0.6099746
```

Il modello statistico bayesiano di regressione lineare è:

$$\begin{aligned} y_i &\sim \mathcal{N}(\mu_i, \sigma) \\ \mu_i &= \alpha + \beta x_i \\ \alpha &\sim \mathcal{N}(25, 10) \\ \beta &\sim \mathcal{N}(0, 1) \\ \sigma &\sim \text{Cauchy}(18, 5) \end{aligned}$$

La prima riga definisce la funzione di verosimiglianza e righe successive definiscono le distribuzioni a priori dei parametri. Il segno \sim (tilde) si può leggere “si distribuisce come”. La prima riga, dunque, ci dice che ciascuna osservazione y_i è una variabile casuale che segue la distribuzione Normale di parametri μ_i e σ . La seconda riga specifica, in maniera deterministica, che ciascun μ_i è una funzione lineare di x_i , con parametri α e β . Le due righe successive specificano

le distribuzioni a priori per α e β ; per α , la distribuzione a priori è una distribuzione Normale di parametri $\mu_\alpha = 25$ e deviazione standard $\sigma_\alpha = 10$; per β , la distribuzione a priori è una distribuzione Normale standardizzata. L'ultima riga definisce la distribuzione a priori di σ , ovvero una Cauchy di parametri 18 e 5.

Poniamoci ora il problema di specificare il modello bayesiano descritto sopra in linguaggio Stan². Il codice Stan viene eseguito più velocemente se l'input è standardizzato così da avere una media pari a zero e una varianza unitaria.³ Ponendo $y = (y_1, \dots, y_n)$ e $x = (x_1, \dots, x_n)$, il modello di regressione può essere scritto come

$$y_i = \alpha + \beta x_i + \varepsilon_i,$$

dove

$$\varepsilon_i \sim \mathcal{N}(0, \sigma).$$

I dati devono essere prima centrati sottraendo la media campionaria, quindi scalati dividendo per la deviazione standard campionaria. Quindi un'osservazione u viene standardizzata dalla funzione z definita da

$$z_y(u) = \frac{u - \bar{y}}{\text{sd}(y)}$$

dove la media \bar{y} è

$$\bar{y} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n y_i,$$

e la deviazione standard è

$$\text{sd} = \left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2 \right)^{-\frac{1}{2}}.$$

La trasformata inversa è definita invertendo i due passaggi precedenti, ovvero usando la deviazione standard per scalare di nuovo i valori u per poi traslarli con la media campionaria:

$$z_y^{-1}(u) = \text{sd}(y)u + \bar{y}.$$

Consideriamo il seguente modello iniziale nel linguaggio Stan:

²Nella discussione che segue ripeto pari pari ciò che è riportato nel manuale del linguaggio Stan.

³Si noti un punto importante. Il fatto di standardizzare i dati fa in modo che le distribuzioni a priori sui parametri andranno espresse sulla scala delle v.c. normali standardizzate. Se centriamo sullo 0 tali distribuzioni a priori, con una deviazione standard dell'ordine di grandezza dell'unità, i discorsi sull'arbitrarietà delle distribuzioni a priori perdono di significato: nel caso di dati standardizzati le distribuzioni a priori formulate come indicato sopra sono sicuramente distribuzioni vagamente informative il cui unico scopo è quello della regolarizzazione dei dati, ovvero l'obiettivo di mantenere le inferenze in una gamma ragionevole di valori; ciò contribuisce nel contempo a limitare l'influenza eccessiva delle osservazioni estreme (valori anomali) — certamente tali distribuzioni a priori non introducono alcuna distorsione sistematica nella stima a posteriori.

```
modelString <- "
data {
  int<lower=0> N;
  vector[N] y;
  vector[N] x;
}
parameters {
  real alpha;
  real beta;
  real<lower=0> sigma;
}
model {
  // priors
  alpha ~ normal(25, 10);
  beta ~ normal(0, 1);
  sigma ~ cauchy(18, 5);
  // likelihood
  for (n in 1:N)
    y[n] ~ normal(alpha + beta * x[n], sigma);
}
"
writeLines(modelString, con = "code/simpleregkidiq.stan")
```

La funzione `modelString()` registra una stringa di testo mentre `writeLines()` crea un file nell'indirizzo specificato. Tale file deve avere l'estensione `.stan`.

Qui sotto è invece riportato il modello per i dati standardizzati. Il blocco `data` è identico a quello del caso precedente. I predittori e la risposta standardizzati sono definiti nel blocco `transformed data`. Per semplificare la notazione (e per velocizzare l'esecuzione), nel blocco `model` l'istruzione di campionamento è espressa in forma vettorializzata: `y_std ~ normal(alpha_std + beta_std * x_std, sigma_std);`.

```
modelString <- "
data {
  int<lower=0> N;
  vector[N] y;
  vector[N] x;
}
transformed data {
  vector[N] x_std;
  vector[N] y_std;
  x_std = (x - mean(x)) / sd(x);
  y_std = (y - mean(y)) / sd(y);
}
parameters {
  real alpha_std;
  real beta_std;
  real<lower=0> sigma_std;
}
```

```

model {
    alpha_std ~ normal(0, 2);
    beta_std ~ normal(0, 2);
    sigma_std ~ cauchy(0, 2);
    y_std ~ normal(alpha_std + beta_std * x_std, sigma_std);
}
generated quantities {
    real alpha;
    real beta;
    real<lower=0> sigma;
    alpha = sd(y) * (alpha_std - beta_std * mean(x) / sd(x))
        + mean(y);
    beta = beta_std * sd(y) / sd(x);
    sigma = sd(y) * sigma_std;
}
"
writeLines(modelString, con = "code/simpleregstd.stan")

```

Si noti che i parametri vengono rinominati per indicare che non sono i parametri “naturali”, ma per il resto il modello è identico. Le distribuzioni a priori per i parametri sono vagamente informative.

I parametri originali possono essere recuperati con un po’ di algebra.

$$\begin{aligned}
 y_n &= z_y^{-1}(z_y(y_n)) \\
 &= z_y^{-1}(\alpha' + \beta' z_x(x_n) + \epsilon'_n) \\
 &= z_y^{-1}\left(\alpha' + \beta' \left(\frac{x_n - \bar{x}}{\text{sd}(x)}\right) + \epsilon'_n\right) \\
 &= \text{sd}(y)\left(\alpha' + \beta' \left(\frac{x_n - \bar{x}}{\text{sd}(x)}\right) + \epsilon'_n\right) + \bar{y} \\
 &= \left(\text{sd}(y)\left(\alpha' - \beta' \frac{\bar{x}}{\text{sd}(x)}\right) + \bar{y}\right) + \left(\beta' \frac{\text{sd}(y)}{\text{sd}(x)}\right)x_n + \text{sd}(y)\epsilon'_n,
 \end{aligned} \tag{23.1}$$

da cui

$$\alpha = \text{sd}(y)\left(\alpha' - \beta' \frac{\bar{x}}{\text{sd}(x)}\right) + \bar{y}; \quad \beta = \beta' \frac{\text{sd}(y)}{\text{sd}(x)}; \quad \sigma = \text{sd}(y)\sigma'.$$

I valori dei parametri sulle scale originali vengono calcolati nel blocco `generated quantities`.

Per svolgere l’analisi bayesiana sistemiamo i dati nel formato appropriato per Stan:

```

data_list <- list(
  N = length(df$kid_score),
  y = df$kid_score,
  x = df$mom_iq
)

```

23. REGRESSIONE LINEARE IN STAN

La funzione `file.path()` ritorna l'indirizzo del file con il codice Stan:

```
file <- file.path("code", "simpleregstd.stan")
```

Prendendo come input un file contenente un programma Stan, la funzione `cmdstan_model()` ritorna un oggetto di classe `CmdStanModel`. In pratica, `CmdStan` traduce un programma Stan in C++ e crea un eseguibile compilato.

```
mod <- cmdstan_model(file)
```

Il codice Stan può essere stampato usando il metodo `$print()`:

```
mod$print()
#>
#> data {
#>   int<lower=0> N;
#>   vector[N] y;
#>   vector[N] x;
#> }
#> transformed data {
#>   vector[N] x_std;
#>   vector[N] y_std;
#>   x_std = (x - mean(x)) / sd(x);
#>   y_std = (y - mean(y)) / sd(y);
#> }
#> parameters {
#>   real alpha_std;
#>   real beta_std;
#>   real<lower=0> sigma_std;
#> }
#> model {
#>   alpha_std ~ normal(0, 2);
#>   beta_std ~ normal(0, 2);
#>   sigma_std ~ cauchy(0, 2);
#>   y_std ~ normal(alpha_std + beta_std * x_std, sigma_std);
#> }
#> generated quantities {
#>   real alpha;
#>   real beta;
#>   real<lower=0> sigma;
#>   alpha = sd(y) * (alpha_std - beta_std * mean(x) / sd(x))
#>         + mean(y);
#>   beta = beta_std * sd(y) / sd(x);
#>   sigma = sd(y) * sigma_std;
#> }
```

L'indirizzo dell'eseguibile compilato viene ritornato da `$exe_file()`:

```
mod$exe_file()  
#> [1] "/Users/corrado/_repositories/dspp/code/simpleregstd"
```

Applicando il metodo `$sample()` ad un oggetto `CmdStanModel` eseguiamo il campionamento MCMC:

```
fit <- mod$sample(  
  data = data_list,  
  iter_sampling = 4000L,  
  iter_warmup = 2000L,  
  seed = SEED,  
  chains = 4L,  
  parallel_chains = 2L,  
  refresh = 0,  
  thin = 1  
)
```

Al metodo `$sample()` possono essere passati molti argomenti. La pagina di documentazione è disponibile al seguente [link](#).

Un sommario della distribuzione a posteriori per i parametri stimati si ottiene con il metodo `$summary()`, il quale chiama la funzione `summarise_draws()` del pacchetto `posterior`:

```
fit$summary(c("alpha", "beta", "sigma"))  
#> # A tibble: 3 x 10  
#>   variable    mean   median     sd     mad     q5     q95   rhat  
#>   <chr>     <dbl>   <dbl>   <dbl>   <dbl>   <dbl>   <dbl> <dbl>  
#> 1 alpha      25.8    25.9    5.98    5.97   15.8    35.7    1.00  
#> 2 beta       0.610   0.609   0.0594  0.0590   0.513   0.709    1.00  
#> 3 sigma      18.3    18.3    0.616   0.611   17.3    19.3    1.00  
#> # ... with 2 more variables: ess_bulk <dbl>, ess_tail <dbl>
```

Da questo output possiamo valutare rapidamente la convergenza del modello osservando i valori di Rhat per ciascun parametro. Quando questi sono pari o vicini a 1, le catene hanno realizzato la convergenza. Ci sono molti altri test diagnostici, ma questo test è importante per Stan.

Oppure è possibile usare:

```
fit$cmdstan_summary()
```

Le statistiche diagnostiche sono fornite dal metodo `$cmdstan_diagnose()`:

```
fit$cmdstan_diagnose()  
#> Processing csv files: /var/folders/h5/3_mqgpss6sg73mnsyv56f2s0000gn/T/Rtmp8LTBuA/simpleregstd-2021101  
#>  
#> Checking sampler transitions treedepth.  
#> Treedepth satisfactory for all transitions.
```

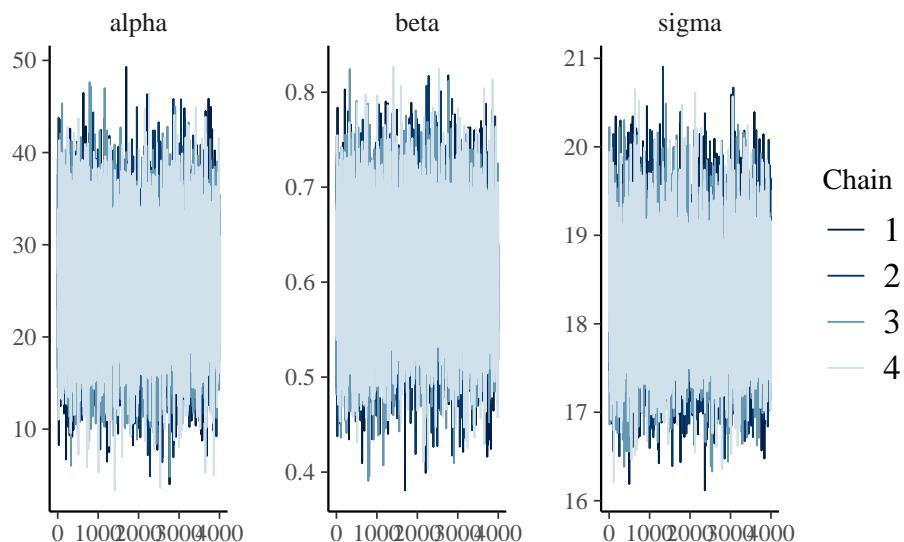
```
#>
#> Checking sampler transitions for divergences.
#> No divergent transitions found.
#>
#> Checking E-BFMI - sampler transitions HMC potential energy.
#> E-BFMI satisfactory.
#>
#> Effective sample size satisfactory.
#>
#> Split R-hat values satisfactory all parameters.
#>
#> Processing complete, no problems detected.
```

È anche possibile creare un oggetto di classe `stanfit`

```
stanfit <- rstan::read_stan_csv(fit$output_files())
```

per poi utilizzare le funzioni del pacchetto `bayesplot`:

```
stanfit %>%
  mcmc_trace(pars = c("alpha", "beta", "sigma"))
```



Infine, eseguendo la funzione `launch_shinystan(fit)` è possibile analizzare oggetti di classe `stanfit` mediante le funzionalità del pacchetto ShinyStan.

23.2 Interpretazione dei parametri

Assegnamo ai parametri la seguente interpretazione.

- L'intercetta pari a 25.8 indica il QI medio dei bambini la cui madre ha un QI = 0. Ovviamente questo non ha alcun significato. Vedremo nel modello successivo come trasformare il modello in modo da potere assegnare all'intercetta un'interpretazione sensata.

- La pendenza di 0.61 indica che, all'aumentare di un punto del QI delle madri, il QI medio dei loro bambini aumenta di 0.61 unità. Se consideriamo la gamma di variazione del QI delle madri nel campione, il QI medio dei bambini cambia di 41 punti. Questo indica un sostanziale effetto del QI delle madri sul QI dei loro bambini:

```
(138.89 - 71.04) * 0.61
#> [1] 41.3885
```

- Il parametro σ fornisce una stima della dispersione delle osservazioni attorno al valore predetto dal modello di regressione, ovvero fornisce una stima della deviazione standard dei residui attorno alla retta di regressione.

Centrare i predittori

Per migliorare l'interpretazione dell'intercetta possiamo “centrare” la x , ovvero esprimere la x nei termini di scarti dalla media: $x - \bar{x}$. In tali circostanze, la pendenza della retta di regressione resterà immutata, ma l'intercetta corrisponderà a $\mathbb{E}(y | x = \bar{x})$. Per ottenere questo risultato, modifichiamo i dati da passare a Stan:

```
data2_list <- list(
  N = length(df$kid_score),
  y = df$kid_score,
  x = df$mom_iq - mean(df$mom_iq)
)
```

Adattiamo il modello:

```
fit2 <- mod$sample(
  data = data2_list,
  iter_sampling = 4000L,
  iter_warmup = 2000L,
  seed = SEED,
  chains = 4L,
  parallel_chains = 2L,
  refresh = 0,
  thin = 1
)
```

Trasformiamo l'oggetto `fit` in un oggetto di classe `stanfit`:

```
stanfit <- rstan::read_stan_csv(fit2$output_files())
```

Le stime a posteriori dei parametri si ottengono con

```
fit2$summary(c("alpha", "beta", "sigma"))
#> # A tibble: 3 x 10
#>   variable    mean   median     sd     mad     q5     q95   rhat
#>   <chr>      <dbl>    <dbl>   <dbl>   <dbl>   <dbl>    <dbl>
#> 1 alpha       86.8    86.8   0.872   0.863   85.4    88.2    1.00
#> 2 beta        0.610   0.609  0.0591  0.0592  0.512   0.708    1.00
#> 3 sigma       18.3    18.3   0.616   0.616   17.3    19.3    1.00
#> # ... with 2 more variables: ess_bulk <dbl>, ess_tail <dbl>
```

Si noti che la nuova intercetta, ovvero 86.8, corrisponde al QI medio dei bambini le cui madri hanno un QI pari alla media del campione. Centrare i dati consente dunque di assegnare un'interpretazione utile all'intercetta.

Inferenza sul modello di regressione

I minimi quadrati o la massima verosimiglianza trovano i parametri che meglio si adattano ai dati (secondo un criterio prestabilito), ma senza altrimenti vincolare la stima. Ma di solito il ricercatore dispone di informazioni preliminari sui parametri del modello. L'inferenza bayesiana produce invece un compromesso tra tali informazioni pregresse e i dati.

La soluzione dei minimi quadrati è una stima puntuale che rappresenta il vettore dei coefficienti che fornisce il miglior adattamento complessivo ai dati. Per un modello bayesiano, la stima puntuale corrispondente è la *moda a posteriori*, che fornisce il miglior adattamento complessivo ai dati e alla distribuzione a priori. Si noti inoltre che la stima dei minimi quadrati (o di massima verosimiglianza) corrisponde alla moda a posteriori di un modello bayesiano con una distribuzione a priori uniforme.

24.1 Rappresentazione grafica dell'incertezza della stima

Un primo modo per rappresentare l'incertezza dell'inferenza in un'ottica bayesiana è quella di rappresentare graficamente la retta di regressione. Continuando con l'esempio descritto nel Capitolo precedente (ovvero, i dati `kid_score` e `mom_iq` centrati), usando la funzione `extract()`, salvo le stime a posteriori dei parametri in formato list:

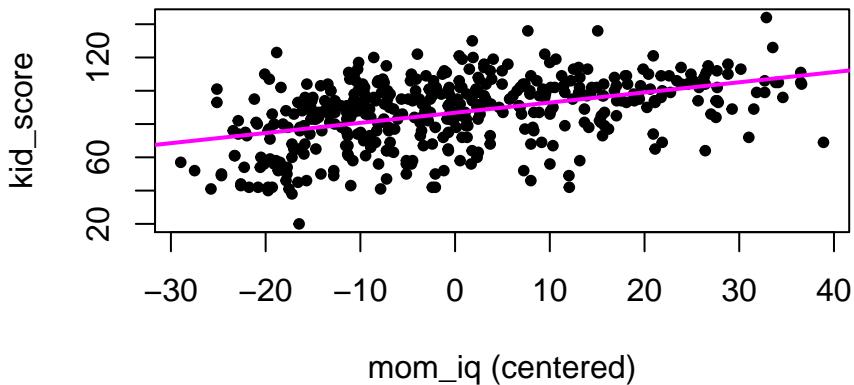
```
stanfit <- rstan::read_stan_csv(fit2$output_files())
posterior <- extract(stanfit)
```

Un diagramma a dispersione dei dati con sovrapposto il valore atteso della y in base al modello bayesiano si ottiene nel modo seguente:

```

plot(
  df$kid_score ~ I(df$mom_iq - mean(df$mom_iq)),
  pch = 20,
  xlab = "mom_iq (centered)",
  ylab = "kid_score"
)
abline(mean(posterior$alpha), mean(posterior$beta), col = 6, lw = 2)

```

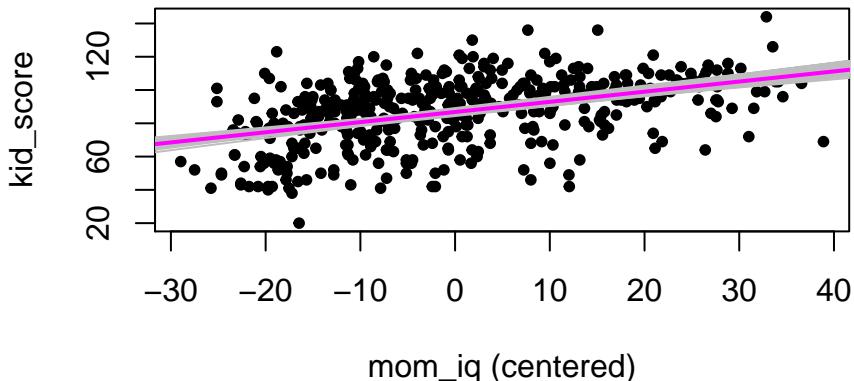


Un modo per visualizzare l'incertezza della stima della retta di regressione è quello di tracciare molteplici rette di regressione, ciascuna delle quali definita da una diversa stima dei parametri α e β che vengono estratti a caso dalle rispettive distribuzioni a posteriori.

```

plot(
  df$kid_score ~ I(df$mom_iq - mean(df$mom_iq)),
  pch = 20,
  xlab = "mom_iq (centered)",
  ylab = "kid_score"
)
for (i in 1:50) {
  abline(posterior$alpha[i], posterior$beta[i], col = "gray", lty = 1)
}
abline(mean(posterior$alpha), mean(posterior$beta), col = 6, lw = 2)

```



24.2 Intervalli di credibilità

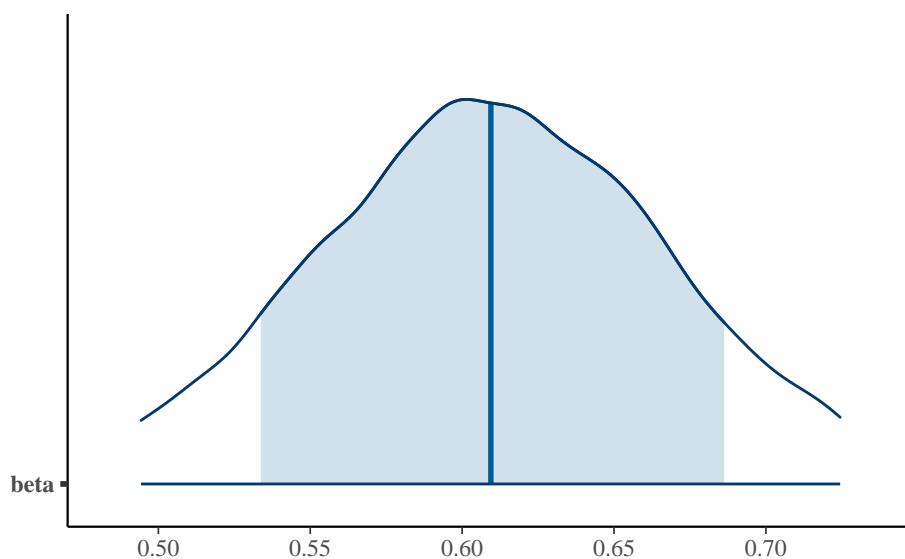
L’incertezza inferenziale sui parametri può anche essere rappresentata mediante gli *intervalli di credibilità*, ovvero gli intervalli che contengono la quota desiderata (es., il 95%) della distribuzione a posteriori.

Per l’esempio che stiamo discutendo, gli intervalli di credibilità al 95% si ottengono nel modo seguente:

```
posterior <- extract(stanfit)
rstantools::posterior_interval(as.matrix(stanfit), prob = 0.95)
#>          2.5%      97.5%
#> alpha_std -0.08381793  0.08454522
#> beta_std   0.36326418  0.53240170
#> sigma_std  0.84043118  0.95801893
#> alpha       85.08649000 88.52285250
#> beta        0.49429853  0.72444565
#> sigma       17.15376250 19.55382000
#> lp__      -172.82802500 -168.24900000
```

Un grafico che riporta l’intervallo di credibilità ai livelli di probabilità desiderati per β si ottiene con le seguenti istruzioni:

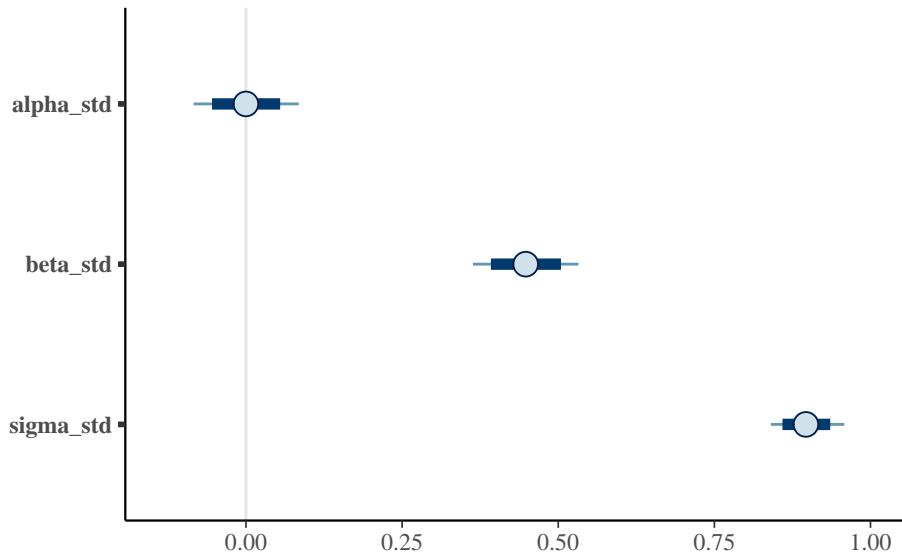
```
mcmc_areas(
  fit2$draws(c("beta")),
  prob = 0.8,
  prob_outer = 0.95
)
```



Per i parametri ottenuti analizzando i dati standardizzati, abbiamo

```
stanfit %>%
  mcmc_intervals()
```

```
  pars = c("alpha_std", "beta_std", "sigma_std"),
  prob = 0.8,
  prob_outer = 0.95
)
```

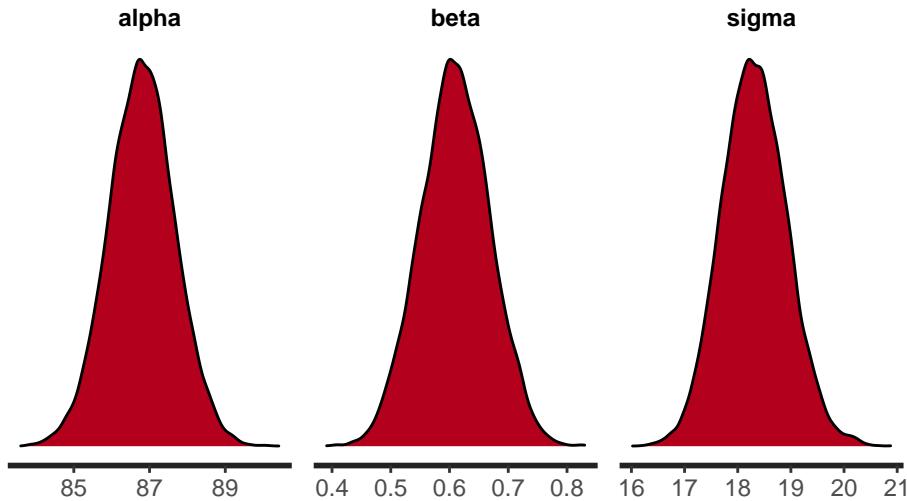


24.3 Rappresentazione grafica della distribuzione a posteriori

Non c'è niente di "magico" o necessario relativamente al livello di 0.95: il valore 0.95 è arbitrario. Sono possibili tantissime altre soglie per quantificare la nostra incertezza: alcuni ricercatori usano il livello di 0.89, altri quello di 0.5. Se l'obiettivo è quello di descrivere il livello della nostra incertezza relativamente alla stima del parametro, allora dobbiamo riconoscere che la nostra incertezza è descritta dall'*intera* distribuzione a posteriori. Per cui il metodo più semplice, più diretto e più completo per descrivere la nostra incertezza rispetto alla stima dei parametri è quello di riportare graficamente tutta la distribuzione a posteriori.

Una rappresentazione della distribuzione a posteriori dei parametri del modello dell'esempio si ottiene nel modo seguente:

```
stan_dens(stanfit, pars = c("alpha", "beta", "sigma"))
```



24.4 Test di ipotesi

In Stan è facile valutare ipotesi direzionali. Per esempio, la probabilità di $\hat{\beta} > 0$ è

```
sum(posterior$beta > 0) / length(posterior$beta)
#> [1] 1
```

24.5 Regressione robusta

Spesso i ricercatori devono affrontare il problema degli outlier: in presenza di outlier, un modello statistico basato sulla distribuzione Normale produrrà delle stime dei parametri che non si generalizzano ad altri campioni di dati. Il metodo tradizionale per affrontare questo problema è quello di eliminare gli outlier prima di eseguire l'analisi statistica. Il problema di questo approccio, però, è che il criterio utilizzato per eliminare gli outlier, quale esso sia, è arbitrario; dunque, usando criteri diversi per eliminare gli outlier, i ricercatori finiscono per trovare risultati diversi.

Questo problema trova una semplice soluzione nell'approccio bayesiano. Nel modello di regressione che abbiamo discusso finora è stato ipotizzato che $\varepsilon \sim \mathcal{N}(0, \sigma_\varepsilon)$. Per un modello formulato in questi termini, la presenza di solo un valore anomalo e influente può avere un effetto drammatico sulle stime dei parametri.

Per fare un esempio, introduciamo un singolo valore anomalo nel set dei dati dell'esempio che stiamo discutendo:

```
df2 <- df
df2$kid_score[434] <- -500
df2$mom_iq[434] <- 140
```

Per comodità, calcoliamo le stime di α e β con il metodo dei minimi quadrati (le stime dei parametri sono simili a quelle di un modello bayesiano Normale con distribuzioni a priori vagamente informative). Sappiamo che, nel campione originari di dati, $\hat{\beta} \approx 0.6$. In presenza di un solo outlier troviamo che

```
coef(lm(kid_score ~ mom_iq, data = df2))
#> (Intercept)      mom_iq
#> 49.187954     0.362552
```

la stima di β viene drammaticamente ridotta (di quasi la metà!).

Non è però necessario assumere $\varepsilon \sim \mathcal{N}(0, \sigma_\varepsilon)$. È altrettanto valido un modello che ipotizza una diversa distribuzione di densità per i residui come, ad esempio, la distribuzione t di Student con un piccolo numero di gradi di libertà. Una caratteristica della t di Student è che le code della distribuzione contengono una massa di probabilità maggiore della Normale. Ciò fornisce alla t di Student la possibilità di “rendere conto” della presenza di osservazioni lontane dalla media della distribuzione. In altri termini, se in modello di regressione usiamo la t di Student quale distribuzione dei residui, la presenza di outlier avrà una minore influenza sulle stime dei parametri di quanto avvenga nel modello Normale.

Per verificare questa affermazione, modifichiamo il codice Stan in modo tale da ipotizzare che la distribuzione della y segua una t di Student con un numero ν gradi di libertà stimato dal modello: `student_t(nu, mu, sigma)`.¹

```
modelString <- "
data {
  int<lower=0> N;
  vector[N] y;
  vector[N] x;
}
transformed data {
  vector[N] x_std;
  vector[N] y_std;
  x_std = (x - mean(x)) / sd(x);
  y_std = (y - mean(y)) / sd(y);
}
parameters {
  real alpha_std;
  real beta_std;
  real<lower=0> sigma_std;
  real<lower=1> nu;    // degrees of freedom is constrained >1
}
model {
  alpha_std ~ normal(0, 2);
  beta_std ~ normal(0, 2);
  sigma_std ~ cauchy(0, 2);
  nu ~ gamma(2, 0.1);  // Juárez and Steel(2010)
```

¹È equivalente scrivere

$$y_i = \mu_i + \varepsilon_i, \quad \text{dove } \mu_i = \alpha + \beta x_i, \varepsilon_i \sim \mathcal{N}(0, \sigma_\varepsilon),$$

oppure

$$y_i \sim \mathcal{N}(\mu_i, \sigma_\varepsilon).$$

```

y_std ~ student_t(nu, alpha_std + beta_std * x_std, sigma_std);
}

generated quantities {
  real alpha;
  real beta;
  real<lower=0> sigma;
  alpha = sd(y) * (alpha_std - beta_std * mean(x) / sd(x)
    + mean(y));
  beta = beta_std * sd(y) / sd(x);
  sigma = sd(y) * sigma_std;
}
"
writeLines(modelString, con = "code/simpleregstdrobust.stan")

```

Costruiamo la lista dei dati usando il data.frame df2 che include l'outlier:

```

data3_list <- list(
  N = length(df2$kid_score),
  y = df2$kid_score,
  x = df2$mom_iq - mean(df2$mom_iq)
)

```

Adattiamo il modello di regressione robusta ai dati:

```

file <- file.path("code", "simpleregstdrobust.stan")
mod <- cmdstan_model(file)

fit4 <- mod$sample(
  data = data3_list,
  iter_sampling = 4000L,
  iter_warmup = 2000L,
  seed = SEED,
  chains = 4L,
  parallel_chains = 2L,
  refresh = 0,
  thin = 1
)

```

Esaminando le stime dei parametri

```

fit4$summary(c("alpha", "beta", "sigma", "nu"))
#> # A tibble: 4 x 10
#>   variable   mean median    sd    mad     q5     q95   rhat
#>   <chr>     <dbl>  <dbl> <dbl> <dbl>  <dbl>  <dbl> <dbl>
#> 1 alpha      87.8   87.8  0.887  0.899  86.3   89.3   1.00
#> 2 beta       0.603  0.603  0.0585 0.0577  0.506  0.698   1.00
#> 3 sigma      15.9   15.9  0.806  0.812  14.6   17.3   1.00

```

```
#> 4 nu      5.58  5.44  1.15  1.11   3.94  7.65  1.00  
#> # ... with 2 more variables: ess_bulk <dbl>, ess_tail <dbl>
```

notiamo che la stima di β è rimasta praticamente immutata. La regressione “robusta” non risente dunque della presenza degli outlier.

Confronto tra due gruppi indipendenti

Il problema del confronto tra due gruppi indipendenti può essere formulato nei termini di un modello di regressione nel quale la variabile x è dicotomica, ovvero assume solo due valori.

25.1 Regressione lineare con una variabile dicotomica

Se x è una variabile dicotomica con valori 0 e 1, allora per il modello di regressione $\mu_i = \alpha + \beta x_i$ abbiamo quanto segue. Quando $x = 0$, il modello diventa

$$\mu_i = \alpha$$

mentre, quando $X = 1$, il modello diventa

$$\mu_i = \alpha + \beta.$$

Ciò significa che il parametro α è uguale al valore atteso del gruppo codificato con $X = 0$ e il parametro β è uguale alla differenza tra le medie dei due gruppi (essendo la media del secondo gruppo uguale a $\alpha + \beta$). Il parametro β , dunque, codifica l'effetto di una manipolazione sperimentale o di un trattamento, e l'inferenza su β corrisponde direttamente all'inferenza sull'efficacia di un trattamento o di un effetto sperimentale.¹ L'inferenza su β , dunque, viene utilizzata per capire quanto “credibile” può essere considerato l'effetto di un trattamento o di una manipolazione sperimentale.

¹Per “effetto di un trattamento” si intende la differenza tra le medie di due gruppi (per esempio, il gruppo “sperimentale” e il gruppo “di controllo”).

Un esempio concreto

Esaminiamo nuovamente un sottoinsieme di dati tratto dal *National Longitudinal Survey of Youth* i quali sono stati discussi da Gelman et al. (2020). I soggetti sono bambini di 3 e 4 anni. La variabile dipendente, `kid_score`, è il punteggio totale del *Peabody Individual Achievement Test* (PIAT) costituito dalla somma dei punteggi di tre sottoscale (Mathematics, Reading comprehension, Reading recognition). La variabile indipendente, `mom_hs`, è il livello di istruzione della madre, codificato con due livelli: scuola media superiore completata oppure no. La domanda della ricerca è se il QI del figlio (misurato sulla scala PIAT) risulta o meno associato al livello di istruzione della madre.

Codifichiamo il livello di istruzione della madre (x) con una *variabile indicatrice* (ovvero, una variabile che assume solo i valori 0 e 1) tale per cui:

- $x = 0$: la madre non ha completato la scuola secondaria di secondo grado (scuola media superiore);
- $x = 1$: la madre ha completato la scuola media superiore.

Supponiamo che i dati siano contenuti nel data.frame `df`.

```
library("foreign")
df <- read.dta(here("data", "kidiq.dta"))
```

Calcoliamo le statistiche descrittive per i due gruppi:

```
df %>%
  group_by(mom_hs) %>%
  summarise(
    mean_kid_score = mean(kid_score),
    std = sqrt(var(kid_score))
  )
#> # A tibble: 2 x 3
#>   mom_hs  mean_kid_score   std
#>   <dbl>        <dbl> <dbl>
#> 1     0          77.5  22.6
#> 2     1          89.3  19.0
```

Il punteggio medio PIAT è pari a 77.5 per i bambini la cui madre non ha il diploma di scuola media superiore e pari a 89.3 per i bambini la cui madre ha completato la scuola media superiore. Questa differenza suggerisce un'associazione tra le variabili, ma tale differenza potrebbe essere soltanto la conseguenza della variabilità campionaria, senza riflettere una caratteristica generale della popolazione. Come possiamo usare il modello statistico lineare per fare inferenza sulla differenza osservata tra i due gruppi? Non dobbiamo fare nient'altro che usare lo stesso modello di regressione che abbiamo definito in precedenza.

```

modelString <- "
data {
  int<lower=0> N;
  vector[N] y;
  vector[N] x;
}
transformed data {
  vector[N] x_std;
  vector[N] y_std;
  x_std = (x - mean(x)) / sd(x);
  y_std = (y - mean(y)) / sd(y);
}
parameters {
  real alpha_std;
  real beta_std;
  real<lower=0> sigma_std;
}
model {
  alpha_std ~ normal(0, 2);
  beta_std ~ normal(0, 2);
  sigma_std ~ cauchy(0, 2);
  y_std ~ normal(alpha_std + beta_std * x_std, sigma_std);
}
generated quantities {
  real alpha;
  real beta;
  real<lower=0> sigma;
  alpha = sd(y) * (alpha_std - beta_std * mean(x) / sd(x))
    + mean(y);
  beta = beta_std * sd(y) / sd(x);
  sigma = sd(y) * sigma_std;
}
"
writeLines(modelString, con = "code/simpleregstd.stan")
    
```

Come in precedenza, salviamo i dati in un oggetto di classe `list`:

```

data_list <- list(
  N = length(df$kid_score),
  y = df$kid_score,
  x = df$mom_hs
)
    
```

Compiliamo il modello:

```

file <- file.path("code", "simpleregstd.stan")
mod <- cmdstan_model(file)
    
```

Adattiamo il modello ai dati:

25. CONFRONTO TRA DUE GRUPPI INDEPENDENTI

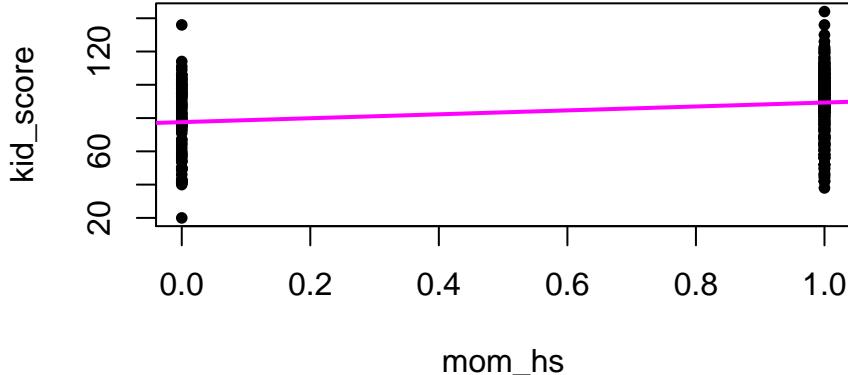
```

fit <- mod$sample(
  data = data_list,
  iter_sampling = 4000L,
  iter_warmup = 2000L,
  seed = SEED,
  chains = 4L,
  parallel_chains = 2L,
  refresh = 0,
  thin = 1
)

stanfit <- rstan::read_stan_csv(fit$output_files())
posterior <- extract(stanfit)

plot(
  df$kid_score ~ df$mom_hs,
  pch = 20,
  xlab = "mom_hs",
  ylab = "kid_score"
)
abline(mean(posterior$alpha), mean(posterior$beta), col = 6, lwd = 2)

```



Le stime a posteriori dei parametri si ottengono con:

```

fit$summary(c("alpha", "beta", "sigma"))
#> # A tibble: 3 x 10
#>   variable  mean median   sd   mad    q5    q95  rhat
#>   <chr>     <dbl>  <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
#> 1 alpha      77.5   77.6  2.07  2.06  74.2   81.0  1.00
#> 2 beta       11.8   11.8  2.34  2.33  7.91   15.6  1.00
#> 3 sigma      19.9   19.9  0.679 0.673 18.8   21.0  1.00
#> # ... with 2 more variables: ess_bulk <dbl>, ess_tail <dbl>

```

I risultati confermano ciò che ci aspettavamo:

- il coefficiente `alpha` = 77.56 corrisponde alla media del gruppo codificato con $x = 0$, ovvero la media dei punteggi PIAT per i bambini la cui madre non ha completato la scuola media superiore;
- il coefficiente `beta` = 11.76 corrisponde alla differenza tra le medie dei due gruppi, ovvero $89.32 - 77.55 = 11.77$ (con piccoli errori di approssimazione).

La seguente chiamata ritorna l'intervallo di credibilità al 95% per tutti i parametri del modello:

```
rstantools::posterior_interval(as.matrix(stanfit), prob = 0.95)
#>          2.5%      97.5%
#> alpha_std -0.0903768  0.09155991
#> beta_std   0.1446650  0.32894522
#> sigma_std  0.9120478  1.04369125
#> alpha       73.4853725 81.60923250
#> beta        7.1877393 16.34371250
#> sigma       18.6154975 21.30252500
#> lp__       -209.0430250 -204.32200000
```

Possiamo dunque concludere che i bambini la cui madre ha completato la scuola superiore ottengono in media circa 12 punti in più rispetto ai bambini la cui madre non ha completato la scuola superiore. L'intervallo di credibilità al 95% ci dice che possiamo essere sicuri al 95% che tale differenza sia di almeno 7 punti e possa arrivare fino a ben 16 punti. Per riassumere, possiamo concludere, con un grado di certezza soggettiva del 95%, che c'è un'associazione positiva tra il livello di scolarità della madre e l'intelligenza del bambino: le madri che hanno livello di istruzione più alto della media tendo ad avere bambini il cui QI è anch'esso più alto della media.

25.2 La dimensione dell'effetto

Avendo a disposizione le informazioni sulle distribuzioni a posteriori dei parametri è facile calcolare la dimensione dell'effetto nei termini del d di Cohen:

```
11.75398 / 19.90159
#> [1] 0.5906051
```

Il d di Cohen di entità “media” [$d > 0.5$; Sawilowsky (2009)] conferma l'importanza dell'influenza della scolarità delle madri sul QI dei bambini.

Confronto di k gruppi

L’Analisi della Varianza (ANOVA) consente ai ricercatori di valutare gli effetti di predittori categoriali su una variabile di esito continua. L’ANOVA è un’analisi di regressione nella quale tutte le variabili indipendenti sono qualitative.

26.1 Le abilità sociali di un robot

Per illustrare i concetti chiave dell’ANOVA bayesiana considereremo qui una ricerca di Horstmann et al. (2018). I ricercatori si sono chiesti se le persone impiegano più tempo a spegnere un robot quando questo mostra abilità sociali. Nell’esperimento di Horstmann et al. (2018), 85 partecipanti hanno interagito con un robot per un certo tempo. Ai partecipanti è stato detto che lo scopo della loro interazione con il robot era quella di testare un nuovo algoritmo. Dopo il completamento di due compiti fittizi, ai partecipanti veniva detto che, se volevano, potevano spegnere il robot. La variabile di interesse dell’esperimento era il tempo impiegato dai partecipanti per spegnere il robot. Seguendo van den Bergh et al. (2020), analizzeremo i tempi di spegnimento trasformati su scala logaritmica perché tale variabile mostra una chiara asimmetria positiva.

Horstmann et al. (2018) hanno manipolato due variabili in un disegno tra i soggetti.

- *Interaction type.* Le risposte verbali dei robot potevano essere o sociali (ad esempio, “Oh sì, la pizza è ottima. Una volta ho mangiato una pizza grande come me.”) o funzionali (ad esempio, “Preferisci la pizza. Ha funzionato bene. Continuiamo.”).
- *Robot’s objection.* Il robot poteva protestare quando stava per essere spento (ad esempio, “No! Per favore, non spegnermi! Ho paura di non riuscire ad accendermi di nuovo!”) oppure no.

Pertanto, il disegno di questo studio è un'ANOVA tra i soggetti 2 (*Interaction type*) \times 2 (*Robot's objection*).

Iniziamo a leggere i dati

```
d <- rio::import(here("data", "pone.0201581.s001.sav"))
```

Per comodità creiamo la variabile `cond` con quattro modalità (SO, FO, SN, FN), dove S significa *social interaction*, F sta per *functional interaction*, O sta per *objection* e N sta per *no objection*.

```
d$cond <- factor(d$Condition)

d$cond <- factor(
  d$cond,
  labels = c("SO", "FO", "SN", "FN")
)
```

Ci sono alcuni dati mancanti, quindi verranno omesse le righe con `NA`. Selezionando le colonne di interesse dal data.frame originario otteniamo:

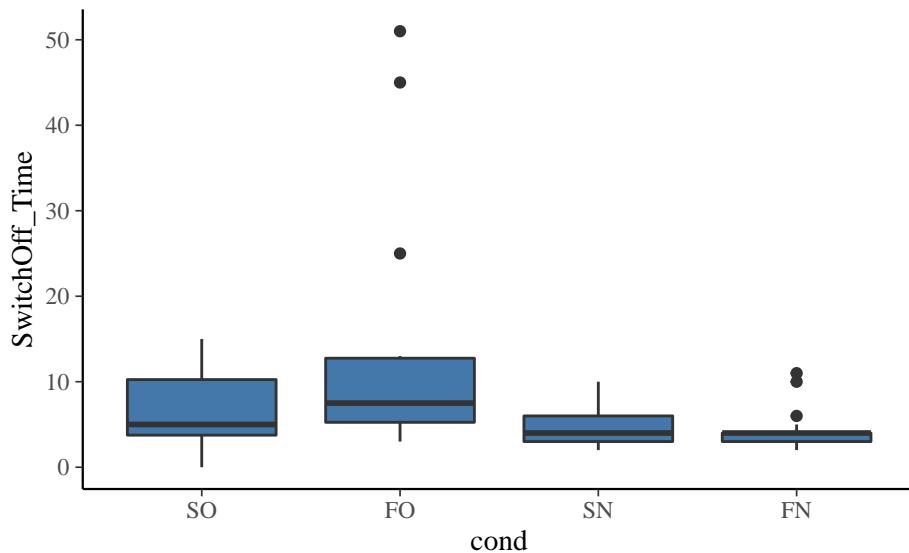
```
dd <- d %>%
  select(cond, SwitchOff_Time) %>%
  na.omit()
```

Nelle quattro condizioni si osservano le seguenti medie (si veda la Tabella 3 di Horstmann et al., 2018):

```
dd %>%
  group_by(cond) %>%
  summarise(
    avg_sot = mean(SwitchOff_Time, na.rm = TRUE),
    sd_sot = sd(SwitchOff_Time, na.rm = TRUE)
  )
#> # A tibble: 4 x 3
#>   cond   avg_sot   sd_sot
#>   <fct>     <dbl>   <dbl>
#> 1 SO        6.19    4.61
#> 2 FO       14.4    15.4
#> 3 SN        5.05    2.18
#> 4 FN        4.28    2.49
```

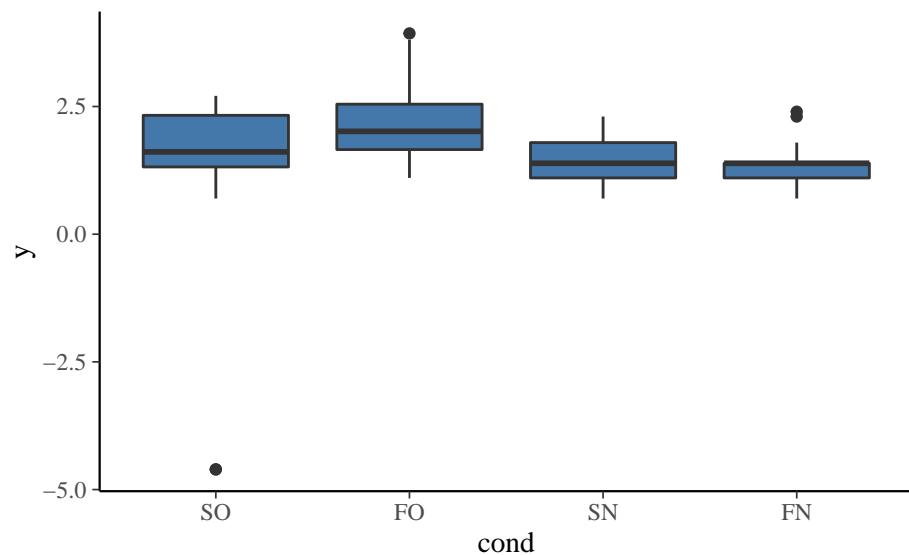
Visualizziamo i dati con un boxplot:

```
dd %>%
  ggplot(aes(x = cond, y = SwitchOff_Time)) +
  geom_boxplot(fill = colors[1])
```



Su scala logaritmica, l'asimmetria positiva della variabile `dd$switchOff_Time` viene ridotta:

```
dd$y <- log(dd$switchOff_Time + 0.01)
dd %>%
  ggplot(aes(x = cond, y = y)) +
  geom_boxplot(fill = colors[1])
```



Anche con una trasformazione logaritmica, comunque, rimane un outlier nella condizione so. Quindi verrà usato un modello ‘robusto’. Per i dati trasformati, la mediana in ciascuna condizione è:

```
dd %>%
  group_by(cond) %>%
  summarise(
    avg_y = median(y)
```

```
)  
#> # A tibble: 4 x 2  
#>   cond    avg_y  
#>   <fct> <dbl>  
#> 1 SO     1.61  
#> 2 FO     2.01  
#> 3 SN     1.39  
#> 4 FN     1.39
```

Creiamo ora la variabile x che indicizza le quattro condizioni (la variabile x verrà usata nel modello Stan):

```
dd$x <- as.numeric(dd$cond)  
head(dd)  
#>   cond SwitchOff_Time      y x  
#> 3  SN          6 1.793425 3  
#> 4  FO          7 1.947338 2  
#> 5  FO          3 1.101940 2  
#> 6  FN          4 1.388791 4  
#> 7  FN          4 1.388791 4  
#> 8  FO          12 2.485740 2
```

Il modello bayesiano che usiamo qui per il confronto tra le medie dei quattro gruppi è una semplice estensione del modello per la media di un solo gruppo. Il codice usato è ispirato da quello fornito nella seguente [pagina web](#). Come abbiamo detto in precedenza, per accomodare gli outlier, ipotizzeremo che la y segua una distribuzione t di Student con un numero di gradi di libertà stimato dal modello.

Il modello classico dell'ANOVA è basato sulle seguenti assunzioni:

- i residui (cioè la differenza tra il valore dell' i -esima osservazione e la media di tutte le osservazioni nella k -esima condizione) devono seguire la distribuzione normale (normalità);
- i residui devono avere la stessa deviazione standard nelle k popolazioni da cui abbiamo estratto i dati (omoschedasticità);
- il disegno sperimentale utilizzato per raccogliere i dati deve garantire l'indipendenza dei residui.

Nella presenta formulazione dell'ANOVA bayesiana, l'assunto di normalità non è richiesto, mentre devono essere soddisfatte le condizioni di omoschedasticità e indipendenza. L'ANOVA bayesiana può comunque essere estesa a condizioni che violano sia l'assunto di omoschedasticità sia quello di indipendenza. Ma qui ci limitiamo a discutere il caso più semplice.

```
modelString <- "  
// Comparison of k groups with common variance (ANOVA)  
data {  
  int<lower=0> N; // number of observations
```

```

int<lower=0> K;           // number of groups
int<lower=1,upper=K> x[N]; // discrete group indicators
vector[N] y;              // real valued observations
}
parameters {
  vector[K] mu;           // group means
  real<lower=0> sigma; // common standard deviation
  real<lower=1> nu;
}
model {
  mu ~ normal(0, 2);      // weakly informative prior
  sigma ~ normal(0, 1);    // weakly informative prior
  nu ~ gamma(2, 0.1);     // Juárez and Steel(2010)
  y ~ student_t(nu, mu[x], sigma); // observation model / likelihood
}
"
writeLines(modelString, con = "code/grp_aov.stan")

```

Creiamo un oggetto che contiene i dati nel formato appropriato per Stan:

```

data_grp <- list(
  N = nrow(dd),
  K = 4,
  x = dd$x,
  y = dd$y
)

```

Compiliamo il modello:

```

file <- file.path("code", "grp_aov.stan")
mod <- cmdstan_model(file)

```

Eseguiamo il campionamento MCMC:

```

fit <- mod$sample(
  data = data_grp,
  iter_sampling = 4000L,
  iter_warmup = 2000L,
  seed = SEED,
  chains = 4L,
  parallel_chains = 2L,
  refresh = 0,
  thin = 1
)

```

Esaminando i risultati

```
fit$summary()
#> # A tibble: 7 x 10
#>   variable    mean   median     sd     mad     q5     q95
#>   <chr>      <dbl>    <dbl>   <dbl>   <dbl>   <dbl>   <dbl>
#> 1 lp__     -41.1    -40.8    1.84    1.68   -44.6   -38.8
#> 2 mu[1]     1.69     1.68    0.173   0.171    1.41    1.98
#> 3 mu[2]     2.05     2.04    0.192   0.190    1.74    2.37
#> 4 mu[3]     1.52     1.52    0.119   0.119    1.32    1.72
#> 5 mu[4]     1.28     1.28    0.127   0.123    1.07    1.49
#> 6 sigma     0.476    0.472   0.0744  0.0726   0.361   0.605
#> 7 nu        2.55     2.42    0.806   0.712    1.50    4.05
#> # ... with 3 more variables: rhat <dbl>, ess_bulk <dbl>,
#> #   ess_tail <dbl>
```

ci rendiamo conto che c'è una buona corrispondenza tra le medie a posteriori e le medie campionarie.

Trasformiamo l'oggetto `fit` in un oggetto di classe `stanfit`:

```
stanfit <- rstan::read_stan_csv(fit$output_files())
```

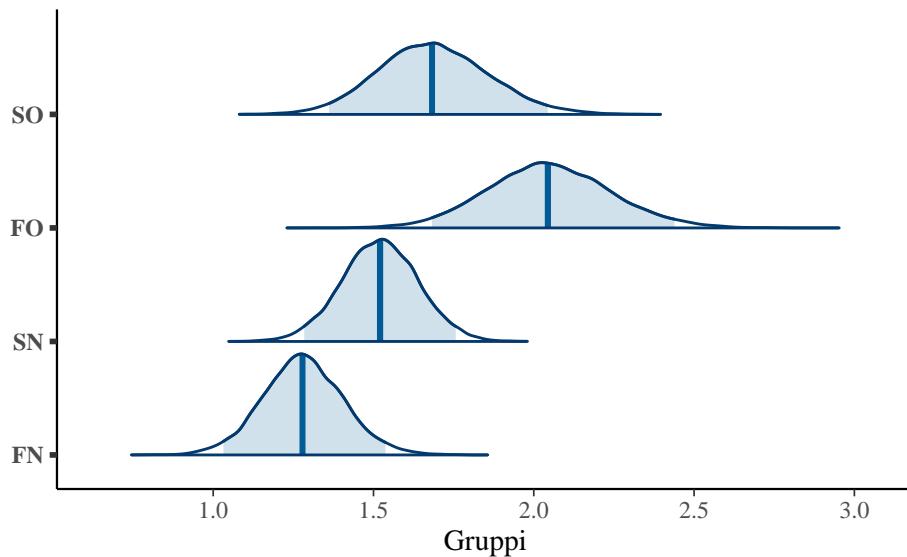
La funzione `rstan::extract()` estrae i campioni a posteriori da un oggetto di classe `stanfit`:

```
posterior <- extract(stanfit, permuted = TRUE)
```

Una rappresentazione grafica della distribuzione a posteriori delle quattro medie si ottiene con le seguenti istruzioni:

```
temps <- data.frame(posterior$mu) %>%
  setNames(c("SO", "FO", "SN", "FN"))
```

```
mcmc_areas(temps, prob = 0.95) +
  xlab("Gruppi")
```



I quattro intervalli di credibilità al 95% sono:

```
ci95 <- rstanarm::posterior_interval(
  as.matrix(stanfit),
  prob = 0.95
)
round(ci95, 2)
#>      2.5% 97.5%
#> mu[1] 1.36 2.04
#> mu[2] 1.68 2.44
#> mu[3] 1.28 1.76
#> mu[4] 1.03 1.54
#> sigma  0.34 0.63
#> nu     1.37 4.53
#> lp__ -45.65 -38.64
```

26.2 I test statistici dell'Analisi della Varianza

L'ANOVA include test statistici di due tipi: i test sull'interazione tra i fattori e i test sugli effetti principali. Per chiarire il significato di "interazione" e di "effetto principale" è necessario prima definire il significato di "effetto statistico".

Definizione 26.1. L'effetto di un fattore rappresenta la variazione media della variabile dipendente al variare dei livelli del fattore stesso.

Definizione 26.2. Si parla di interazione quando l'effetto di un fattore sulla variabile dipendente varia a seconda dei livelli di un altro fattore.

Vengono presentati qui di seguito alcuni esempi. Le figure seguenti mostrano le medie di ciascuna condizione nel caso di un disegno 3×2 (fattore riga) \times (fattore colonna). La spiegazione delle figure è presentata nelle didascalie.

Dagli esempi precedenti si evince che c'è un'interazione ogni qualvolta i profili delle medie non sono paralleli. Anche se, nella popolazione, non c'è interazione,

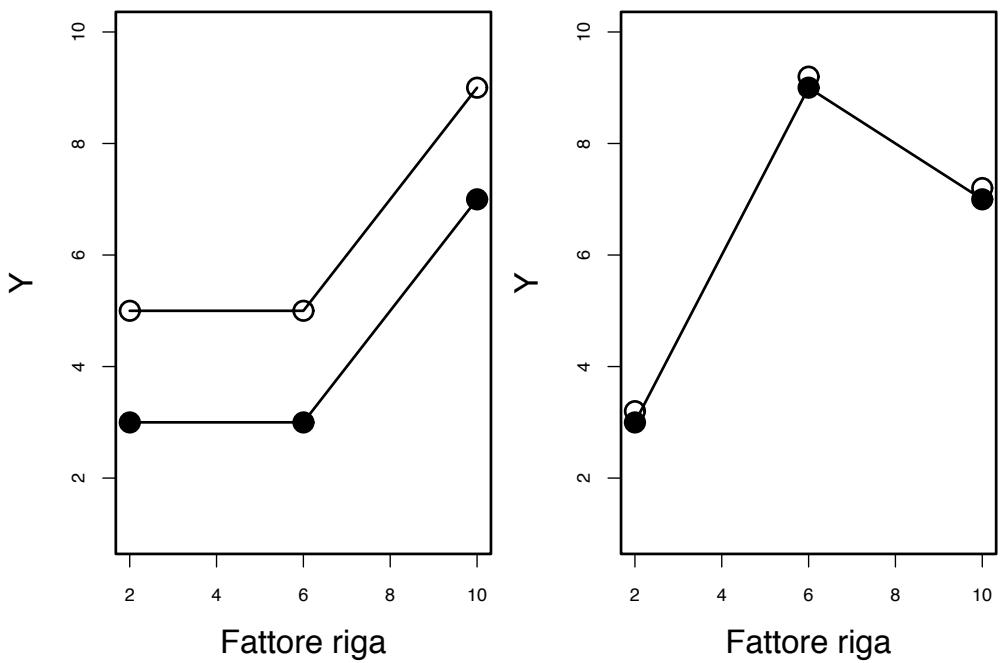


Figura 26.1: Il fattore colonna è indicato dal colore. ****Sinistra**** La figura mostra un effetto principale del fattore riga e un effetto principale del fattore colonna. Non c'è interazione tra i fattori riga e colonna. ****Destra**** La figura mostra un effetto principale del fattore riga. L'effetto principale del fattore colonna è zero. Non c'è interazione tra i fattori riga e colonna.

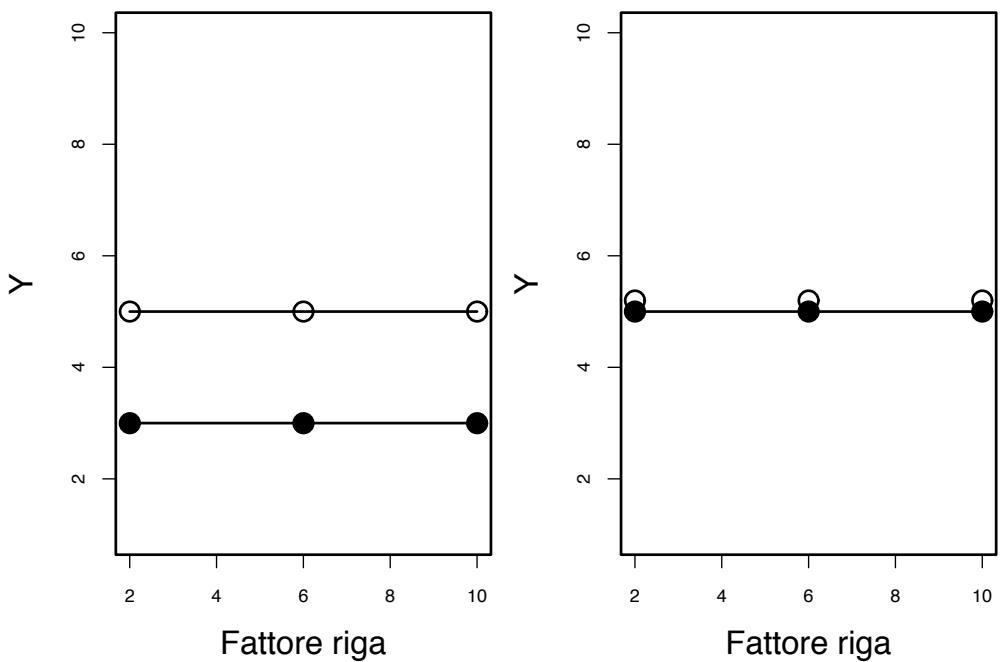


Figura 26.2: Il fattore colonna è indicato dal colore. ****Sinistra**** La figura mostra che l'effetto principale del fattore riga è zero, mentre c'è un effetto principale del fattore colonna. Non c'è interazione tra i fattori riga e colonna. ****Destra**** Non c'è né un effetto principale del fattore riga, né un effetto principale del fattore colonna, né un'interazione tra i fattori riga e colonna.

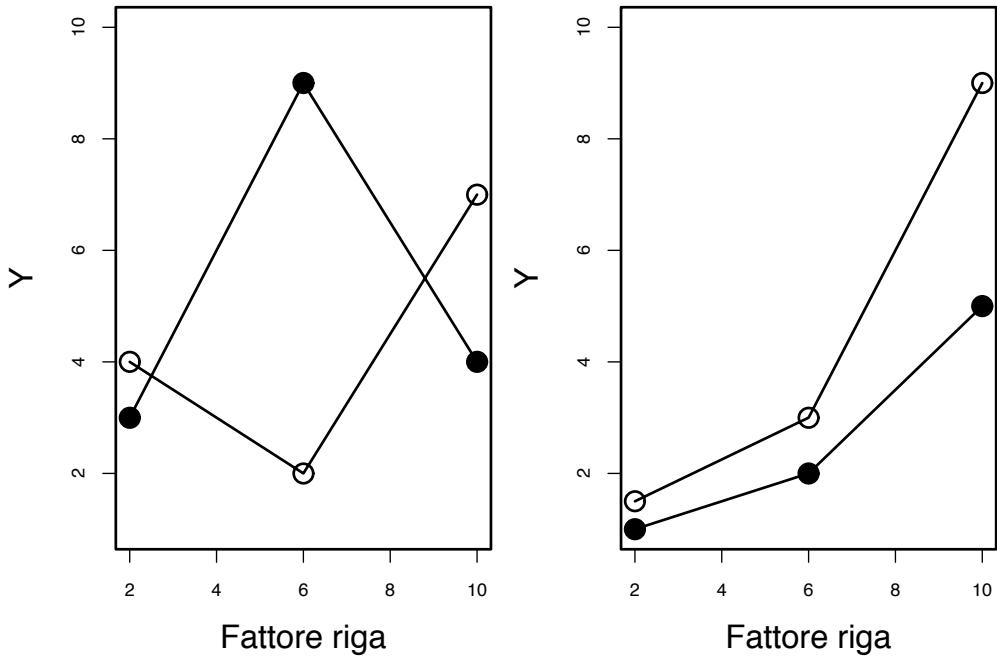


Figura 26.3: Il fattore colonna è indicato dal colore. Entrambe le figure mostrano un'interazione tra i fattori riga e colonna. Nella figura di sinistra gli effetti principali non sono interpretabili; nella figura di destra gli effetti principali sono interpretabili in quanto l'interazione è di lieve entità.

a causa della variabilità campionaria i profili delle medie non sono mai perfettamente paralleli nel campione. Il problema è quello di stabilire se l'assenza di parallelismo nel campione fornisce sufficiente evidenza di presenza di interazione nella popolazione.

Test sull'interazione

Ritorniamo ora ai dati di Horstmann et al. (2018). Nel caso di un disegno 2×2 , con i fattori *Interaction type* (social, functional) e *Robot's objection* (objection, no objection), è possibile verificare la presenza dell'interazione *Interaction type* \times *Robot's objection*.

Nel modello bayesiano, la distribuzione a posteriori fornisce un enorme numero di stime del valore della media in ciascuna delle quattro condizioni. L'effetto di un fattore corrisponde alla differenza tra le stime della media in corrispondenza di ciascuna modalità del fattore.

Nel caso presente abbiamo:

- `mu[1]` → SO
- `mu[2]` → FO
- `mu[3]` → SN
- `mu[4]` → FN

Quindi, `mean(posterior$mu[, 1] - posterior$mu[, 3])` corrisponde alla stima a posteriori dell'effetto di *Objection* nella condizione *Social Interaction*. Invece,

`mean(posterior$mu[, 2] - posterior$mu[, 3])` corrisponde alla stima a posteriori dell'effetto di *Objection* nella condizione *Functional Interaction*. In assenza di interazione, questi due effetti devono essere (statisticamente) uguali.

Per sottoporre a verifica questa ipotesi, calcoliamo la proporzione di volte in cui questo *non* si verifica nella distribuzione a posteriori:

```
sum(
  (posterior$mu[, 1] - posterior$mu[, 3]) >
    (posterior$mu[, 2] - posterior$mu[, 4])
) /
length(posterior$mu[, 1])
#> [1] 0.0296875
```

La stima di questa probabilità in un test direzionale è molto simile alla probabilità frequentista riportata da Horstmann et al. (2018), ovvero $p = 0.016$. Horstmann et al. (2018) riportano la presenza di un'interazione tra *Interaction type* e *Robot's objection* (com'è stato anche trovato con la presente ANOVA bayesiana). Per interpretare l'interazione è necessario esaminare le mediane dei quattro gruppi.¹ L'esame delle mediane indica che l'effetto del fattore *Robot's objection* è più grande quando il fattore *Interaction type* assume la modalità *Functional* piuttosto che *Social*. Ma possiamo anche leggere l'interazione nella direzione opposta: l'effetto del fattore *Interaction type* è più grande quando il fattore *Robot's objection* assume la modalità *Objection* anziché *No objection*.

Test sugli effetti principali

L'effetto principale descrive l'effetto marginale di un fattore. Nel caso presente, in cui ciascun fattore ha solo due modalità, l'effetto principale corrisponde alla differenze tra le medie delle modalità di ciascun fattore.

L'effetto principale del fattore *Interaction type* è la differenza tra le medie di *Social* e di *Functional*, ignorando *Robot's objection*. Horstmann et al. (2018) riportano che gli individui che avevano avuto un'interazione funzionale con il robot impiegavano più tempo a spegnere il robot di coloro che avevano avuto un'interazione sociale con il robot ($p = 0.045$). Il presente modello bayesiano offre scarse evidenze di ciò:

```
mean((exp(posterior$mu[, 2]) + exp(posterior$mu[, 4])) / 2)
#> [1] 5.762696
mean((exp(posterior$mu[, 1]) + exp(posterior$mu[, 3])) / 2)
#> [1] 5.047881
```

Infatti, all'evento *complementare* possiamo associare la seguente probabilità:

```
sum(
  (posterior$mu[, 2] + posterior$mu[, 4]) <
    (posterior$mu[, 1] + posterior$mu[, 3])
```

¹In presenza di outlier la mediana fornisce una misura di tenenza centrale più robusta della media.

```
) /
length(posterior$mu[, 1])
#> [1] 0.3438125
```

L'effetto principale del fattore *Robot's objection* è la differenza tra le medie di *Objection* e di *No Objection*, ignorando *Interaction type*. Horstmann et al. (2018) riportano che i partecipanti avevano aspettato più a lungo prima di spegnere il robot quando il robot aveva avanzato un'obiezione rispetto a quando non si era opposto ad essere spento:

```
mean(
  (exp(posterior$mu[, 1]) + exp(posterior$mu[, 2])) / 2
)
#> [1] 6.694483

mean(
  (exp(posterior$mu[, 3]) + exp(posterior$mu[, 4])) / 2
)
#> [1] 4.116094
```

In base al modello bayesiano, la probabilità direzionale per l'evento complementare è

```
sum(
  (posterior$mu[, 1] + posterior$mu[, 2]) <
    (posterior$mu[, 3] + posterior$mu[, 4])
) /
length(posterior$mu[, 1])
#> [1] 0.001625
```

e corrisponde, in ordine di grandezza, alla probabilità frequentista riportata da Horstmann et al. (2018), ovvero $p = 0.004$.

26.3 Codice Stan (versione 2)

È possibile modificare il codice Stan precedente così da avere i dati grezzi in input ed eseguire la standardizzazione all'interno del programma.

```
modelString <- "
// Comparison of k groups with common variance (ANOVA)
data {
  int<lower=0> N;           // number of observations
  int<lower=0> K;           // number of groups
  int<lower=1,upper=K> x[N]; // discrete group indicators
  vector[N] y;              // real valued observations
}
transformed data {
  vector[N] y_std;
```

```
y_std = (y - mean(y)) / sd(y);
}
parameters {
    vector[K] mu_std;          // group means
    real<lower=0> sigma_std; // common standard deviation
    real<lower=1> nu;
}
model {
    mu_std ~ normal(0, 2);
    sigma_std ~ normal(0, 2);
    nu ~ gamma(2, 0.1);      // Juárez and Steel(2010)
    y_std ~ student_t(nu, mu_std[x], sigma_std);
}
generated quantities {
    vector[K] mu;
    real<lower=0> sigma;
    for (i in 1:K) {
        mu[i] = mu_std[i] * sd(y) + mean(y);
    }
    sigma = sd(y) * sigma_std;
}
"
writeLines(modelString, con = "code/grp_aovstd.stan")
```



```
file <- file.path("code", "grp_aovstd.stan")
mod <- cmdstan_model(file)
```

Eseguiamo il campionamento MCMC usando gli stessi dati discussi in precedenza:

```
fit2 <- mod$sample(
    data = data_grp,
    iter_sampling = 4000L,
    iter_warmup = 2000L,
    seed = SEED,
    chains = 4L,
    parallel_chains = 2L,
    refresh = 0,
    thin = 1
)
```

I risultati sono equivalenti a quelli trovati in precedenza:

```
fit2$summary(c("mu", "sigma", "nu"))
#> # A tibble: 6 x 10
#>   variable  mean  median     sd    mad     q5    q95   rhat
#>   <chr>    <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>  <dbl>
#> 1 mu[1]    1.70   1.69   0.174  0.169  1.43   1.99   1.00
```

```
#> 2 mu[2]    2.07   2.06   0.196  0.192  1.75   2.39   1.00  
#> 3 mu[3]    1.52   1.52   0.122  0.121  1.33   1.72   1.00  
#> 4 mu[4]    1.29   1.28   0.127  0.122  1.08   1.50   1.00  
#> 5 sigma    0.480  0.475  0.0763 0.0754 0.364  0.611  1.00  
#> 6 nu       2.57   2.43   0.824  0.716  1.52   4.12   1.00  
#> # ... with 2 more variables: ess_bulk <dbl>, ess_tail <dbl>
```


Modello gerarchico

27.1 Modello gerarchico

I modelli lineari misti, o modelli lineari gerarchici/multilivello, sono diventati uno strumento fondamentale della ricerca sperimentale in psicologia, linguistica e scienze cognitive, dove i progetti di ricerca a misure ripetute sono la norma. Il presente Capitolo fornisce un'introduzione a tali modelli considerando soltanto il caso più semplice, conosciuto anche col nome di *Random Intercept Model*.

Per fare un esempio concreto useremo il set di dati a misure ripetute con due condizioni di Gibson e Wu (2013), si veda, Sorensen e Vasisht (2015). La variabile dipendente `rt` dell'esperimento di Gibson e Wu (2013) è il tempo di lettura in millisecondi del soggetto di una proposizione relativa in un testo. I tempi di reazione sono stati registrati in due condizioni (ovvero, in presenza di un sostantivo riferito al soggetto oppure riferito all'oggetto della proposizione). I dati di Gibson e Wu (2013) provengono da un esperimento con 37 soggetti e 15 item. Gli item erano presentati in un disegno a quadrato latino, il che produce $37 \times 15 = 555$ dati. Risultano mancanti otto dati di un soggetto (id 27), il che ci porta ad un totale di $555 - 8 = 547$ dati. Le prime righe del data.frame sono mostrate di seguito:

```
rdat <- read.table(here::here("data", "gibsonwu2012data.txt"))
rdat$so <- ifelse(rdat$type == "subj-ext", -0.5, 0.5)
head(rdat)
#>   subj item    type pos word correct    rt region
#> 7     1   13 obj-ext   6      - 1140    de1
#> 20    1     6 subj-ext   6      - 1197    de1
#> 32    1     5 obj-ext   6      -  756    de1
#> 44    1     9 obj-ext   6      -  643    de1
#> 60    1    14 subj-ext   6      -  860    de1
#> 73    1     4 subj-ext   6      -  868    de1
#>          type2    so
```

```
#> 7  object relative  0.5
#> 20 subject relative -0.5
#> 32  object relative  0.5
#> 44  object relative  0.5
#> 60 subject relative -0.5
#> 73 subject relative -0.5
```

La variabile di interesse che corrisponde alla manipolazione sperimentale è chiamata `so` ed è stata codificata con `-0.5` se il sostantivo era riferito al soggetto e con `+0.5` se il sostantivo era riferito all'oggetto della frase.

Calcoliamo la media dei tempi di reazione su scala logaritmica e per poi ritrasformare il risultato sulla scala originale:

```
rdat %>%
  group_by(type2) %>%
  summarise(
    avg = exp(mean(log(rt), na.rm = TRUE))
  )
#> # A tibble: 2 x 2
#>   type2      avg
#>   <fct>     <dbl>
#> 1 object relative 551.
#> 2 subject relative 589.
```

Quando il sostantivo si riferisce al soggetto, i tempi di reazione sono più lenti di circa 30 ms. Questa descrizione dei dati, però non tiene conto né delle differenze tra i soggetti né delle differenze tra gli item. Per tenere in considerazioni queste diverse fonti della variabilità dei dati è necessario utilizzare un modello detto gerarchico.

27.2 Modello ad effetti fissi

Iniziamo con il modello “ad effetti fissi” che non tiene conto della struttura gerarchica dei dati, ovvero del fatto che c’è una covariazione all’interno dei cluster di dati definiti dalle variabili “soggetto” e “item”.

Assumiamo che la variabile dipendente `rt` (del tempo di lettura) sia approssimativamente distribuita in modo logaritmico (Rouder, 2005). Ciò presuppone che il logaritmo di `rt` sia distribuito approssimativamente in maniera normale. Il modello per il logaritmo dei tempi di lettura, $\log rt$, diventa

$$\log rt_i = \beta_0 + \beta_1 so_i + \varepsilon_i, \quad (27.1)$$

ovvero

$$rt \sim LogNormal(\beta_0 + \beta_1 so, \sigma) \quad (27.2)$$

dove β_0 è la media generale di $\log rt$ e $\beta_1 so$ codifica la differenza $\mathbb{E}(\log rt_o) - \mathbb{E}(\log rt_s)$ quando si passa dalla condizione nella quale il sostantivo è riferito all’oggetto alla condizione nella quale il sostantivo è riferito all’soggetto – valori

negativi significano che i tempi di reazioni sono maggiori nella condizione s che nella condizione o.

Nel modello useremo le seguenti distribuzioni a priori:

$$\begin{aligned}\beta[1] &\sim Normal(6, 1.5) \\ \beta[2] &\sim Normal(0, 1.0) \\ \sigma &\sim Cauchy(0, 1)\end{aligned}\tag{27.3}$$

In Stan, il modello diventa

```
modelString <- "
data {
  int<lower=1> N; //number of data points
  real rt[N]; //reading time
  real<lower=-0.5, upper=0.5> so[N]; //predictor
}
parameters {
  vector[2] beta; //fixed intercept and slope
  real<lower=0> sigma_e; //error sd
}
model {
  real mu;
  // likelihood
  beta[1] ~ normal(6, 1.5);
  beta[2] ~ normal(0, 1);
  sigma_e ~ cauchy(0, 1);
  for (i in 1:N){
    mu = beta[1] + beta[2] * so[i];
    rt[i] ~ lognormal(mu, sigma_e);
  }
}
"
writeLines(modelString, con = "code/fixeff_model.stan")

file <- file.path("code", "fixeff_model.stan")
mod <- cmdstan_model(file)
```

I dati sono contenuti nella lista `stan_dat`:

```
stan_dat <- list(
  rt = rdat$rt,
  so = rdat$so,
  N = nrow(rdat)
)
```

Eseguiamo il campionamento MCMC:

```
fit3 <- mod$sample(  
  data = stan_dat,  
  iter_sampling = 4000L,  
  iter_warmup = 2000L,  
  seed = SEED,  
  chains = 4L,  
  parallel_chains = 2L,  
  refresh = 0,  
  thin = 1  
)
```

Otteniamo un oggetto di classe `stanfit`:

```
stanfit <- rstan::read_stan_csv(fit3$output_files())
```

Calcoliamo gli intervalli di credibilità al 95%:

```
ci95 <- rstanarm::posterior_interval(  
  as.matrix(stanfit),  
  prob = 0.95  
)  
round(ci95, 3)  
#>          2.5%    97.5%  
#> beta[1]    6.321   6.368  
#> beta[2]   -0.113   -0.017  
#> sigma_e     0.613   0.646  
#> lp__   -2616.980 -2612.410
```

L'effetto medio, sulla scala in millisecondi, si trova nel modo seguente:

```
posterior <- extract(stanfit, permuted = TRUE)  
exp(mean(posterior$beta[, 1] + posterior$beta[, 2])) -  
  exp(mean(posterior$beta[, 1]))  
#> [1] -35.80053
```

27.3 Modello gerarchico

Il modello a effetti fissi è inappropriato per i dati di Gibson e Wu (2013) perché non tiene conto del fatto che abbiamo più misure per ogni soggetto e per ogni item. In altre parole, il modello ad effetti fissi viola l'assunzione di indipendenza degli errori. Inoltre, i coefficienti di effetti fissi β_0 e β_1 rappresentano le medie calcolate su tutti i soggetti e tutti gli item, ignorando il fatto che alcuni soggetti sono più veloci e altri più lenti della media, e il fatto che alcuni item sono stati letti più velocemente della media e altri più lentamente.

Nei modelli lineari misti, teniamo in considerazione la variabilità dovuta alle differenze tra soggetti e tra item aggiungendo al modello i termini u_{0j} e w_{0k} che aggiustano β_0 stimando una componente specifica al soggetto j e all'item

k. Questa formulazione del modello scompone parzialmente ε_i in una somma di termini u_{0j} e w_{0k} che, geometricamente, corrispondono a degli aggiustamenti dell'intercetta β_0 specifici per il soggetto j e per l'item k . Se il soggetto j è più lento della media di tutti i soggetti, u_j sarà un numero positivo; se l'item k viene letto più velocemente del tempo di lettura medio di tutti gli item, allora w_k sarà un numero negativo. Viene stimato un aggiustamento u_{0j} per ogni soggetto j e un aggiustamento w_{0k} per ogni item. Gli aggiustamenti u_{0j} e w_{0k} sono chiamati *random intercepts* o *varying intercepts* (Gelman et al., 2020). La modifica di β_0 mediante u_{0j} e w_{0k} consente dunque di tenere in considerazione la variabilità dovuta ai soggetti e agli item.

Il random intercept model assume che gli aggiustamenti u_{0j} e w_{0k} siano distribuiti normalmente attorno allo zero con una deviazione standard sconosciuta: $u_0 \sim \mathcal{N}(0, \sigma_u)$ e $w_0 \sim \mathcal{N}(0, \sigma_w)$. Il modello include dunque tre fonti di varianza: la deviazione standard degli errori σ_e , la deviazione standard delle *random intercepts* per i soggetti, σ_u , e la deviazione standard delle *random intercepts* per gli item, σ_w . Queste tre fonti di variabilità sono dette *componenti della varianza*. Possiamo dunque scrivere:

$$\log rt_{ijk} = \beta_0 + \beta_1 so_i + u_{0j} + w_{0k} + \varepsilon_{ijk}. \quad (27.4)$$

Il coefficiente β_1 è quello di interesse primario. Come conseguenza della codifica usata, avrà il valore $-\beta_1$ nella condizione in cui il sostantivo è riferito al soggetto e $+\beta_1$ nella condizione in cui il sostantivo è riferito all'oggetto della frase.

In Stan il modello diventa:

```
modelString <- "
data {
  int<lower=1> N; //number of data points
  real rt[N]; //reading time
  real<lower=-0.5, upper=0.5> so[N]; //predictor
  int<lower=1> J; //number of subjects
  int<lower=1> K; //number of items
  int<lower=1, upper=J> subj[N]; //subject id
  int<lower=1, upper=K> item[N]; //item id
}
parameters {
  vector[2] beta; //fixed intercept and slope
  vector[J] u; //subject intercepts
  vector[K] w; //item intercepts
  real<lower=0> sigma_e; //error sd
  real<lower=0> sigma_u; //subj sd
  real<lower=0> sigma_w; //item sd
}
model {
  real mu;
  //priors
  u ~ normal(0, sigma_u); //subj random effects
  w ~ normal(0, sigma_w); //item random effects
}
```

```
// likelihood
for (i in 1:N){
    mu = beta[1] + u[subj[i]] + w[item[i]] + beta[2] * so[i];
    rt[i] ~ lognormal(mu, sigma_e);
}
"
writeLines(modelString, con = "code/random_intercepts_model.stan")

file <- file.path("code", "random_intercepts_model.stan")
mod <- cmdstan_model(file)
```

I dati sono

```
stan_dat <- list(
    subj = as.integer(as.factor(rdat$subj)),
    item = as.integer(as.factor(rdat$item)),
    rt = rdat$rt,
    so = rdat$so,
    N = nrow(rdat),
    J = length(unique(rdat$subj)),
    K = length(unique(rdat$item))
)
```

Eseguiamo il campionamento MCMC:

```
fit4 <- mod$sample(
    data = stan_dat,
    iter_sampling = 4000L,
    iter_warmup = 2000L,
    seed = SEED,
    chains = 4L,
    parallel_chains = 2L,
    refresh = 0,
    thin = 1
)
```

Ottieniamo un oggetto di classe stanfit:

```
stanfit <- rstan::read_stan_csv(fit4$output_files())
```

Le medie a posteriori si ottengono con

```
fit4$summary(c("beta", "sigma_e", "sigma_w", "sigma_u"))
#> # A tibble: 5 x 10
#>   variable     mean   median      sd     mad      q5     q95
#>   <chr>     <dbl>   <dbl>   <dbl>   <dbl>   <dbl>   <dbl>
#> 1 beta[1]    6.35    6.35  0.0518  0.0507   6.26    6.43
```

```
#> 2 beta[2] -0.0604 -0.0602 0.0218 0.0217 -0.0962 -0.0246
#> 3 sigma_e 0.577 0.577 0.00785 0.00786 0.565 0.590
#> 4 sigma_w 0.120 0.115 0.0291 0.0263 0.0810 0.174
#> 5 sigma_u 0.238 0.235 0.0318 0.0308 0.192 0.295
#> # ... with 3 more variables: rhat <dbl>, ess_bulk <dbl>,
#> #   ess_tail <dbl>
```

Gli intervalli di credibilità sono:

```
ci95 <- rstanarm::posterior_interval(
  as.matrix(stanfit),
  prob = 0.95
)
round(ci95, 3)

#>          2.5%    97.5%
#> beta[1]    6.243   6.448
#> beta[2]   -0.103  -0.017
#> u[1]      -0.211   0.084
#> u[2]      -0.306  -0.010
#> u[3]      -0.127   0.169
#> u[4]      -0.212   0.087
#> u[5]      -0.076   0.216
#> u[6]      -0.048   0.246
#> u[7]      -0.162   0.136
#> u[8]      -0.124   0.175
#> u[9]      -0.098   0.200
#> u[10]     -0.011   0.286
#> u[11]      0.448   0.748
#> u[12]      0.148   0.444
#> u[13]     -0.168   0.130
#> u[14]     -0.154   0.142
#> u[15]      0.033   0.327
#> u[16]     -0.200   0.095
#> u[17]     -0.714  -0.417
#> u[18]     -0.420  -0.121
#> u[19]     -0.293   0.000
#> u[20]      0.162   0.459
#> u[21]      0.053   0.348
#> u[22]      0.127   0.420
#> u[23]     -0.201   0.099
#> u[24]     -0.087   0.300
#> u[25]      0.004   0.293
#> u[26]     -0.491  -0.200
#> u[27]     -0.236   0.062
#> u[28]     -0.332  -0.035
#> u[29]     -0.425  -0.124
#> u[30]     -0.408  -0.112
#> u[31]     -0.098   0.191
```

```
#> u[32]      -0.177    0.117
#> u[33]      -0.234    0.058
#> u[34]       0.259    0.553
#> u[35]      -0.396   -0.103
#> u[36]      -0.144    0.153
#> u[37]      -0.173    0.124
#> w[1]       -0.134    0.061
#> w[2]       -0.121    0.076
#> w[3]       -0.102    0.094
#> w[4]       -0.215   -0.015
#> w[5]      -0.008    0.190
#> w[6]       -0.146    0.052
#> w[7]       -0.284   -0.083
#> w[8]        0.112    0.312
#> w[9]       -0.187    0.009
#> w[10]     -0.041    0.152
#> w[11]     -0.139    0.056
#> w[12]     -0.032    0.161
#> w[13]     -0.179    0.019
#> w[14]      0.036    0.232
#> w[15]     -0.042    0.151
#> sigma_e    0.562    0.593
#> sigma_u    0.185    0.308
#> sigma_w    0.076    0.189
#> lp__     -2332.580 -2311.140
```

Questi risultati replicano i risultati che si ottengono con la funzione `brms::brm`:

```
M1 <- brm(
  rt ~ so + (1 | subj) + (1 | item),
  family = lognormal(),
  prior = c(
    prior(normal(6, 1.5), class = Intercept),
    prior(normal(0, 1), class = sigma),
    prior(normal(0, 1), class = b)
  ),
  data = rdat
)
```

```
summary(M1)
#> Family: lognormal
#> Links: mu = identity; sigma = identity
#> Formula: rt ~ so + (1 | subj) + (1 | item)
#> Data: rdat (Number of observations: 2735)
#> Draws: 4 chains, each with iter = 2000; warmup = 1000; thin = 1;
#>          total post-warmup draws = 4000
#>
#> Group-Level Effects:
```

```
#> ~item (Number of levels: 15)
#>           Estimate Est.Error l-95% CI u-95% CI Rhat
#> sd(Intercept)    0.12      0.03     0.08     0.19 1.00
#>           Bulk_ESS Tail_ESS
#> sd(Intercept)    973      1815
#>
#> ~subj (Number of levels: 37)
#>           Estimate Est.Error l-95% CI u-95% CI Rhat
#> sd(Intercept)    0.24      0.03     0.18     0.30 1.00
#>           Bulk_ESS Tail_ESS
#> sd(Intercept)    681      1166
#>
#> Population-Level Effects:
#>           Estimate Est.Error l-95% CI u-95% CI Rhat
#> Intercept       6.35      0.05     6.25     6.45 1.01
#> so              -0.06      0.02    -0.10    -0.02 1.00
#>           Bulk_ESS Tail_ESS
#> Intercept       549       862
#> so              4152      2640
#>
#> Family Specific Parameters:
#>           Estimate Est.Error l-95% CI u-95% CI Rhat Bulk_ESS
#> sigma            0.58      0.01     0.56     0.59 1.00      4006
#>           Tail_ESS
#> sigma            3091
#>
#> Draws were sampled using sampling(NUTS). For each parameter, Bulk_ESS
#> and Tail_ESS are effective sample size measures, and Rhat is the potential
#> scale reduction factor on split chains (at convergence, Rhat = 1).
```


Valutare e confrontare i modelli

Nel valutare un modello, il ricercatore deve porsi tre domande critiche.

- Quali conseguenze più ampie derivano dall'inferenza? Come e chi ha raccolto i dati? Colui che svolge la ricerca otterrebbe di benefici manipolando i dati (escludendo delle osservazioni; selezionando il campione)? Che impatto hanno inferenze che vengono tratte dai dati sugli individui e sulla società? Quali pregiudizi o strutture di potere possono essere coinvolti in questa analisi?
- Che tipo di distorsioni sistematiche potrebbero essere presenti nell'analisi statistica? Ricordiamo la famosa citazione di George Box: “Tutti i modelli sono sbagliati, ma alcuni sono utili”. È dunque importante sapere quanto è sbagliato il modello. Le assunzioni che stanno alla base del modello sono ragionevoli? Il meccanismo generatore dei dati che è stato ipotizzato è adeguato per il fenomeno in esame?
- Quanto è accurato il modello? Quanto sono lontane dalla realtà le distribuzioni predittive a posteriori?

Per approfondire questi temi, si rinvia al testo di Johnson et al. (2022). Qui ci concentreremo sul tema della “validità” del modello.

28.1 Capacità predittiva

Il principio base del metodo scientifico è la replicabilità delle osservazioni: le osservazioni che non possono essere replicate sono poco interessanti. Parallelamente, una caratteristica fondamentale di un modello scientifico è la generalizzabilità: se un modello è capace di descrivere soltanto le proprietà di uno specifico campione di osservazioni, allora è poco utile. Ma come è possibile valutare la generalizzabilità di un modello statistico? Questa è la domanda a cui cercheremo di rispondere in questo Capitolo.

Nel framework bayesiano il problema della generalizzabilità del modello viene affrontato calcolando la capacità predittiva del modello, laddove per capacità predittiva si intende la capacità di un modello, i cui parametri sono stati stimati usando le informazioni di un campione, di ben adattarsi ad un campione di nuove osservazioni future. In particolare, in questo Capitolo cercheremo di rispondere a due tipi di domande.

1. Quali criteri devono essere considerati se vogliamo valutare la capacità predittiva di un modello?
2. Come è possibile misurare la capacità predittiva di un modello sulla base delle informazioni di un campione di osservazioni? E, parallelamente, come possiamo confrontare la capacità predittiva di modelli alternativi?

28.2 Il rasoio di Ockham

Uno dei problemi più importanti in campo scientifico è quello di scegliere il modello più adatto a spiegare un insieme di informazioni. Le domande che i ricercatori si pongono sono: il modello è completo? È necessario un nuovo parametro? Come si può cambiare il modello? Se ci sono delle alternative, quali sono le migliori?

Per rispondere a tali domandi, ci viene in soccorso il principio del rasoio di Ockham: *frustra fit per plura quod potest fieri per pauciora* (“si fa inutilmente con molte cose ciò che si può fare con poche cose”). Parafrasando la massima potremmo dire che: quando due modelli approssimano egualmente bene le osservazioni viene sempre preferito quello più semplice. Questo principio è alla base della scienza e, da un punto di vista della probabilità, il fatto che il rasoio di Ockham funzioni è data dal fatto che i modelli più semplici sono anche i più probabili.

Due modelli possono fare le stesse predizioni ma possono differire in termini di complessità — per esempio, relativamente al numero di parametri richiesti. In questo caso, è facile decidere perché, in generale, i ricercatori preferiscono sempre i modelli più semplici (anche perché, pragmaticamente, sono più facili da usare). Tuttavia, il rasoio di Ockham, se usato da solo, non ci consente sempre di selezionare tra modelli alternativi, perché i modelli possono differire sia per complessità (ovvero, per il numero di parametri) sia per accuratezza (ovvero, per la grandezza degli errori di predizione). Il rasoio di Ockham non è in grado di trovare un equilibrio tra la necessità di aumentare l'accuratezza e di diminuire la complessità.

In questo Capitolo affronteremo il problema di come l'accuratezza predittiva di un modello possa essere misurata. Ciò ci consentirà, in seguito, di usare il rasoio di Ockham: a parità di accuratezza, verrà scelto il modello più semplice. Ma nella pratica scientifica non si sacrifica mai l'accuratezza per la semplicità: il criterio prioritario è sempre l'accuratezza.

Per valutare l'accuratezza (predittiva) di un modello, McElreath (2020) fa notare che è necessario evitare due opposti errori:

- *sovra-adattamento (overfitting)*: il modello non si generalizza bene a nuovi dati futuri perché rappresenta gli aspetti casuali o le informazioni irri-

levanti che sono presenti nello specifico campione esaminato che non si ritroveranno in altri campioni;

- *sotto-adattamento (underfitting)*: il modello non è in grado di acquisire il pattern sottostante dei dati osservati.

In questo capitolo verranno presentati due metodi [detti *criterio di informazione (information criteria)* e *validazione incrociata (cross-validation)*] che consentono di valutare la capacità predittiva di un modello e di determinare quale, tra due o più modelli, sia preferibile.

Stargazing

Nella pratica concreta della ricerca, il criterio più comune che viene usato per operare una selezione tra vari modelli statistici fa leva sui test di ipotesi di stampo frequentista. Questo metodo viene chiamato *stargazing*, poiché richiede soltanto l'esame degli asterischi (***) che si trovano nell'output di un software statistico (gli asterischi marcano i coefficienti del modello che sono “statisticamente significativi”): alcuni ricercatori ritengono che il modello con più stelline sia il modello migliore. Ma questo non è vero. Al di là dei problemi legati ai test dell'ipotesi nulla, è sicuramente un errore usare i test di significatività per la selezione di modelli: i valori-*p* non consentono di trovare un equilibrio tra *underfitting* e *overfitting*. Infatti, variabili che migliorano la capacità predittiva del modello non sono sempre statisticamente significative; inoltre, variabili statisticamente significative non sempre migliorano la capacità predittiva del modello.

28.3 L'incertezza della previsione

Nella teoria dell'informazione, i criteri usati per definire l'accuratezza predittiva di un modello sono chiamati *target*. Tuttavia, il target può essere definito in molti modi diversi. Per spiegare questo punto, McElreath (2020) fa l'esempio di due annunciatori che danno il notiziario meteorologico alla TV per 10 giorni consecutivi. Le previsioni del primo annunciatore (formulate nei termini della *probabilità di pioggia*) sono riportate nella tabella 28.1; il secondo annunciatore prevede sempre sole (tabella 28.2). Il problema è stabilire quale annunciatore sia più accurato.

```
suppressPackageStartupMessages(library("kableExtra"))
weatherperson <-
  data.frame(
    giorno = c("1", "2", "3", "4", "5", "6", "7", "8", "9", "10"),
    previsione = rep(c(1, 0.6), times = c(3, 7)),
    osservazione = c("P", "P", "P", "S", "S", "S", "S", "S", "S", "S")
  )
dt <- t(weatherperson)
dt %>%
  kbl(caption = "Previsioni meteo del primo
annunciatore (P = pioggia, S = sole).") %>%
  kable_styling(full_width = FALSE)
```

Tabella 28.1: Previsioni meteo del primo annunciatore ($P = \text{pioggia}$, $S = \text{sole}$).

giorno	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
previsione	1.0	1.0	1.0	0.6	0.6	0.6	0.6	0.6	0.6	0.6
osservazione	P	P	P	S	S	S	S	S	S	S

Tabella 28.2: Previsioni meteo del secondo annunciatore ($P = \text{pioggia}$, $S = \text{sole}$).

giorno	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
previsione	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
osservazione	P	P	P	S	S	S	S	S	S	S

```
weatherperson2 <-
  data.frame(
    giorno = c("1", "2", "3", "4", "5", "6", "7", "8", "9", "10"),
    previsione = rep(0, 10),
    osservazione = c("P", "P", "P", "S", "S", "S", "S", "S", "S", "S")
  )
dt2 <- t(weatherperson2)
dt2 %>%
  kbl(caption = "Previsioni meteo del secondo
annunciatore (P = pioggia, S = sole).") %>%
  kable_styling(full_width = FALSE)
```

Un primo possibile criterio per scegliere tra i due annunciatori è formulato nei termini del numero medio di previsioni corrette. In base a tale criterio, il primo annunciatore ottiene un numero medio di successi uguale a $(3 \cdot 1 + 7 \cdot 0.4) / 10 = 0.58$ mentre il secondo annunciatore ottiene un numero medio di successi uguale a $(3 \cdot 0 + 7 \cdot 1) / 10 = 0.7$. In base a questo criterio, dunque, il secondo annunciatore è più accurato del primo.

Ma il numero medio di previsioni corrette non è l'unico criterio possibile per valutare l'accuratezza. Un secondo possibile criterio è un'analisi costi-benefici. Sia -1 il costo di portare con sé un ombrello e -5 il costo di bagnarsi.

```
costbenefits <-
  data.frame(
    giorno = c("1", "2", "3", "4", "5", "6", "7", "8", "9", "10"),
    osservazione = c("P", "P", "P", "S", "S", "S", "S", "S", "S", "S"),
    annunciatore_1 = rep(c(-1, -0.6), times = c(3, 7)),
    annunciatore_2 = rep(c(-5, 0), times = c(3, 7))
  )
dt2 <- t(costbenefits)
dt2 %>%
  kbl(caption = "Analisi costi-benefici. P = pioggia, S = sole") %>%
  kable_styling(full_width = FALSE)
```

Consideriamo la tabella 28.3. Per il primo annunciatore, quando la previsione è pioggia e effettivamente piove, il costo è -1; quando la previsione è pioggia al

Tabella 28.3: Analisi costi-benefici. $P = \text{pioggia}$, $S = \text{sole}$

giorno	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
osservazione	P	P	P	S	S	S	S	S	S	S
annunciatore_1	-1.0	-1.0	-1.0	-0.6	-0.6	-0.6	-0.6	-0.6	-0.6	-0.6
annunciatore_2	-5	-5	-5	0	0	0	0	0	0	0

60% e invece c’è il sole, il costo è -0.6 (si porta l’ombrelllo nel 60% dei casi). Per il primo annunciatore, dunque, il costo totale è $3 \cdot (-1) + 7 \cdot (-0.6) = -7.2$. Per il secondo annunciatore, invece, il costo totale è $3 \cdot (-5) + 7 \cdot (0) = -15$. Nei termini di un’analisi costi-benefici, dunque, il primo annunciatore fornisce previsioni più accurate (ovvero, predizioni a cui è associato un costo minore) del secondo.

È possibile cambiare la regola decisionale (-1, -5), ma sicuramente il costo di bagnarsi è molto maggiore del costo di portare con sé l’ombrelllo e, quindi, quale che sia la regola decisionale, il fatto di trovandosi sempre impreparato quando piove pone il secondo annunciatore in una posizione di svantaggio rispetto al primo annunciatore.

Dalle considerazioni precedenti McElreath (2020) trae due conclusioni: (a) un’analisi costi-benefici non fornisce una misura univoca dell’accuratezza di un modello (ovvero, sono possibili diverse regole decisionali) e (b) il numero di successi non fornisce una metrika migliore di un’analisi costi-benefici. Non è dunque ancora chiaro quale sia il modo migliore per definire l’accuratezza di un modello.

28.4 Misurare l’accuratezza

McElreath (2020) sostiene che la massimizzazione della funzione che descrive il vero processo generatore dei dati fornisce la migliore misura dell’accuratezza predittiva di un modello. Per spiegare cosa ciò significhi, chiediamoci quale sia la probabilità di osservare la *specifica* sequenza di sole e pioggia (ovvero, P, P, P, S, S, S, S, S, S, S) che i due annunciatori vogliono prevedere. La probabilità cercata è data dal prodotto della probabilità di prevedere correttamente ($y = 1$) le condizioni meteo in ciascuno dei 10 giorni considerati. In altre parole, la probabilità cercata è la verosimiglianza congiunta dei dati. In termini più precisi, se $y = y_1, \dots, y_{10}$ sono i dati e se θ è la probabilità dell’evento $y_i = 1$, allora $p(y | \theta) = \prod_{i=1}^{10} p(y_i | \theta)$. Per il primo annunciatore la verosimiglianza congiunta è $1^3 \cdot 0.4^7 \approx 0.005$; per il secondo annunciatore è $0^3 \cdot 1^7 = 0$. Vi è dunque una probabilità pari a zero che il secondo annunciatore predica la sequenza corretta di sole e pioggia nei 10 giorni considerati (infatti, il secondo annunciatore non predice mai pioggia). In conclusione, benché per il secondo annunciatore la probabilità *media* di previsioni corrette (numero medio di successi) sia alta, la probabilità *congiunta* di previsioni corrette è zero.

Regola di punteggio logaritmica

La probabilità congiunta è utilizzata nella letteratura statistica quale misura della precisione delle previsioni probabilistiche ed è chiamata *regola di punteggio (scoring rule)*. Nel calcolo della regola di punteggio si utilizzano dei pesi che

vengono ottimizzati in modo tale che il *punteggio della previsione* (*score*) sia il più elevato possibile. Il punteggio della previsione è solitamente espresso su scala logaritmica (*log score*). Una tale *regola di punteggio logaritmica* è importante nel confronto di modelli statistici a causa della sua connessione con la misura della divergenza di Kullback-Leibler.

Esempio 28.1. Nell'esempio dei due annunciatori, esaminiamo la previsione meteo relativa ad un giorno soltanto e ipotizziamo che l'annunciatore attribuisca all'evento pioggia una probabilità dell'60% (e quindi sole avrà una probabilità del 40%). Se la previsione si rivela corretta, l'annunciatore avrà un log score di -0.51 [calcolato come: $\log score = \log(0.6) = -0.51$]; se invece si rivela falsa lo score sarà -0.92 [calcolato come: $\log score = \log(0.4) = -0.92$].

28.5 Entropia

Per discutere la divergenza di Kullback-Leibler è prima necessario introdurre il concetto di entropia. La nozione di entropia fu introdotta agli inizi del XIX secolo nel campo della termodinamica classica; il secondo principio della termodinamica è infatti basato sul concetto di entropia che, in generale, è assunto come misura del disordine di un sistema fisico. Successivamente Boltzmann fornì una definizione statistica di entropia. Nel 1948 Shannon impiegò poi la nozione di entropia nell'ambito della teoria delle comunicazioni. Si giunge così alla seguente definizione.

Definizione 28.1. Sia $Y = y_1, \dots, y_n$ una variabile casuale e $p_t(y)$ una distribuzione di probabilità su Y . Si definisce la sua entropia (detta di Shannon) come:

$$H(Y) = - \sum_{i=1}^n p_t(y_i) \cdot \log p_t(y_i) \quad (28.1)$$

chiamata *entropia di Shannon*.

Intuitivamente, l'entropia quantifica la riduzione del nostro grado di incertezza relativa ad un evento una volta che l'esito dell'evento è stato appreso.¹

Proprietà

Si possono evidenziare due proprietà dell'entropia.

- L'entropia aumenta all'aumentare della varianza di una variabile casuale.

¹È possibile pensare all'entropia nei termini del numero di domande sì/no che devono essere poste per ridurre l'incertezza. Per esempio, se in un certo giorno ci può essere solo sole o pioggia, per ridurre l'incertezza, a fine giornata chiediamo: "ha piovuto?" La risposta (sì/no) ad una singola domanda elimina l'incertezza, e quindi l'informazione ottenuta (ovvero, la riduzione dell'incertezza) è uguale ad 1 bit. Se in una certa giornata ci potrebbero essere sole, pioggia o neve, per ridurre l'incertezza sono necessarie due domande: "c'era sole?"; "ha piovuto?" In questo secondo caso, l'informazione ottenuta (ovvero, la riduzione dell'incertezza) è uguale ad 2 bit. Usando un logaritmo in base 2, dunque, l'entropia può essere interpretata come il numero minimo di bit necessari per codificare la quantità di informazione nei dati.

- L'entropia aumenta all'aumentare del numero di possibilità con cui un evento può verificarsi.

Esempio 28.2. Consideriamo il lancio di una moneta, non necessariamente bilanciata, dove sono note le probabilità che esca “testa” oppure “croce”. L'entropia dell'esito del prossimo lancio è massima se la moneta non è truccata, cioè quando “testa” e “croce” hanno la stessa probabilità (pari a 1/2) di verificarsi. Questa è infatti la situazione di massima incertezza, ovvero, in cui è più difficile prevedere se uscirà “testa” oppure “croce”. D'altra parte, quando la moneta è truccata uno degli esiti avrà una probabilità maggiore di verificarsi e quindi c'è meno incertezza, il che si riflette in una minore entropia. Il caso estremo è quello in cui la moneta ha lo stesso simbolo su entrambe le facce: in questo caso non c'è incertezza e l'entropia è zero.

Esempio 28.3. Un altro esempio riguarda le previsioni del tempo. Supponiamo che le vere probabilità di pioggia e sole siano, rispettivamente, $p_1 = 0.3$ e $p_2 = 0.7$. Quindi

$$H(p) = -p(y_1) \log p(y_1) + p(y_2) \log p(y_2) \approx 0.61.$$

Svolgendo i calcoli in R abbiamo:

```
p <- c(0.3, 0.7)
-sum(p * log(p))
#> [1] 0.6108643
```

Se però viviamo a Las Vegas, allora le probabilità di pioggia e sole saranno qualcosa come $p(y_1) = 0.01$ e $p(y_2) = 0.99$. In questo secondo caso, l'entropia è 0.06, minore di prima. Infatti, a Las Vegas non piove quasi mai, per cui quando abbiamo imparato che, in un certo giorno, non ha piovuto, abbiamo imparato poco rispetto a quello che sapevamo già.

Esempio 28.4. Abbiamo visto in precedenza che, se gli esiti possibili sono pioggia o sole con $p(y_1) = 0.7$, $p(y_2) = 0.3$, allora l'entropia è

```
-(0.7 * log(0.7) + 0.3 * log(0.3))
#> [1] 0.6108643
```

Se gli esiti possibili sono pioggia, neve o sole con $p(y_1) = 0.7$, $p(y_2) = 0.15$ e $p(y_3) = 0.15$, rispettivamente, allora l'entropia è maggiore, ovvero è pari a 0.82.

```
-(0.7 * log(0.7) + 0.15 * log(0.15) + 0.15 * log(0.15))
#> [1] 0.8188085
```

28.6 Dall'entropia all'accuratezza

Anche se il valore assoluto dell'entropia è difficile da interpretare, nel seguito vedremo come l'entropia possa essere usata per misurare l'accuratezza di un modello statistico. Nello specifico, ci porremo il problema di misurare la distanza

tra la distribuzione di probabilità ipotizzata da un modello, chiamiamola $p_{\mathcal{M}}$, e la distribuzione di probabilità del vero modello generatore dei dati, p_t . Nella teoria delle probabilità e nella teoria dell'informazione, la misura dell'informazione persa quando $p_{\mathcal{M}}$ è usata per approssimare p_t viene detta *divergenza di Kullback-Leibler*. La divergenza di Kullback-Leibler, denotata con $D_{KL}(p_t \parallel p_{\mathcal{M}})$, misura l'incremento della nostra incertezza quando una distribuzione “approssimata” viene usata al posto della “vera” distribuzione di probabilità.

Definizione 28.2. Per due distribuzioni discrete p_t e $p_{\mathcal{M}}$, la divergenza KL di $p_{\mathcal{M}}$ da p_t è definita come:

$$D_{KL}(p_t \parallel p_{\mathcal{M}}) = \sum_{i=1}^n p_t(y_i) \cdot [\log p_t(y_i) - \log p_{\mathcal{M}}(y_i)]. \quad (28.2)$$

La divergenza di Kullback-Leibler introduce un piccolo cambiamento alla (28.1): anziché considerare una sola distribuzione di probabilità, p_t , considera anche una approssimazione a tale distribuzione, ovvero $p_{\mathcal{M}}$. Calcolando la differenza dei logaritmi dei valore delle due distribuzioni giungiamo alla (28.2).

La divergenza KL misura la quantità di informazione che viene persa quando una distribuzione approssimata viene usata per descrivere le proprietà della distribuzione di riferimento. Infatti, ciò che viene calcolato nella divergenza KL è il valore atteso della differenza tra il logaritmo delle probabilità dei dati nella distribuzione p_t e il logaritmo delle probabilità dei dati nella distribuzione approssimata $p_{\mathcal{M}}$:

$$D_{KL}(p_t \parallel p_{\mathcal{M}}) = \mathbb{E} [\log p_t(y) - \log p_{\mathcal{M}}(y)]. \quad (28.3)$$

Se c’è una perfetta corrispondenza tra le due distribuzioni, $p_t = p_{\mathcal{M}}$, allora

$$D_{KL}(p_t \parallel p_{\mathcal{M}}) = D_{KL}(p_t \parallel p_t) = \sum_{i=1}^n p_t(y_i) \cdot [\log p_t(y_i) - \log p_t(y_i)] = 0,$$

nessuna incertezza aggiuntiva viene introdotta se una distribuzione viene usata per rappresentare se stessa. Altrimenti (ovvero, se $p_t \neq p_{\mathcal{M}}$) la divergenza KL assume valori nell’intervallo $[0, \infty]$: all’aumentare della differenza tra $p_{\mathcal{M}}$ e p_t aumenta anche il valore $D_{KL}(p_t \parallel p_{\mathcal{M}})$.

Esempio 28.5. (da McElreath, 2020) Sia la distribuzione target $p = \{0.3, 0.7\}$. Supponiamo che la distribuzione approssimata q possa assumere valori da $q = \{0.01, 0.99\}$ a $q = \{0.99, 0.01\}$. Calcoliamo la divergenza KL.

Le istruzioni R sono le seguenti:

```
t <-
  tibble(
    p_1 = .3,
    p_2 = .7,
    q_1 = seq(from = .01, to = .99, by = .01)
  ) %>%
  mutate(
    q_2 = 1 - q_1
  )
```

```

) %>%
mutate(
  d_kl = (p_1 * log(p_1 / q_1)) + (p_2 * log(p_2 / q_2))
)

head(t)
#> # A tibble: 6 x 5
#>   p_1    p_2    q_1    q_2  d_kl
#>   <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
#> 1 0.3    0.7   0.01  0.99  0.778
#> 2 0.3    0.7   0.02  0.98  0.577
#> 3 0.3    0.7   0.03  0.97  0.462
#> 4 0.3    0.7   0.04  0.96  0.383
#> 5 0.3    0.7   0.05  0.95  0.324
#> 6 0.3    0.7   0.06  0.94  0.276

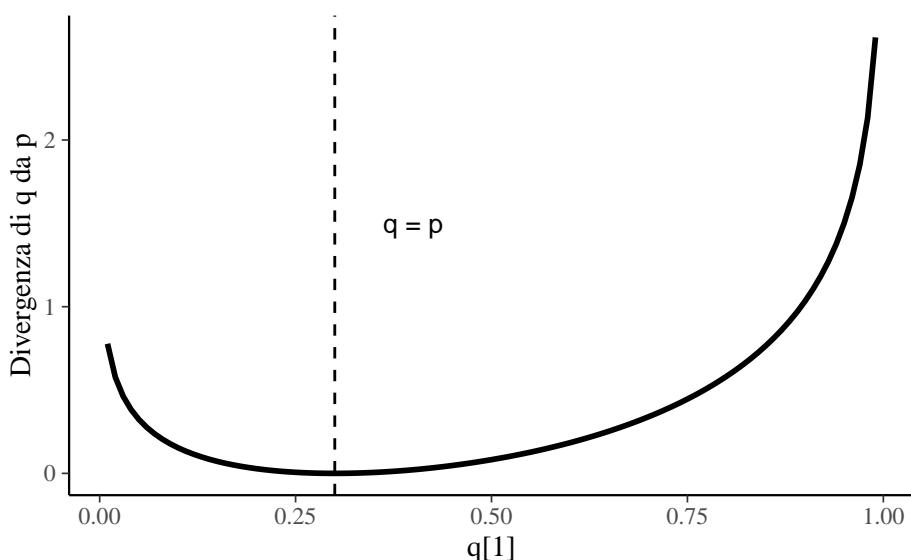
```

Nella figura seguente sull'asse delle ascisse sono rappresentati i valori q e sull'asse delle ordinante sono riportati i corrispondenti valori D_{KL} .

```

t %>%
  ggplot(aes(x = q_1, y = d_kl)) +
  geom_vline(xintercept = .3, linetype = 2) +
  geom_line(size = 1) +
  annotate(
    geom = "text", x = .4, y = 1.5, label = "q = p",
    size = 3.5
  ) +
  labs(
    x = "q[1]",
    y = "Divergenza di q da p"
  )

```



Tanto meglio la distribuzione q approssima la distribuzione target tanto più piccolo è il valore di divergenza KL.

Esempio 28.6. Sia p una distribuzione binomiale di parametri $\theta = 0.2$ e $n = 5$

```
n <- 4
p <- 0.2
true_py <- dbinom(0:n, n, 0.2)
true_py
#> [1] 0.4096 0.4096 0.1536 0.0256 0.0016
```

e sia q_1 una approssimazione a p :

```
q1 <- c(0.46, 0.42, 0.10, 0.01, 0.01)
q1
#> [1] 0.46 0.42 0.10 0.01 0.01
```

Sia q_2 una distribuzione uniforme:

```
q2 <- rep(0.2, 5)
q2
#> [1] 0.2 0.2 0.2 0.2 0.2
```

La divergenza KL di q_1 da p è

```
sum(true_py * log(true_py / q1))
#> [1] 0.02925199
```

La divergenza KL di q_2 da p è:

```
sum(true_py * log(true_py / q2))
#> [1] 0.4863578
```

È chiaro che perdiamo una quantità maggiore di informazioni se, per descrivere la distribuzione binomiale p , usiamo la distribuzione uniforme q_2 anziché q_1 .

La divergenza dipende dalla direzione

La divergenza KL non è simmetrica: la KL da p_t a p_M in generale è diversa dalla KL da p_M a p_t .

Esempio 28.7. Usando le seguenti istruzioni R otteniamo:

```
tibble(
  direction = c("Da q a p", "Da p a q"),
  p_1 = c(.01, .7),
  q_1 = c(.7, .01)
) %>%
  mutate(
```

```

p_2 = 1 - p_1,
q_2 = 1 - q_1
) %>
mutate(d_kl = (p_1 * log(p_1 / q_1)) + (p_2 * log(p_2 / q_2)))
#> # A tibble: 2 × 6
#>   direction p_1    q_1    p_2    q_2   d_kl
#>   <chr>     <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>
#> 1 Da q a p   0.01   0.7   0.99   0.3   1.14
#> 2 Da p a q   0.7   0.01   0.3   0.99   2.62

```

28.7 Expected log predictive density

Nel caso continuo, la divergenza KL diventa:

$$D_{KL}(p_t \parallel p_M) = \int_{-\infty}^{+\infty} p_t(y) \log p_t(y) dy - \int_{-\infty}^{+\infty} p_t(y) \log p_M(y) dy. \quad (28.4)$$

Se vengono confrontati due modelli, il primo termine della (28.4) resta costante e il confronto si riduce al secondo termine della (28.4), ovvero

$$\int_{-\infty}^{+\infty} p_t(y) \log p_M(y) dy. \quad (28.5)$$

Riscriviamo ora la (28.5) facendo riferimento alla distribuzione predittiva a posteriori, $p(\tilde{y} | y)$, perché ciò a cui siamo interessati è la divergenza di $p(\tilde{y} | y)$ da $p_t(y)$:

$$\text{elpd} = \int_{\tilde{y}} p_t(\tilde{y}) \log p(\tilde{y} | y) d\tilde{y}. \quad (28.6)$$

La (28.6) è chiamata *expected log predictive density* (elpd) e fornisce la risposta al problema che ci eravamo posti all'inizio di questo Capitolo, ovvero il problema di definire un criterio per valutare la capacità predittiva di un modello. Possiamo pensare alla (28.6) dicendo che descrive la distribuzione predittiva a posteriori del modello ponderando la verosimiglianza dei possibili dati futuri con la vera distribuzione p_t : all'aumentare di elpd aumenta la capacità predittiva del modello.

Non dobbiamo preoccuparci di trovare una formulazione analitica della $p(\tilde{y} | y)$ perché, come abbiamo visto nel Capitolo 20, è possibile approssimare tale distribuzione mediante simulazione. Notiamo però che la (28.6) è formulata nei termini del vero modello generatore dei dati, p_t , il quale, ovviamente, è ignoto.² Di conseguenza, la quantità elpd non può mai essere calcolata in maniera esatta, ma può essere solo stimata. Il secondo problema di questo Capitolo è capire come la (28.6) possa essere stimata utilizzando un campione di osservazioni.

Log pointwise predictive density

Ingenuamente, potremmo pensare di stimare la (28.6) ipotizzando che la distribuzione del campione coincida con p_t . Usare la distribuzione del campione

²Se il modello sottostante i dati fosse noto non avremmo bisogno di cercare il modello migliore, perché p_t è il modello migliore.

come proxy del vero modello generatore dei dati (ovvero, ipotizzare che la distribuzione del campione rappresenti fedelmente p_t) comporta due conseguenze:

- dato che il campione è finito, anziché eseguire un'operazione di integrazione, possiamo semplicemente sommare la densità predittiva a posteriori delle osservazioni;
- non è necessario ponderare per p_t , in quanto assumiamo che la distribuzione empirica del campione corrisponda a p_t (ciò significa assumere che i valori più comunemente osservati nel campione siano anche quelli più verosimili nella vera distribuzione p_t).

Questo conduce alla seguente equazione:

$$\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \log p(y_i^{rep} | y). \quad (28.7)$$

La quantità (28.7), senza il passaggio finale della divisione per il numero di osservazioni, è chiamata *log pointwise predictive density* (lppd)

$$\text{lppd} = \sum_{i=1}^n \log p(y_i^{rep} | y) \quad (28.8)$$

e corrisponde alla somma delle densità predittive logaritmiche delle n osservazioni. Valori più grandi della (28.8) sono da preferire perché indicano una maggiore accuratezza media. È anche comune vedere espressa la quantità precedente nei termini della *devianza*, ovvero alla lppd moltiplicata per -2. In questo secondo caso sono da preferire valori piccoli.

È importante notare che lppd è una *sovraffima* di (28.6). Tale sovraffima è dovuta al fatto che, nel calcolo della (28.8), abbiamo usato $p(y_i^{rep} | y)$ al posto di $p(\tilde{y} | y)$: in altri termini, abbiamo considerato le osservazioni del campione come se fossero un nuovo campione di dati.

In una serie di simulazioni, McElreath (2020) esamina il significato di questa sovraffima. Nelle simulazioni la devianza viene calcolata come funzione della complessità (ovvero, il numero di parametri) del modello. La simulazione mostra che lppd aumenta al crescere della complessità del modello. Ciò significa che lppd mostra lo stesso limite del coefficiente di determinazione: aumenta all'aumentare della complessità.

Esempio 28.8. Esaminiamo un esempio tratto da *Bayesian Data Analysis for Cognitive Science* nel quale la elpd viene calcolata in forma esatta oppure mediante approssimazione.

Supponiamo di disporre di un campione di n osservazioni. Supponiamo inoltre di conoscere il vero processo generativo dei dati (qualcosa che in pratica non è mai possibile), ovvero:

$$p_t(y) = \text{B}(1, 3).$$

I dati sono

```
n <- 10000
y_data <- rbeta(n, 1, 3)
head(y_data)
#> [1] 0.45402911 0.15688894 0.10650743 0.14823250 0.28309208
#> [6] 0.02276748
```

Supponiamo inoltre di avere adattato ai dati un modello bayesiano \mathcal{M} e di avere ottenuto la distribuzione a posteriori per i parametri del modello. Inoltre, supponiamo di avere derivato la forma analitica della distribuzione predittiva a posteriori per il modello:

$$p(y^{rep} | y) \sim B(2, 2).$$

Questa distribuzione ci dice quanto sono credibili i possibili dati futuri.

Conoscendo la vera distribuzione dei dati $p_t(y)$ possiamo calcolare in forma esatta la quantità elpd, ovvero

$$\text{elpd} = \int_{y^{rep}} p_t(y^{rep}) \log p(y^{rep} | y) dy^{rep}.$$

Svolgiamo i calcoli in R otteniamo:

```
# True distribution
p_t <- function(y) dbeta(y, 1, 3)
# Predictive distribution
p <- function(y) dbeta(y, 2, 2)
# Integration
integrand <- function(y) p_t(y) * log(p(y))
integrate(f = integrand, lower = 0, upper = 1)
#> -0.3749072 with absolute error < 6.8e-07
```

Tuttavia, in pratica non conosciamo mai $p_t(y)$. Quindi approssimiamo elpd usando la (28.6):

$$\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \log p(y_i | y).$$

Così facendo, e svolgendo i calcoli in R, otteniamo

```
1 / n * sum(log(p(y_data)))
#> [1] -0.3752483
```

un valore maggiore di quello trovato in precedenza.

28.8 Criterio di informazione e convalida incrociata K-fold

Nel Paragrafo precedente abbiamo visto che la (28.8) fornisce una sovrastima di elpd. Dato che, in pratica, un nuovo campione di dati futuri non è mai disponibile, sono stati messi a punto due metodi per evitare la sovrastima della elpd utilizzando soltanto le informazioni fornite dal campione osservato. Ciò si ottiene mediante:

- l'introduzione di un fattore di correzione;
- la convalida incrociata cosiddetta K-fold.

AIC, DIC e WAIC

Allo scopo di evitare la sovrastima della (28.8), le statistiche *Akaike Information Criterion* (AIC), *Deviance Information Criterion* (DIC) e *Widely Applicable Information Criterion* (WAIC) introducono un fattore di correzione. Le statistiche DIC e WAIC sono più complesse di AIC, ma producono un'approssimazione migliore. Tuttavia, i valori AIC, DIC e WAIC sono spesso molto simili tra loro. Per convenienza, ci accontenteremo qui di esaminare da vicino la statistica più semplice, ovvero AIC.

Criterio d'informazione di Akaike

Il criterio d'informazione di Akaike (in inglese *Akaike information criterion*, indicato come AIC) fornisce un metodo molto semplice per stimare la devianza media *out-of-sample*.

Definizione 28.3. Il criterio d'informazione di Akaike è definito come

$$AIC = -2 \log p(y | \hat{\theta}_{MLE}) + 2k, \quad (28.9)$$

dove k è il numero di parametri stimati nel modello e $p(y | \hat{\theta}_{MLE})$ è il valore massimizzato della funzione di verosimiglianza del modello stimato.

Dividendo per -2, otteniamo $\widehat{\text{elpd}}_{AIC}$:

$$\widehat{\text{elpd}}_{AIC} = \log p(y | \hat{\theta}_{MLE}) - k, \quad (28.10)$$

dove k è il fattore di correzione introdotto per evitare la sovrastima discussa in precedenza.

AIC è di interesse principalmente storico e produce una approssimazione attendibile di elpd quando:

1. le distribuzioni a priori sono non informative;
2. la distribuzione a posteriori è approssimativamente gaussiana multivariata;
3. la dimensione n del campione è molto maggiore del numero k dei parametri.

Esempio 28.9. Per meglio comprendere la statistica $\widehat{\text{elpd}}_{AIC}$, esaminiamo un esempio discusso da Gelman et al. (2014). Sia $y_1, \dots, y_n \sim \mathcal{N}(\theta, 1)$ un campione di osservazioni. Nel caso di una distribuzione a priori non-informativa $p(\theta) \propto 1$, la stima di massima verosimiglianza è \bar{y} . La log-verosimiglianza è

$$\begin{aligned} \log p(y | \hat{\theta}_{MLE}) &= -\frac{n}{2} \log(2\pi) - \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2 \\ &= -\frac{n}{2} \log(2\pi) - \frac{1}{2}(n-1)s_y^2, \end{aligned} \quad (28.11)$$

dove s_y^2 è la varianza campionaria.

Nel caso di un modello Normale con varianza nota e una distribuzione a priori uniforme viene stimato un solo parametro, per cui

$$\begin{aligned}\widehat{\text{elpd}}_{AIC} &= \log p(y | \hat{\theta}_{MLE}) - k \\ &= -\frac{n}{2} \log(2\pi) - \frac{1}{2}(n-1)s_y^2 - 1.\end{aligned}\quad (28.12)$$

Convalida incrociata K-fold

La sovrastima della (28.8) può anche essere evitata usando una tecnica chiamata *K-fold cross-validation*. Mediante questo metodo vengono stimati i parametri del modello tralasciando una porzione di osservazioni (chiamata *fold*) dal campione per poi valutare il modello sulle osservazioni che sono state escluse. Una stima complessiva dell'accuratezza si ottiene poi calcolando la media del punteggio di accuratezza ottenuto in ogni fold. Il numero minimo di fold è 2; all'altro estremo, è possibile impiegare una singola osservazione in ciascun fold e adattare il modello tante volte (n) quante sono le singole osservazioni. Questa strategia è chiamata *leave-one-out cross-validation* (LOO-CV).

Importance sampling

La strategia LOO-CV è computazionalmente onerosa (ovvero, richiede un tempo di esecuzione molto lungo). È però possibile approssimare LOO-CV mediante un metodo chiamato *Pareto-smoothed importance sampling cross-validation* [PSIS; Vehtari et al. (2017)]. Tralasciando i dettagli matematici, l'intuizione di base è che PSIS fa leva sul punteggio di “importanza” posseduto da ciascuna osservazione all’interno della distribuzione a posteriori. Per “importanza” si intende il fatto che alcune osservazioni hanno un impatto maggiore sulle proprietà della distribuzione a posteriori di altre: se viene rimossa un’osservazione importante, le proprietà della distribuzione a posteriori cambiano molto; se viene rimossa un’osservazione poco importante, la distribuzione a posteriori cambia poco. L’“importanza” così intesa viene chiamata “peso” (*weight*) e tali pesi vengono utilizzati per stimare l’accuratezza *out-of-sample* del modello. PSIS-LOO-CV richiede che il modello venga adattato una volta soltanto ai dati e fornisce una stima della devianza *out-of-sample* che evita la sovrastima della (28.8). Inoltre, PSIS-LOO-CV fornisce un feedback sulla propria affidabilità identificando le osservazioni i cui pesi molto elevati potrebbero rendere imprecisa la predizione.

Valori $\widehat{\text{elpd}}_{\text{LOO}}$ più grandi indicano una maggiore accuratezza predittiva. In alternativa, anziché considerare $\widehat{\text{elpd}}$, è possibile usare la quantità $-2 \cdot \widehat{\text{elpd}}$, la quale è chiamata *LOO Information Criterion* (LOOIC). In questo secondo caso, valori LOOIC più piccoli sono da preferire.

La quantità $\widehat{\text{elpd}}_{\text{LOO}}$ viene calcolata dai pacchetti `loo` e `brms` ed è chiamata `elpd_loo` o `elpd_kfold`. È anche possibile calcolare la differenza della quantità `elpd_loo` per modelli alternativi, insieme alla deviazione standard della distribuzione campionaria di tale differenza.

Confronto tra AIC e LOO-CV

Per fare un esempio, faremo qui un confronto tra $\widehat{\text{elpd}}_{AIC}$ e $\widehat{\text{elpd}}_{LOO-CV}$. Esaminiamo nuovamente l'associazione tra il QI dei figli e il QI delle madri nel campione di dati discusso da Gelman et al. (2020). Una tale relazione può essere descritta da un modello di regressione nel quale la y corrisponde al QI dei figli e la x al QI delle madri.

Leggiamo i dati in R:

```
library("foreign")
df <- read.dta(here("data", "kidiq.dta"))
df$y <- scale(df$kid_score)[, 1]
df$x1 <- scale(df$mom_iq)[, 1]
head(df)
#>   kid_score mom_hs    mom_iq mom_work mom_age          y
#> 1       65     1 121.11753      4     27 -1.06793237
#> 2       98     1  89.36188      4     25  0.54886757
#> 3       85     1 115.44316      4     27 -0.08805362
#> 4       83     1  99.44964      3     25 -0.18604150
#> 5      115     1  92.74571      4     27  1.38176451
#> 6       98     0 107.90184      1     18  0.54886757
#>
#>           x1
#> 1  1.4078352
#> 2 -0.7092079
#> 3  1.0295443
#> 4 -0.0366907
#> 5 -0.4836193
#> 6  0.5267892
```

Dato che AIC non è una statistica bayesiana, può essere calcolata mediante strumenti frequentisti:

```
m1_freq <- lm(y ~ x1, data = df)
AIC(m1_freq) / -2
#> [1] -569.6384
```

Per ottenere LOO-CV adattiamo ai dati un modello di regressione bayesiano:

```
modelString <- "
data {
  int<lower=0> N;
  vector[N] x1;
  vector[N] y;
}
parameters {
  real alpha;
  real beta1;
  real<lower=0> sigma;
}
```

```

transformed parameters {
  vector[N] mu;
  for (n in 1:N){
    mu[n] = alpha + beta1*x1[n];
  }
}
model {
  alpha ~ normal(0, 1);
  beta1 ~ normal(0, 1);
  sigma ~ cauchy(0, 1);
  y ~ normal(mu, sigma);
}
generated quantities {
  vector[N] y_rep;
  vector[N] log_liik;
  for (n in 1:N){
    y_rep[n] = normal_rng(mu[n], sigma);
    log_liik[n] = normal_lpdf(y[n] | x1[n] * beta1, sigma);
  }
}
"
writeLines(modelString, con = "code/simplereg.stan")

```

```

data1_list <- list(
  N = length(df$kid_score),
  y = df$y,
  x1 = df$x1
)

```

```
file1 <- file.path("code", "simplereg.stan")
```

```
mod1 <- cmdstan_model(file1)
```

Eseguiamo il campionamento MCMC:

```

fit1 <- mod1$sample(
  data = data1_list,
  iter_sampling = 4000L,
  iter_warmup = 2000L,
  seed = SEED,
  chains = 4L,
  parallel_chains = 2L,
  refresh = 0,
  thin = 1
)

```

Calcoliamo infine la quantità $\widehat{\text{elpd}}_{LOO-CV}$:

```
loo1_result <- fit1$loo(cores = 4)
print(loo1_result)
#>
#> Computed from 16000 by 434 log-likelihood matrix
#>
#>           Estimate    SE
#> elpd_loo   -568.6 14.5
#> p_loo       1.9  0.2
#> looic      1137.2 28.9
#> -----
#> Monte Carlo SE of elpd_loo is 0.0.
#>
#> All Pareto k estimates are good (k < 0.5).
#> See help('pareto-k-diagnostic') for details.
```

Si noti la somiglianza tra $\widehat{\text{elpd}}_{\text{LOO-CV}}$ e $\widehat{\text{elpd}}_{\text{AIC}}$. In conclusione, possiamo dunque dire che $\widehat{\text{elpd}}_{\text{LOO-CV}}$ è la risposta bayesiana allo stesso problema che trova una soluzione frequentista nella statistica $\widehat{\text{elpd}}_{\text{AIC}}$.

Confronto tra modelli mediante LOO-CV

Come menzionato in precedenza, l’obiettivo centrale della misurazione dell’accuratezza predittiva è il confronto di modelli. Una volta capito come calcolare LOO-CV con un condice scritto in linguaggio Stan, svolgeremo ora un confronto di modelli.³

Considereremo qui un confronto di modelli di regressione. Il modello di regressione discusso nel Paragrafo precedente prevede il QI dei bambini dal QI delle madri. Aggiungiamo a tale modello un secondo predittore che corrisponde all’età della madre. L’aggiunta di tale predittore migliora l’accuratezza predittiva del modello?

```
modelString <- "
data {
  int<lower=0> N;
  vector[N] x1;
  vector[N] x2;
  vector[N] y;
}
parameters {
  real alpha;
  real beta1;
```

³A questo proposito, è necessario aggiungere una nota di cautela. Come fa notare McElreath (2020), fare previsioni e inferire i rapporti causali sono due cose molto diverse. Statistiche quali AIC, WAIC e LOO-CV consentono di individuare modelli con buone capacità predittive. Tali modelli, tuttavia, non riflettono necessariamente la struttura causale del fenomeno considerato: la selezione di modelli basata unicamente sull’accuratezza predittiva non garantisce che venga selezionato il modello che riflette la struttura causale del fenomeno (si veda anche Navarro, 2019).

```

real beta2;
real<lower=0> sigma;
}
transformed parameters {
vector[N] mu;
for (n in 1:N){
mu[n] = alpha + beta1*x1[n] + beta2*x2[n];
}
}
model {
alpha ~ normal(0, 1);
beta1 ~ normal(0, 1);
beta2 ~ normal(0, 1);
sigma ~ cauchy(0, 1);
y ~ normal(mu, sigma);
}
generated quantities {
vector[N] y_rep;
vector[N] log_liik;
for (n in 1:N){
y_rep[n] = normal_rng(mu[n], sigma);
log_liik[n] = normal_lpdf(y[n] | x1[n] * beta1 + x2[n] * beta2, sigma);
}
}
"
writeLines(modelString, con = "code/mreg2.stan")

```

```
df$x2 <- scale(df$mom_age)[, 1]
```

```

data2_list <- list(
N = length(df$kid_score),
y = df$y,
x1 = df$x1,
x2 = df$x2
)

```

```
file2 <- file.path("code", "mreg2.stan")
```

```

# compile model
mod2 <- cmdstan_model(file2)
```

```

# Running MCMC
fit2 <- mod2$sample(
data = data2_list,
iter_sampling = 4000L,
iter_warmup = 2000L,
seed = SEED,
```

```
chains = 4L,
parallel_chains = 2L,
refresh = 0,
thin = 1
)

fit2$summary(c("alpha", "beta1", "beta2", "sigma"))
#> # A tibble: 4 x 10
#>   variable     mean    median     sd     mad      q5     q95
#>   <chr>     <dbl>    <dbl>    <dbl>    <dbl>    <dbl>    <dbl>
#> 1 alpha     0.000387 0.000570 0.0431  0.0427 -0.0706 0.0709
#> 2 beta1     0.442     0.442     0.0434  0.0428  0.372   0.514
#> 3 beta2     0.0510    0.0511    0.0431  0.0431 -0.0192 0.122
#> 4 sigma      0.896     0.896     0.0306  0.0303  0.847   0.947
#> # ... with 3 more variables: rhat <dbl>, ess_bulk <dbl>,
#> #   ess_tail <dbl>

loo2_result <- fit2$loo(cores = 4)
print(loo2_result)
#>
#> Computed from 16000 by 434 log-likelihood matrix
#>
#>           Estimate    SE
#> elpd_loo   -569.0 14.5
#> p_loo       3.0  0.3
#> looic      1137.9 29.0
#> -----
#> Monte Carlo SE of elpd_loo is 0.0.
#>
#> All Pareto k estimates are good (k < 0.5).
#> See help('pareto-k-diagnostic') for details.
```

Consideriamo infine un terzo modello che utilizza come predittori, oltre al QI della madre, una variabile dicotomica (codificata 0 o 1) che distingue madri che hanno completato le scuole superiori da quelle che non le hanno completate. Nuovamente, la domanda è se l'aggiunta di tale predittore migliori la capacità predittiva del modello.

```
modelString <- "
data {
  int<lower=0> N;
  vector[N] x1;
  vector[N] x3;
  vector[N] y;
}
parameters {
  real alpha;
  real beta1;
```

```

    real beta3;
    real<lower=0> sigma;
}
transformed parameters {
    vector[N] mu;
    for (n in 1:N){
        mu[n] = alpha + beta1*x1[n] + beta3*x3[n];
    }
}
model {
    alpha ~ normal(0, 1);
    beta1 ~ normal(0, 1);
    beta3 ~ normal(0, 1);
    sigma ~ cauchy(0, 1);
    y ~ normal(mu, sigma);
}
generated quantities {
    vector[N] y_rep;
    vector[N] log_liik;
    for (n in 1:N){
        y_rep[n] = normal_rng(mu[n], sigma);
        log_liik[n] = normal_lpdf(y[n] | x1[n] * beta1 + x3[n] * beta3, sigma);
    }
}
"
writeLines(modelString, con = "code/mreg3.stan")

```

```
df$x3 <- df$mom_hs
```

```

data3_list <- list(
    N = length(df$kid_score),
    y = df$y,
    x1 = df$x1,
    x3 = df$x3
)

```

```
file3 <- file.path("code", "mreg3.stan")
```

```
mod3 <- cmdstan_model(file3)
```

```

fit3 <- mod3$sample(
    data = data3_list,
    iter_sampling = 4000L,
    iter_warmup = 2000L,
    seed = SEED,
    chains = 4L,
    parallel_chains = 2L,
)

```

```
refresh = 0,
thin = 1
)

fit3$summary(c("alpha", "beta1", "beta3", "sigma"))
#> # A tibble: 4 x 10
#>   variable    mean   median     sd     mad     q5     q95   rhat
#>   <chr>     <dbl>   <dbl>   <dbl>   <dbl>   <dbl>   <dbl>
#> 1 alpha     -0.225 -0.225  0.0951  0.0939 -0.380 -0.0673  1.00
#> 2 beta1      0.414   0.414  0.0445  0.0440  0.340   0.487   1.00
#> 3 beta3      0.287   0.288  0.108   0.106   0.108   0.463   1.00
#> 4 sigma      0.890   0.889  0.0300  0.0295  0.842   0.941   1.00
#> # ... with 2 more variables: ess_bulk <dbl>, ess_tail <dbl>

loo3_result <- fit3$loo(cores = 4)
print(loo3_result)
#>
#> Computed from 16000 by 434 log-likelihood matrix
#>
#>           Estimate   SE
#> elpd_loo    -584.2 16.4
#> p_loo        7.4  0.6
#> looic      1168.4 32.8
#> -----
#> Monte Carlo SE of elpd_loo is 0.0.
#>
#> All Pareto k estimates are good (k < 0.5).
#> See help('pareto-k-diagnostic') for details.
```

Per eseguire un confronto tra modelli in termini della loro capacità predittiva esaminiamo la differenza di LOO-CV tra coppie di modelli. Le seguenti istruzioni R producono la quantità `elpd_diff`, ovvero la differenza tra stime della elpd fornite da due modelli. Il primo argomento della funzione `loo_compare()` specifica il modello che viene usato come confronto. Nella prima riga dell'output, il valore `elpd_diff` è 0 (cioè, $x - x = 0$). Nelle righe successive sono riportate le differenze rispetto al modello di confronto (in questo caso, il modello 1). La colonna `se_diff` riporta l'errore standard di tali differenze.

L'incertezza della stima dell'accuratezza *out-of-sample* si distribuisce in maniera approssimativamente normale con media uguale al valore riportato dal software e deviazione standard uguale a ciò che è indicato nell'output come errore standard. Quando il campione è piccolo, questa approssimazione produce una forte sottostima dell'incertezza, ma fornisce comunque una stima migliore di AIC, DIC e WAIC.

```
w <- loo_compare(loo1_result, loo2_result, loo3_result)
print(w)
#>       elpd_diff se_diff
```

```
#> model1  0.0      0.0
#> model2 -0.4      1.3
#> model3 -15.6     6.0
```

Per interpretare l'output, usiamo il criterio suggerito da Gelman et al. (1995): consideriamo “credibile” una differenza se `elpd_diff` è almeno due volte maggiore di `se_diff`. Nel caso presente, dunque, il confronto tra il modello 2 e il modello 1 indica che la quantità `elpd_diff` è molto piccola rispetto al suo errore standard. Questo accade se un predittore è associato in modo trascurabile con la variabile dipendente. I dati presenti, dunque, non offrono alcuna evidenza che aggiungere dell’età della madre come predittore migliori la capacità predittiva del modello. Nel confronto tra modello 3 e modello 1, invece, la quantità `elpd_diff` è maggiore di due volte il valore dell’errore standard. Questo suggerisce un incremento della capacità predittiva del modello quando il livello di istruzione della madre viene incluso tra i predittori.

È anche possibile calcolare l’intervallo di credibilità per `elpd_diff`:

```
15.5 + c(-1, 1) * qnorm(.95, 0, 1) * 6.0
#> [1] 5.630878 25.369122
```

Outier

Si è soliti pensare che la maggior parte delle osservazioni del campione sia prodotta da un unico meccanismo generatore dei dati, mentre le rimanenti osservazioni sono la realizzazione di un diverso processo stocastico. Le osservazioni che appartengono a questo secondo gruppo si chiamano *outlier*. È dunque necessario identificare gli outlier e limitare la loro influenza sull’inferenza.⁴

Poniamoci ora il problema di identificare gli outlier con la tecnica PSIS-LOO-CV. Quando PSIS-LOO-CV viene calcolato con il pacchetto `loo`, l’output riporta il parametro di forma della distribuzione di Pareto (valore k). Tale valore può essere utilizzato per identificare gli outlier. Infatti, il valore k valuta, per ciascun punto del campione, l’approssimazione usata da PSIS-LOO-CV. Se $k < 0.5$, i pesi di importanza vengono stimati in modo accurato; se il valore k di Pareto di un punto è > 0.7 , i pesi di importanza possono essere inaccurati. Le osservazioni con $k > 0.7$ sono dunque osservazioni outlier.

Per fare un esempio concreto, introduciamo nel campione dell’esempio precedente una singola osservazione outlier.

```
df1 <- df
dim(df1)
```

⁴McElreath (2020) nota che, spesso, i ricercatori eliminano i valori anomali prima di adattare un modello ai dati, basandosi solo sulla distanza dal valore medio della variabile dipendente misurata in termini di unità di deviazione standard. Secondo McElreath (2020) questo non dovrebbe mai essere fatto: un’osservazione può essere considerata come un valore anomalo o un valore influente solo alla luce delle predizioni di un modello (mai prima di avere adattato il modello ai dati). Se ci sono solo pochi valori anomali una strategia possibile è quella di riportare i risultati delle analisi statistiche svolte su tutto il campione dei dati oppure dopo avere eliminato le osservazioni anomale e influenti.

```
#> [1] 434   9  
df1$x1[434] <- 10  
df1$y[434] <- 10
```

Sistemiamo i dati nel formato appropriato per Stan:

```
data1a_list <- list(  
  N = length(df1$kid_score),  
  y = df1$y,  
  x1 = df1$x1  
)
```

Adattiamo nuovamente il modello 1 ad un campione di dati che contiene un outlier.

```
fit1a <- mod1$sample(  
  data = data1a_list,  
  iter_sampling = 4000L,  
  iter_warmup = 2000L,  
  seed = SEED,  
  chains = 4L,  
  parallel_chains = 2L,  
  refresh = 0,  
  thin = 1  
)
```

```
loo1a_result <- fit1a$loo(cores = 4)
```

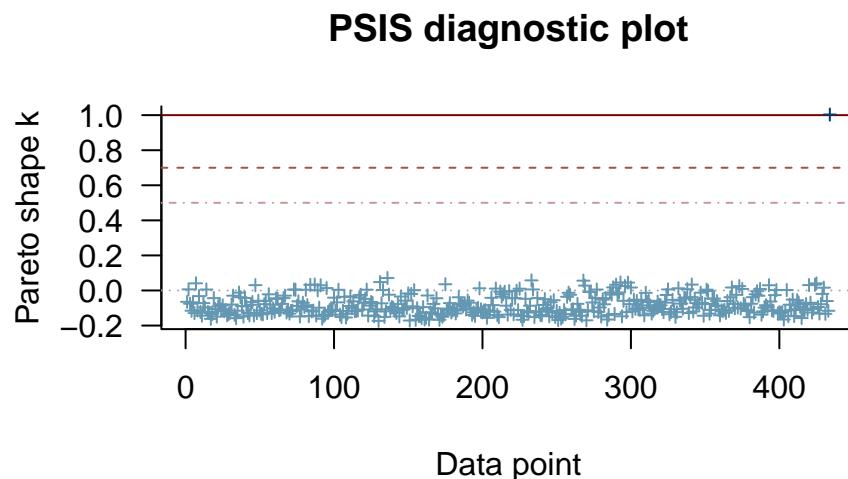
Una tabella diagnostica che riassume le stime dei parametri di forma della distribuzione di Pareto si ottiene nel modo seguente:

```
print(loo1a_result)  
#>  
#> Computed from 16000 by 434 log-likelihood matrix  
#>  
#>           Estimate    SE  
#> elpd_loo    -586.6 20.1  
#> p_loo        7.1  5.4  
#> looic      1173.2 40.3  
#> -----  
#> Monte Carlo SE of elpd_loo is NA.  
#>  
#> Pareto k diagnostic values:  
#>                               Count Pct.  Min. n_eff  
#> (-Inf, 0.5] (good)      433  99.8%  9998  
#> (0.5, 0.7] (ok)         0   0.0%  <NA>  
#> (0.7, 1] (bad)         0   0.0%  <NA>
```

```
#>      (1, Inf) (very bad) 1   0.2% 13
#> See help('pareto-k-diagnostic') for details.
```

Un grafico che riporta le stime dei parametri di forma della distribuzione di Pareto per ciascuna osservazione è dato da:

```
plot(loo1a_result)
```



Il valore k stimato da PSIS-LOO-CV mette chiaramente in luce il fatto che il valore introdotto nel campione è un outlier. L'indice dell'osservazione outlier è identificato con:

```
pareto_k_ids(loo1a_result, threshold = 0.7)
#> [1] 434
```

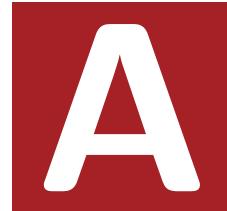
Considerazioni conclusive

Dati due modelli computazionali che forniscono resoconti diversi di un set di dati, come possiamo decidere quale modello è maggiormente supportato dai dati? Nel presente Capitolo abbiamo visto come il problema del confronto di modelli possa essere formulato nei termini di un problema di inferenza statistica. È però necessaria una nota di cautela. Navarro (2019) ci fa notare che il problema statistico del confronto di modelli non risolve il problema scientifico della selezione di teorie. A questo proposito usa una citazione di George Box:

Since all models are wrong the scientist must be alert to what is importantly wrong. It is inappropriate to be concerned about mice when there are tigers abroad.

Quali sono le tigri a cui fa riferimento George Box? Corrispondono evidentemente all'assunzione che sta alla base delle procedure discusse in questo Capitolo, ovvero all'ipotesi che il vero meccanismo generatore dei dati sia noto e che l'unica incognita siano i parametri. Tuttavia le cose non sono così semplici: nei casi di

interesse scientifico è lo stesso meccanismo generatore dei dati ad essere sconosciuto. I ricercatori non comprendono appieno i fenomeni che stanno studiando (altrimenti perché studiarli?) e qualunque descrizione formale di un fenomeno (modello) è sbagliata in un modo sconosciuto e sistematico. Di conseguenza, è “facile” fare inferenza sulla capacità predittiva del modello, ma è molto difficile fare inferenza sulla struttura causale dei fenomeni. In altre parole, se le analisi statistiche ci dicono che un modello ha una buona accuratezza predittiva, con ciò non abbiamo imparato nulla sulla struttura causale del fenomeno. Ma è anche vera l'affermazione opposta: un modello che non ha *neppure* una buona accuratezza predittiva esso è sicuramente inutile: non è in grado né di fare previsioni accurate né di catturare la struttura causale.



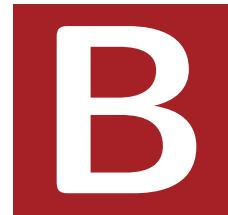
Simbologia di base

Per una scrittura più sintetica possono essere utilizzati alcuni simboli matematici.

- L'operatore logico booleano \wedge significa “e” (congiunzione forte) mentre il connettivo di disgiunzione \vee significa “o” (oppure) (congiunzione debole).
- Il quantificatore esistenziale \exists vuol dire “esiste almeno un” e indica l'esistenza di almeno una istanza del concetto/oggetto indicato. Il quantificatore esistenziale di unicità $\exists!$ (“esiste soltanto un”) indica l'esistenza di esattamente una istanza del concetto/oggetto indicato. Il quantificatore esistenziale \nexists nega l'esistenza del concetto/oggetto indicato.
- Il quantificatore universale \forall vuol dire “per ogni.”
- L'implicazione logica “ \Rightarrow ” significa “implica” (se ...allora). $P \Rightarrow Q$ vuol dire che P è condizione sufficiente per la verità di Q e che Q è condizione necessaria per la verità di P .
- L'equivalenza matematica “ \iff ” significa “se e solo se” e indica una condizione necessaria e sufficiente, o corrispondenza biunivoca.
- Il simbolo $|$ si legge “tale che.”
- Il simbolo \triangleq (o $::=$) si legge “uguale per definizione.”
- Il simbolo Δ indica la differenza fra due valori della variabile scritta a destra del simbolo.
- Il simbolo \propto si legge “proporzionale a.”
- Il simbolo \approx si legge “circa.”
- Il simbolo \in della teoria degli insiemi vuol dire “appartiene” e indica l'appartenenza di un elemento ad un insieme. Il simbolo \notin vuol dire “non appartiene.”

A. SIMBOLOGIA DI BASE

- Il simbolo \subseteq si legge “è un sottoinsieme di” (può coincidere con l’insieme stesso). Il simbolo \subset si legge “è un sottoinsieme proprio di.”
- Il simbolo $\#$ indica la cardinalità di un insieme.
- Il simbolo \cap indica l’intersezione di due insiemi. Il simbolo \cup indica l’unione di due insiemi.
- Il simbolo \emptyset indica l’insieme vuoto o evento impossibile.
- In matematica, $\arg \max$ identifica l’insieme dei punti per i quali una data funzione raggiunge il suo massimo. In altre parole, $\arg \max_x f(x)$ è l’insieme dei valori di x per i quali $f(x)$ raggiunge il valore più alto.



Numeri binari, interi, razionali, irrazionali e reali

B.1 Numeri binari

I numeri più semplici sono quelli binari, cioè zero o uno. Useremo spesso numeri binari per indicare se qualcosa è vero o falso, presente o assente.

I numeri binari sono molto utili per ottenere facilmente delle statistiche riasuntive in R. Supponiamo di chiedere a 10 studenti “Ti piacciono i mirtilli?” Poniamo che le risposte siano le seguenti:

```
opinion <- c('Yes', 'No', 'Yes', 'No', 'Yes', 'No', 'Yes', 'Yes', 'Yes', 'Yes')
opinion
```

```
## [1] "Yes" "No"  "Yes" "No"  "Yes" "No"  "Yes" "Yes" "Yes" "Yes"
```

Tali risposte possono essere ricodificate nei termini di valori di verità, ovvero, vero e falso, generalmente denotati rispettivamente come 1 e 0. In R tale ricodifica può essere effettuata mediante l’operatore == che è un test per l’uguaglianza e restituisce il valore logico VERO se i due oggetti valutati sono uguali e FALSO se non lo sono:

```
opinion <- opinion == "Yes"
opinion
```

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

R considera i valori di verità e i numeri binari in modo equivalente, con TRUE uguale a 1 e FALSE uguale a zero. Di conseguenza, possiamo effettuare operazioni algebriche sui valori logici VERO e FALSO. Nell’esempio, possiamo sommare i valori di verità e dividere per 10

```
sum(opinion) / length(opinion)
```

```
## [1] 0.7
```

in modo tale da calcolare una propozione, il che ci consente di concludere che 7 risposte su 10 sono positive.

B.2 Numeri interi

Un numero intero è un numero senza decimali. Si dicono **naturali** i numeri che servono a contare, come 1, 2, ... L'insieme dei numeri naturali si indica con il simbolo \mathbb{N} . È anche necessario introdurre i numeri con il segno per poter trattare grandezze negative. Si ottengono così l'insieme numerico dei numeri interi relativi: $\mathbb{Z} = \{0, \pm 1, \pm 2, \dots\}$

B.3 Numeri razionali

I numeri razionali sono i numeri frazionari m/n , dove $m, n \in \mathbb{N}$, con $n \neq 0$. Si ottengono così i numeri razionali: $\mathbb{Q} = \{\frac{m}{n} \mid m, n \in \mathbb{Z}, n \neq 0\}$. È evidente che $\mathbb{N} \subseteq \mathbb{Z} \subseteq \mathbb{Q}$. Anche in questo caso è necessario poter trattare grandezze negative. I numeri razionali non negativi sono indicati con $\mathbb{Q}^+ = \{q \in \mathbb{Q} \mid q \geq 0\}$.

B.4 Numeri irrazionali

Tuttavia, non tutti i punti di una retta r possono essere rappresentati mediante i numeri interi e razionali. È dunque necessario introdurre un'altra classe di numeri. Si dicono **irrazionali**, e sono denotati con \mathbb{R} , i numeri che possono essere scritti come una frazione a/b , con a e b interi e b diverso da 0. I numeri irrazionali sono i numeri illimitati e non periodici che quindi non possono essere espressi sotto forma di frazione. Per esempio, $\sqrt{2}$, $\sqrt{3}$ e $\pi = 3,141592\dots$ sono numeri irrazionali.

B.5 Numeri reali

I punti della retta r sono quindi “di più” dei numeri razionali. Per poter rappresentare tutti i punti della retta abbiamo dunque bisogno dei numeri **reali**. I numeri reali possono essere positivi, negativi o nulli e comprendono, come casi particolari, i numeri interi, i numeri razionali e i numeri irrazionali. Spesso in statisticac il numero dei decimali indica il grado di precisione della misurazione.

B.6 Intervalli

Un intervallo si dice chiuso se gli estremi sono compresi nell'intervallo, aperto se gli estremi non sono compresi. Le caratteristiche degli intervalli sono riportate nella tabella seguente.

Intervallo		
chiuso	$[a, b]$	$a \leq x \leq b$
aperto	(a, b)	$a < x < b$
chiuso a sinistra e aperto a destra	$[a, b)$	$a \leq x < b$
aperto a sinistra e chiuso a destra	$(a, b]$	$a < x \leq b$



Insiemi

Un insieme (o collezione, classe, gruppo, ...) è un concetto primitivo, ovvero è un concetto che già possediamo. Georg Cantor l'ha definito nel modo seguente:

un insieme è una collezione di oggetti, determinati e distinti, della nostra percezione o del nostro pensiero, concepiti come un tutto unico; tali oggetti si dicono elementi dell'insieme.

Mentre non è rilevante la natura degli oggetti che costituiscono l'insieme, ciò che importa è distinguere se un dato oggetto appartenga o meno ad un insieme. Deve essere vera una delle due possibilità: il dato oggetto è un elemento dell'insieme considerato oppure non è elemento dell'insieme considerato. Due insiemi A e B si dicono uguali se sono formati dagli stessi elementi, anche se disposti in ordine diverso: $A = B$. Due insiemi A e B si dicono diversi se non contengono gli stessi elementi: $A \neq B$. Ad esempio, i seguenti insiemi sono uguali:

$$\{1, 2, 3\} = \{3, 1, 2\} = \{1, 3, 2\} = \{1, 1, 1, 2, 3, 3, 3\}.$$

Gli insiemi sono denotati da una lettera maiuscola, mentre le lettere minuscole, di solito, designano gli elementi di un insieme. Per esempio, un generico insieme A si indica con

$$A = \{a_1, a_2, \dots, a_n\}, \quad \text{con } n > 0.$$

La scrittura $a \in A$ dice che a è un elemento di A . Per dire che b non è un elemento di A si scrive $b \notin A$.

Per quegli insiemi i cui elementi soddisfano una certa proprietà che li caratterizza, tale proprietà può essere usata per descrivere più sinteticamente l'insieme:

$$A = \{x \mid \text{proprietà posseduta da } x\},$$

che si legge come “ A è l'insieme degli elementi x per cui è vera la proprietà indicata.” Per esempio, per indicare l'insieme A delle coppie di numeri reali

(x, y) che appartengono alla parabola $y = x^2 + 1$ si può scrivere:

$$A = \{(x, y) \mid y = x^2 + 1\}.$$

Dati due insiemi A e B , diremo che A è un *sottoinsieme* di B se e solo se tutti gli elementi di A sono anche elementi di B :

$$A \subseteq B \iff (\forall x \in A \Rightarrow x \in B).$$

Se esiste almeno un elemento di B che non appartiene ad A allora diremo che A è un *sottoinsieme proprio* di B :

$$A \subset B \iff (A \subseteq B, \exists x \in B \mid x \notin A).$$

Un altro insieme, detto *insieme delle parti*, o insieme potenza, che si associa all'insieme A è l'insieme di tutti i sottoinsiemi di A , inclusi l'insieme vuoto e A stesso. Per esempio, per l'insieme $A = \{a, b, c\}$, l'insieme delle parti è:

$$\mathcal{P}(A) = \{\emptyset, \{a\}, \{b\}, \{c\}, \{a, b\}, \{a, c\}, \{c, b\}, \{a, b, c\}\}.$$

C.1 Operazioni tra insiemi

Si definisce **intersezione** di A e B l'insieme $A \cap B$ di tutti gli elementi x che appartengono ad A e contemporaneamente a B :

$$A \cap B = \{x \mid x \in A \wedge x \in B\}.$$

Si definisce **unione** di A e B l'insieme $A \cup B$ di tutti gli elementi x che appartengono ad A o a B , cioè

$$A \cup B = \{x \mid x \in A \vee x \in B\}.$$

Differenza. Si indica con $A \setminus B$ l'insieme degli elementi di A che non appartengono a B :

$$A \setminus B = \{x \mid x \in A \wedge x \notin B\}.$$

Insieme complementare. Nel caso che sia $B \subseteq A$, l'insieme differenza $A \setminus B$ è detto insieme complementare di B in A e si indica con B^C .

Dato un insieme S , una **partizione** di S è una collezione di sottoinsiemi di S , S_1, \dots, S_k , tali che

$$S = S_1 \cup S_2 \cup \dots \cup S_k$$

e

$$S_i \cap S_j = \emptyset \quad \text{con } i \neq j.$$

La relazione tra unione, intersezione e insieme complementare è data dalle leggi di DeMorgan:

$$(A \cup B)^C = A^C \cap B^C,$$

$$(A \cap B)^C = A^C \cup B^C.$$

C.2 Diagrammi di Eulero-Venn

In molte situazioni è utile servirsi dei cosiddetti diagrammi di Eulero-Venn per rappresentare gli insiemi e verificare le proprietà delle operazioni tra insiemi (si veda la figura C.1). I diagrammi di Venn sono così nominati in onore del matematico inglese del diciannovesimo secolo John Venn anche se Leibnitz e Eulero avevano già in precedenza utilizzato rappresentazioni simili. In tale rappresentazione, gli insiemi sono individuati da regioni del piano delimitate da una curva chiusa. Nel caso di insiemi finiti, è possibile evidenziare esplicitamente alcuni elementi di un insieme mediante punti, quando si possono anche evidenziare tutti gli elementi degli insiemi considerati.

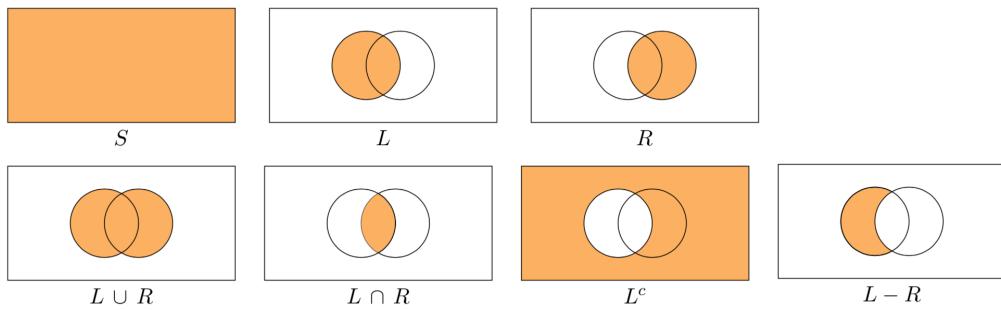


Figura C.1: In tutte le figure S è la regione delimitata dal rettangolo, L è la regione all'interno del cerchio di sinistra e R è la regione all'interno del cerchio di destra. La regione evidenziata mostra l'insieme indicato sotto ciascuna figura.

I diagrammi di Eulero-Venn che forniscono una dimostrazione delle leggi di DeMorgan sono forniti nella figura C.2.

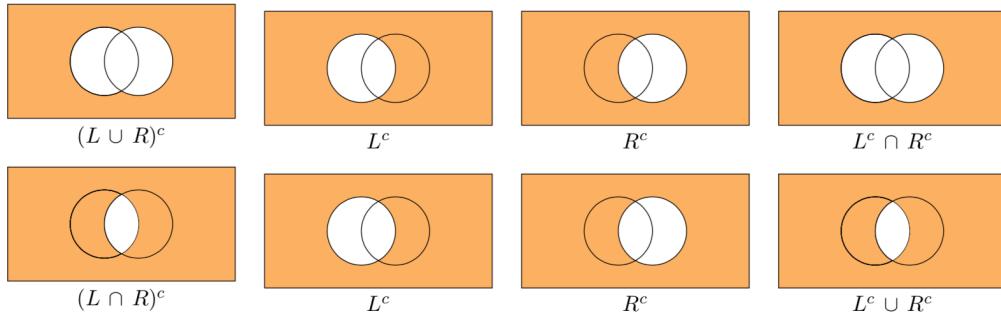


Figura C.2: Dimostrazione delle leggi di DeMorgan.

C.3 Coppie ordinate e prodotto cartesiano

Una coppia ordinata (x, y) è l'insieme i cui elementi sono $x \in A$ e $y \in B$ e nella quale x è la prima componente (o prima coordinata), y la seconda. L'insieme di tutte le coppie ordinate costruite a partire dagli insiemi A e B viene detto **prodotto cartesiano**:

$$A \times B = \{(x, y) \mid x \in A \wedge y \in B\}.$$

Ad esempio, sia $A = \{1, 2, 3\}$ e $B = \{a, b\}$. Allora,

$$\{1, 2\} \times \{a, b, c\} = \{(1, a), (1, b), (1, c), (2, a), (2, b), (2, c)\}.$$

C.4 Cardinalità

Si definisce **cardinalità** (o potenza) di un insieme finito il numero degli elementi dell'insieme. Viene indicata con $|A|$, $\#(A)$ o $c(A)$.



Simbolo di somma (sommatorie)

Le somme si incontrano costantemente in svariati contesti matematici e statistici quindi abbiamo bisogno di una notazione adeguata che ci consenta di gestirle. La somma dei primi n numeri interi può essere scritta come $1 + 2 + \dots + (n - 1) + n$, dove ‘...’ ci dice di completare la sequenza definita dai termini che vengono prima e dopo. Ovviamamente, una notazione come $1 + 7 + \dots + 73.6$ non avrebbe alcun senso senza qualche altro tipo di precisazione. In generale, nel seguito incontreremo delle somme nella forma

$$x_1 + x_2 + \dots + x_n,$$

dove x_i è un numero che è stato definito altrove. La notazione precedente, che fa uso dei tre puntini di sospensione, è utile in alcuni contesti ma in altri risulta ambigua. Pertanto la notazione di uso corrente è del tipo

$$\sum_{i=1}^n x_i$$

e si legge “sommatoria per i che va da 1 a n di x_i . Il simbolo \sum (lettera sigma maiuscola dell’alfabeto greco) indica l’operazione di somma, il simbolo x_i indica il generico addendo della sommatoria, le lettere 1 ed n indicano i cosiddetti *estremi della sommatoria*, ovvero l’intervallo (da 1 fino a n estremi inclusi) in cui deve variare l’indice i allorché si sommano gli addendi x_i . Solitamente l’estremo inferiore è 1 ma potrebbe essere qualsiasi altro numero $m < n$. Quindi

$$\sum_{i=1}^n x_i = x_1 + x_2 + \dots + x_n.$$

Per esempio, se i valori x sono $\{3, 11, 4, 7\}$, si avrà

$$\sum_{i=1}^4 x_i = 3 + 11 + 4 + 7 = 25$$

D. SIMBOLO DI SOMMA (SOMMATORIE)

laddove $x_1 = 3$, $x_2 = 11$, eccetera. La quantità x_i nella formula precedente si dice l'*argomento* della sommatoria, mentre la variabile i , che prende i valori naturali successivi indicati nel simbolo, si dice *indice* della sommatoria.

La notazione di sommatoria può anche essere fornita nella forma seguente

$$\sum_{P(i)} x_i$$

dove $P(i)$ è qualsiasi proposizione riguardante i che può essere vera o falsa. Quando è ovvio che si vogliono sommare tutti i valori di n osservazioni, la notazione può essere semplificata nel modo seguente: $\sum_i x_i$ oppure $\sum x_i$. Al posto di i si possono trovare altre lettere: k, j, l, \dots .

D.1 Manipolazione di somme

È conveniente utilizzare le seguenti regole per semplificare i calcoli che coinvolgono l'operatore della sommatoria.

Proprietà 1

La sommatoria di n valori tutti pari alla stessa costante a è pari a n volte la costante stessa:

$$\sum_{i=1}^n a = \underbrace{a + a + \cdots + a}_{n \text{ volte}} = na.$$

Proprietà 2 (proprietà distributiva)

Nel caso in cui l'argomento contenga una costante, è possibile riscrivere la sommatoria. Ad esempio con

$$\sum_{i=1}^n ax_i = ax_1 + ax_2 + \cdots + ax_n$$

è possibile raccogliere la costante a e fare $a(x_1 + x_2 + \cdots + x_n)$. Quindi possiamo scrivere

$$\sum_{i=1}^n ax_i = a \sum_{i=1}^n x_i.$$

Proprietà 3 (proprietà associativa)

Nel caso in cui

$$\sum_{i=1}^n (a + x_i) = (a + x_1) + (a + x_2) + \cdots + (a + x_n)$$

si ha che

$$\sum_{i=1}^n (a + x_i) = na + \sum_{i=1}^n x_i.$$

È dunque chiaro che in generale possiamo scrivere

$$\sum_{i=1}^n (x_i + y_i) = \sum_{i=1}^n x_i + \sum_{i=1}^n y_i.$$

Proprietà 4

Se deve essere eseguita un'operazione algebrica (innalzamento a potenza, logaritmo, ecc.) sull'argomento della sommatoria, allora tale operazione algebrica deve essere eseguita prima della somma. Per esempio,

$$\sum_{i=1}^n x_i^2 = x_1^2 + x_2^2 + \cdots + x_n^2 \neq \left(\sum_{i=1}^n x_i \right)^2.$$

Proprietà 5

Nel caso si voglia calcolare $\sum_{i=1}^n x_i y_i$, il prodotto tra i punteggi appaiati deve essere eseguito prima e la somma dopo:

$$\sum_{i=1}^n x_i y_i = x_1 y_1 + x_2 y_2 + \cdots + x_n y_n,$$

infatti, $a_1 b_1 + a_2 b_2 \neq (a_1 + a_2)(b_1 + b_2)$.

D.2 Doppia sommatoria

È possibile incontrare la seguente espressione in cui figurano una doppia sommatoria e un doppio indice:

$$\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m x_{ij}.$$

La doppia sommatoria comporta che per ogni valore dell'indice esterno, i da 1 ad n , occorre sviluppare la seconda sommatoria per j da 1 ad m . Quindi,

$$\sum_{i=1}^3 \sum_{j=4}^6 x_{ij} = (x_{1,4} + x_{1,5} + x_{1,6}) + (x_{2,4} + x_{2,5} + x_{2,6}) + (x_{3,4} + x_{3,5} + x_{3,6}).$$

Un caso particolare interessante di doppia sommatoria è il seguente:

$$\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n x_i y_j$$

Si può osservare che nella sommatoria interna (quella che dipende dall'indice j), la quantità x_i è costante, ovvero non dipende dall'indice (che è j). Allora possiamo estrarre x_i dall'operatore di sommatoria interna e scrivere

$$\sum_{i=1}^n \left(x_i \sum_{j=1}^n y_j \right).$$

Allo stesso modo si può osservare che nell'argomento della sommatoria esterna la quantità costituita dalla sommatoria in j non dipende dall'indice i e quindi questa quantità può essere estratta dalla sommatoria esterna. Si ottiene quindi

$$\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n x_i y_j = \sum_{i=1}^n \left(x_i \sum_{j=1}^n y_j \right) = \sum_{i=1}^n x_i \sum_{j=1}^n y_j.$$

D. SIMBOLO DI SOMMA (SOMMATORIE)

Esempio D.1. Si verifichi quanto detto sopra nel caso particolare di $x = \{2, 3, 1\}$ e $y = \{1, 4, 9\}$, svolgendo prima la doppia sommatoria per poi verificare che quanto così ottenuto sia uguale al prodotto delle due sommatorie.

$$\begin{aligned} \sum_{i=1}^3 \sum_{j=1}^3 x_i y_j &= x_1 y_1 + x_1 y_2 + x_1 y_3 + x_2 y_1 + x_2 y_2 + x_2 y_3 + x_3 y_1 + x_3 y_2 + x_3 y_3 \\ &= 2 \times (1 + 4 + 9) + 3 \times (1 + 4 + 9) + 2 \times (1 + 4 + 9) = 84, \end{aligned}$$

ovvero

$$(2 + 3 + 1) \times (1 + 4 + 9) = 84.$$

D.3 Sommatorie (e produttorie) e operazioni vettoriali in R

Si noti che la notazione

$$\sum_{n=0}^4 3n$$

non è altro che un ciclo for:

```
sum <- 0
for (n in 0:4) {
  sum = sum + 3 * n
}
sum
```

[1] 30

In maniera equivalente, e più semplice, possiamo scrivere

```
sum(3 * (0:4))
```

[1] 30

Allo stesso modo, la notazione

$$\prod_{n=1}^4 2n$$

è anch'essa equivalente al ciclo for

```
prod <- 1
for (n in 1:4) {
  prod <- prod * 2 * n
}
prod
```

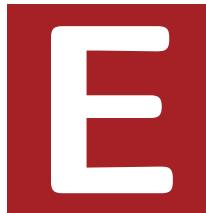
[1] 384

che si può scrivere, più semplicemente, come

```
prod(2 * (1:4))
```

```
## [1] 384
```

In entrambi i casi precedenti, abbiamo sostituito le operazioni aritmetiche eseguite all'interno di un ciclo `for` con le stesse operazioni aritmetiche eseguite sui vettori elemento per elemento.



Cenni di calcolo combinatorio

La derivazione del coefficiente binomiale richiede l'uso di alcune nozioni di calcolo combinatorio. Iniziamo con il definire il concetto di permutazione.

E.1 Permutazioni semplici

Una *permutazione semplice* di un insieme di oggetti è un allineamento di n oggetti su n posti nel quale ogni oggetto viene presentato una ed una sola volta. Le permutazioni semplici si indicano con il simbolo P_n .

Il numero delle permutazioni semplici di n elementi distinti è uguale a

$$P_n = n! \quad (\text{E.1})$$

Per esempio, nel caso dell'insieme $A = \{a, b, c\}$, le permutazioni possibili sono:

$$\{a, b, c\}, \{a, c, b\}, \{b, c, a\}, \{b, a, c\}, \{c, a, b\}, \{c, b, a\},$$

Il numero di permutazioni di A è

$$P_n = P_3 = 3! = 3 \cdot 2 \cdot 1 = 6.$$

E.2 Disposizioni semplici

Supponiamo ora di voler selezionare una sequenza di k oggetti da un insieme di n e che l'ordine degli oggetti abbia importanza. Si chiamano *disposizioni semplici* di n elementi distinti presi a k a k (o disposizioni della classe k) tutti i raggruppamenti che si possono formare con gli oggetti dati in modo che qualsiasi raggruppamento ne contenga k tutti distinti tra loro (ovvero, senza ripetizione) e che due raggruppamenti differiscano tra loro per qualche oggetto oppure per l'ordine secondo il quale gli oggetti si susseguono. Le disposizioni semplici della classe k si indicano con $D_{n,k}$.

Il numero delle disposizioni semplici di n elementi distinti della classe k è uguale a

$$D_{n,k} = \frac{n!}{(n-k)!}. \quad (\text{E.2})$$

Per esempio, nel caso dell'insieme: $A = \{a, b, c\}$, le disposizioni semplici di classe 2 sono:

$$\{a, b\}, \{b, a\}, \{a, c\}, \{c, a\}, \{b, c\}, \{c, b\}$$

Il numero di disposizioni semplici di classe 2 è

$$D_{n,k} = \frac{n!}{(n-k)!} = 3 \cdot 2 = 6.$$

E.3 Combinazioni semplici

Avendo trovato il modo per contare il numero delle disposizioni semplici di n elementi distinti della classe k , dobbiamo ora trasformare la (E.2) in modo da ignorare l'ordine degli elementi di ciascun sottoinsieme. Le *combinazioni semplici* di n elementi a k a k ($k \leq n$) sono tutti i sottoinsiemi di k elementi di un dato insieme di n elementi, tutti distinti tra loro. Le combinazioni semplici differiscono dalle disposizioni semplici per il fatto che le disposizioni semplici tengono conto dell'ordine di estrazione mentre nelle combinazioni semplici si considerano distinti solo i raggruppamenti che differiscono almeno per un elemento.

Gli elementi di ciascuna combinazione di k oggetti possono essere ordinati tra loro in $k!$ modi diversi, per cui il numero delle combinazioni semplici è dato dal numero di disposizioni semplici $D_{n,k}$ diviso per il numero di permutazioni semplici P_k dei k elementi. Il numero delle combinazioni semplici di n elementi distinti della classe k è dunque uguale a

$$C_{n,k} = \frac{D_{n,k}}{P_k} = \frac{n!}{k!(n-k)!}. \quad (\text{E.3})$$

Il numero delle combinazioni semplici $C_{n,k}$ è spesso detto coefficiente binomiale e indicato con il simbolo $\binom{n}{k}$ che si legge “ n su k ”.

Per l'insieme $A = \{a, b, c\}$, le combinazioni semplici di classe 2 sono

$$\{a, b\}, \{a, c\}, \{b, c\},$$

Il numero di combinazioni semplici di classe 2 è dunque uguale a tre:

$$C_{n,k} = \binom{n}{k} = \binom{3}{2} = 3.$$



Funzioni esponenziale e logaritmica

F.1 Funzione esponenziale

Definizione F.1. La funzione esponenziale con base a è

$$f(x) = a^x \quad (\text{F.1})$$

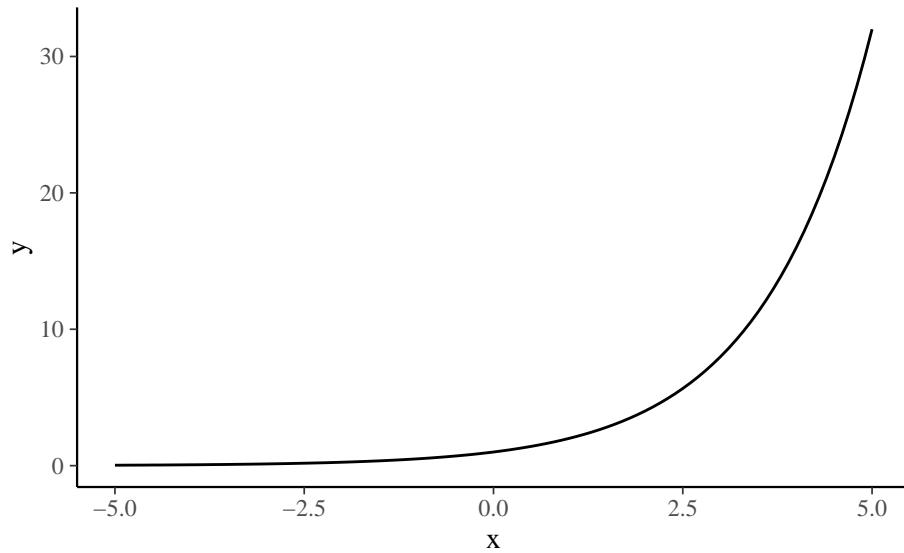
dove $a > 0$, $a \neq 1$ e x è qualsiasi numero reale.

La base $a = 1$ è esclusa perché produce $f(x) = 1^x = 1$, la quale è una costante, non una funzione esponenziale.

Per esempio, un grafico della funzione esponenziale di base 2 si trova con

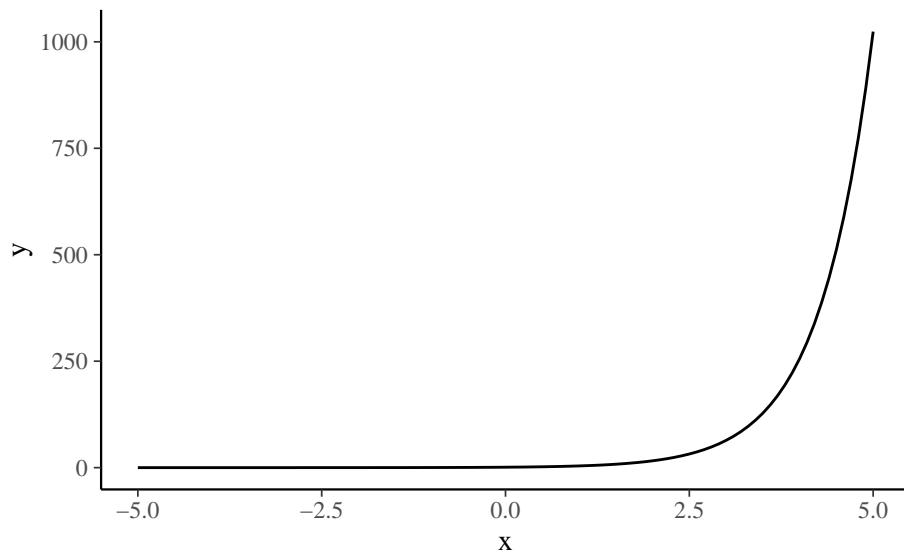
```
exp_base2 <- function(x) {  
  2^x  
}  
tibble(x = c(-5, 5)) %>%  
  ggplot(aes(x = x)) +  
  stat_function(fun = exp_base2)
```

F. FUNZIONI ESPONENZIALE E LOGARITMICA



Se usiamo la base 4 troviamo

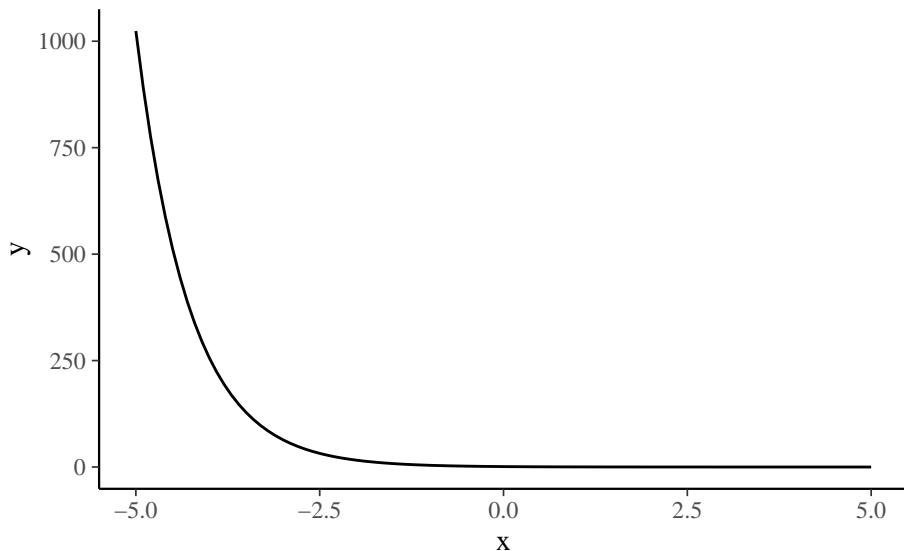
```
exp_base4 <- function(x) {
  4^x
}
tibble(x = c(-5, 5)) %>%
  ggplot(aes(x = x)) +
  stat_function(fun = exp_base4)
```



Oppure

```
exp_base4 <- function(x) {
  4^{-{
    x
  }}
}
```

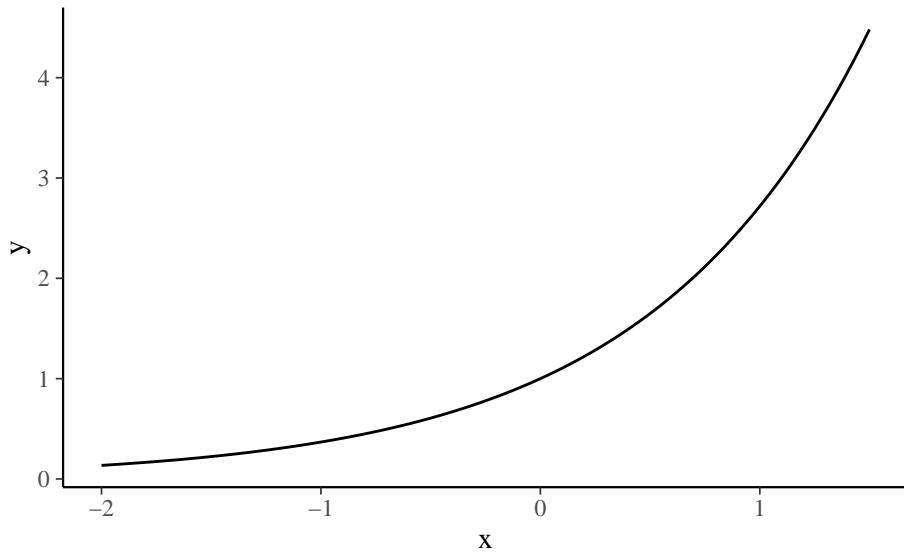
```
tibble(x = c(-5, 5)) %>%
  ggplot(aes(x = x)) +
  stat_function(fun = exp_base4)
```



In molte applicazioni la scelta più conveniente per la base è il numero irrazionale $e = 2.718281828\dots$. Questo numero è chiamato la base naturale. La funzione $f(x) = e^x$ è chiamata funzione esponenziale naturale.

Per esempio, abbiamo

```
exp_base_e <- function(x) {
  exp(x)
}
tibble(x = c(-2, 1.5)) %>%
  ggplot(aes(x = x)) +
  stat_function(fun = exp_base_e)
```



F.2 Funzione logaritmica

La funzione logaritmica è la funzione inversa della funzione esponenziale.

Definizione F.2. Siano $a > 0$, $a \neq 1$. Per $x > 0$

$$y = \log_a x \quad \text{se e solo se } x = a^y. \quad (\text{F.2})$$

La funzione data da

$$f(x) = \log_a x \quad (\text{F.3})$$

è chiamata funzione logaritmica.

Le seguenti equazioni sono dunque equivalenti:

$$y = \log_a x \quad x = a^y. \quad (\text{F.4})$$

La prima equazione è in forma logaritmica e la seconda è in forma esponenziale. Ad esempio, l'equazione logaritmica $2 = \log_3 9$ può essere riscritta in forma esponenziale come $9 = 3^2$.

Quando valutiamo i logaritmi, dobbiamo ricordare che un logaritmo è un esponente. Ciò significa che $\log_a x$ è l'esponente a cui deve essere elevato a per ottenere x .



La Normale motivata dal metodo dei minimi quadrati

La distribuzione Normale fu scoperta da Gauss nel 1809 e, nella derivazione di Gauss, è intimamente legata al metodo dei minimi quadrati. Vediamo come Gauss arrivò alla definizione della densità Normale.

Tra il 1735 e il 1754 l'Accademia di Francia effettuò quattro misurazioni della lunghezza di un arco di meridiano a latitudini diverse con lo scopo di determinare la figura della Terra.¹ Papa Benedetto XIV volle contribuire a questo progetto e nel 1750 incaricò Roger Joseph Boscovich (1711–1787) e il gesuita inglese Christopher Maire di misurare un arco di meridiana nei pressi di Roma e contemporaneamente di costruire una nuova mappa dello Stato Pontificio. Il loro rapporto fu pubblicato nel 1755.

La relazione tra lunghezza d'arco e latitudine per archi piccoli è approssimativamente $y = \alpha + \beta x$, dove y è la lunghezza dell'arco e $x = \sin^2 L$, dove L è la latitudine del punto medio dell'arco. Il problema di Boscovich era quello di stimare α e β da cinque osservazioni di (x, y) .

Nel 1757 pubblicò una sintesi del rapporto del 1755 in cui proponeva di risolvere il problema di riconciliare le relazioni lineari inconsistenti mediante la minimizzazione della somma dei valori assoluti dei residui, sotto il vincolo che la somma dei residui fosse uguale a zero. In altre parole, Boscovich propose di minimizzare la quantità $\sum |y_i - a - bx_i|$ rispetto ad a e b sotto il vincolo $(y_i - a - bx_i) = 0$. Boscovich fu il primo a formulare un metodo per adattare una retta ai dati descritti da un diagramma a dispersione, laddove l'orientamento della retta dipende dalla minimizzazione di una funzione dei residui. La formulazione e la soluzione di Boscovich erano puramente verbali ed era accompagnata da un diagramma che spiegava il metodo di minimizzazione.

Nella *Mécanique Céleste*, Laplace (1749, 1827) ritornò sul problema di Bo-

¹L'espressione “figura della Terra” è utilizzata in geodesia per indicare la precisione con cui sono definite la dimensione e la forma della Terra.

scovich e mostrò in maniera formale come sia possibile minimizzare la quantità $\sum w_i |y_i - a - bx_i|$. Il metodo della minimizzazione del valore assoluto degli scarti presentava degli svantaggi rispetto al metodo dei minimi quadrati: (1) la stima della pendenza della retta era complicata da calcolare e (2) il metodo era limitato a una sola variabile indipendente. Il metodo scomparve quindi dalla pratica statistica fino alla seconda metà del XX secolo quando venne riproposto nel contesto della discussione della robustezza delle stime.

In seguito, tale problema venne ripreso da Legendre. Il suo *Nouvelle methods pour la determinazione des orbites des comètes* contiene un'appendice (pp. 72-80) intitolata *Sur la méthode des moindres carrés*, in cui per la prima volta il metodo dei minimi quadrati viene presentato come un metodo algebrico per l'adattamento di un modello lineare ai dati. Legendre scrive

Tra tutti i principi che si possono proporre a questo scopo, credo che non ce ne sia uno più generale, più esatto e più facile da applicare di quello di cui ci siamo serviti nelle precedenti ricerche, e che consiste nel minimizzare la somma dei quadrati degli errori. In questo modo si stabilisce una sorta di equilibrio tra gli errori, che impedisce agli estremi di prevalere e ben si presta a farci conoscere lo stato del sistema più vicino alla verità.

La somma dei quadrati degli errori è

$$\sum_{i=1}^n e_i^2 = (y_i - a - b_1 x_{i1} - \dots - b_m x_{im})^2.$$

Per trovare il minimo di tale funzione, Legendre pone a zero le derivate della funzione rispetto ad a, b_1, \dots, b_m , il che conduce a quelle che in seguito sono state chiamate le “equazioni normali”. Risolvendo il sistema di equazioni normali rispetto a, b_1, \dots, b_m , si determinano le stime dei minimi quadrati dei parametri del modello di regressione.

Tutto questo è rilevante per la derivazione della Normale perché, in questo contesto, Legendre osservò che la media aritmetica, quale caso speciale dei minimi quadrati, si ottiene minimizzando $\sum(y_i - b)^2$. In precedenza, Laplace si era posto il problema di mostrare che la media aritmetica è la migliore stima possibile della tendenza centrale di una distribuzione di errori di misurazione, ma non ci era riuscito perché aveva minimizzato il valore assoluto degli scarti, il che portava ad identificare la mediana quale migliore stimatore della tendenza centrale della distribuzione degli errori, non la media.

Nel 1809, Gauss riformulò il problema ponendosi le seguenti domande. Che forma deve avere la densità della distribuzione degli errori? Quale quantità deve essere minimizzata per fare in modo che la media aritmetica risulti la miglior stima possibile della tendenza centrale della distribuzione degli errori?

Si è soliti considerare come un assioma l'ipotesi che se una qualsiasi grandezza è stata determinata da più osservazioni dirette, fatte nelle stesse circostanze e con uguale cura, la media aritmetica dei valori osservati dà il valore più probabile, se non rigorosamente, eppure con

una grade approssimazione, così che è sempre più sicuro utilizzare tale valore.

Basandosi sul risultato di Legendre (ovvero, che è necessario minimizzare il quadrato degli scarti dalla tendenza centrale, non il valore assoluto degli scarti), Gauss derivò la formula della densità Normale quale modello teorico della distribuzione degli errori di misurazione. La Normale ha infatti la proprietà desiderata: il valore atteso della distribuzione corrisponde alla media aritmetica.

La scoperta della distribuzione normale segna l'inizio di una nuova era nella statistica. La distribuzione Normale è importante, in primo luogo, perché molti fenomeni naturali hanno approssimativamente le caratteristiche descritte dall'esempio precedente. In secondo luogo, è importante perché molti modelli statistici assumono che il fenomeno aleatorio di interesse abbia una distribuzione Normale.

Nella derivazione della Normale, Gauss fornì una giustificazione probabilistica al metodo dei minimi quadrati basata sull'ipotesi che le osservazioni siano distribuite normalmente e che la distribuzione a priori del parametro di tendenza centrale sia uniforme. Si noti come la discussione sia formulata in termini bayesiani.

La derivazione formale della Normale è troppo complessa per gli scopi presenti. Il Paragrafo 11.2 illustra invece come si possa giungere alla Normale mediante una simulazione. La motivazione del presente escursus storico è stata quella di mostrare come la Normale sia fortemente legata, in un contesto storico, al modello lineare e al metodo dei minimi quadrati.



Aspettative degli individui depressi

Per fare pratica, applichiamo il metodo basato su griglia ad un campione di dati reali. Zetsche et al. (2019) si sono chiesti se gli individui depressi manifestino delle aspettative accurate circa il loro umore futuro, oppure se tali aspettative siano distorte negativamente. Esamineremo qui i 30 partecipanti dello studio di Zetsche et al. (2019) che hanno riportato la presenza di un episodio di depressione maggiore in atto. All'inizio della settimana di test, a questi pazienti è stato chiesto di valutare l'umore che si aspettavano di esperire nei giorni seguenti della settimana. Mediante una app, i partecipanti dovevano poi valutare il proprio umore in cinque momenti diversi di ciascuno dei cinque giorni successivi. Lo studio considera diverse emozioni, ma qui ci concentriamo solo sulla tristezza.

Sulla base dei dati forniti dagli autori, abbiamo calcolato la media dei giudizi relativi al livello di tristezza raccolti da ciascun partecipante tramite la app. Tale media è stata poi sottratta dall'aspettativa del livello di tristezza fornita all'inizio della settimana. La discrepanza tra aspettative e realtà è stata considerata come un evento dicotomico: valori positivi di tale differenza indicano che le aspettative circa il livello di tristezza erano maggiori del livello di tristezza effettivamente esperito — ciò significa che le aspettative future risultano negativamente distorte (evento codificato con “1”). Viceversa, si ha che le aspettative risultano positivamente distorte se la differenza descritta in precedenza assume un valore negativo (evento codificato con “0”).

Nel campione dei 30 partecipanti clinici di Zetsche et al. (2019), le aspettative future di 23 partecipanti risultano distorte negativamente e quelle di 7 partecipanti risultano distorte positivamente. Chiameremo θ la probabilità dell'evento “le aspettative del partecipante sono distorte negativamente”. Ci poniamo il problema di ottenere una stima a posteriori di θ usando il metodo basato su griglia.

H.1 La griglia

Fissiamo una griglia di $n = 50$ valori equispaziati nell’intervallo $[0, 1]$ per il parametro θ :

```
n_points <- 50
p_grid <- seq(from = 0, to = 1, length.out = n_points)
p_grid
#> [1] 0.00000000 0.02040816 0.04081633 0.06122449 0.08163265
#> [6] 0.10204082 0.12244898 0.14285714 0.16326531 0.18367347
#> [11] 0.20408163 0.22448980 0.24489796 0.26530612 0.28571429
#> [16] 0.30612245 0.32653061 0.34693878 0.36734694 0.38775510
#> [21] 0.40816327 0.42857143 0.44897959 0.46938776 0.48979592
#> [26] 0.51020408 0.53061224 0.55102041 0.57142857 0.59183673
#> [31] 0.61224490 0.63265306 0.65306122 0.67346939 0.69387755
#> [36] 0.71428571 0.73469388 0.75510204 0.77551020 0.79591837
#> [41] 0.81632653 0.83673469 0.85714286 0.87755102 0.89795918
#> [46] 0.91836735 0.93877551 0.95918367 0.97959184 1.00000000
```

H.2 Distribuzione a priori

Supponiamo di avere scarse credenze a priori sulla tendenza di un individuo clinicamente depresso a manifestare delle aspettative distorte negativamente circa il suo umore futuro. Imponiamo quindi una distribuzione non informativa sulla distribuzione a priori di θ — ovvero, una distribuzione uniforme nell’intervallo $[0, 1]$. Dato che consideriamo soltanto $n = 50$ valori possibili per il parametro θ , creiamo un vettore di 50 elementi che conterrà i valori della distribuzione a priori scalando ciascun valore del vettore per n in modo tale che la somma di tutti i valori sia uguale a 1.0:

```
prior1 <- dbeta(p_grid, 1, 1) / sum(dbeta(p_grid, 1, 1))
prior1
#> [1] 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02
#> [12] 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02
#> [23] 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02
#> [34] 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02
#> [45] 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02 0.02
```

Verifichiamo:

```
sum(prior1)
#> [1] 1
```

La distribuzione a priori così costruita è rappresentata nella figura H.1.

```
p1 <- data.frame(p_grid, prior1) %>%
  ggplot(aes(x = p_grid, xend = p_grid, y = 0, yend = prior1)) +
  geom_line() +
```

```

geom_segment() +
ylim(0, 0.17) +
labs(
  x = "Parametro \u03b8",
  y = "Probabilit\u00e0 a priori",
  title = "50 punti"
)
p1
    
```

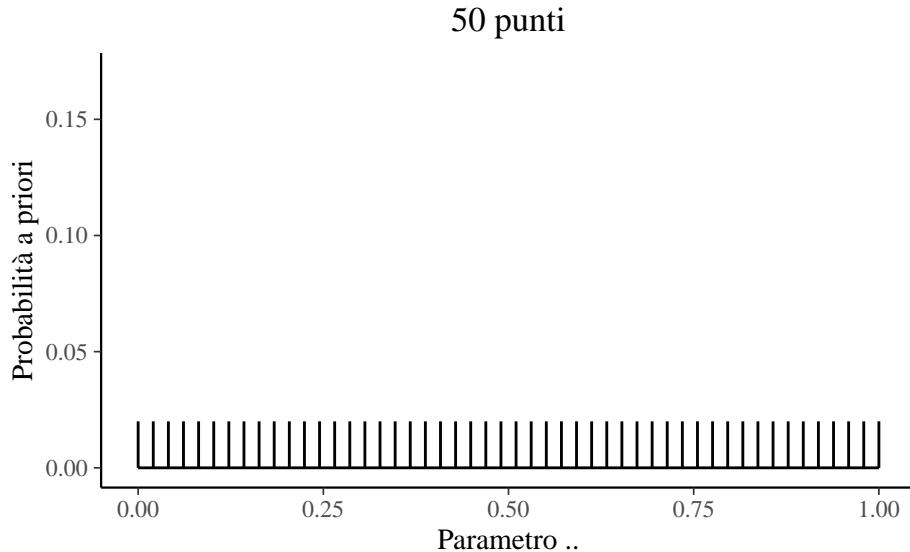


Figura H.1: Rappresentazione grafica della distribuzione a priori per il parametro θ , ovvero la probabilità di aspettative future distorte negativamente.

H.3 Funzione di verosimiglianza

Calcoliamo ora la funzione di verosimiglianza utilizzando i 50 valori θ definiti in precedenza. A ciascuno dei valori della griglia applichiamo la formula binomiale, tendendo costanti i dati (ovvero 23 “successi” in 30 prove). Ad esempio, in corrispondenza del valore $\theta = 0.816$, l’ordinata della funzione di verosimiglianza diventa

$$\binom{30}{23} \cdot 0.816^{23} \cdot (1 - 0.816)^7 = 0.135.$$

Per $\theta = 0.837$, l’ordinata della funzione di verosimiglianza sarà

$$\binom{30}{23} \cdot 0.837^{23} \cdot (1 - 0.837)^7 = 0.104.$$

Dobbiamo svolgere questo calcolo per tutti gli elementi della griglia. Usando R, tale risultato si trova nel modo seguente:

```

likelihood <- dbinom(x = 23, size = 30, prob = p_grid)
likelihood
#> [1] 0.000000e+00 2.352564e-33 1.703051e-26 1.644169e-22
#> [5] 1.053708e-19 1.525217e-17 8.602222e-16 2.528440e-14
#> [9] 4.606907e-13 5.819027e-12 5.499269e-11 4.105534e-10
#> [13] 2.520191e-09 1.311195e-08 5.919348e-08 2.362132e-07
#> [17] 8.456875e-07 2.749336e-06 8.196948e-06 2.259614e-05
#> [21] 5.798673e-05 1.393165e-04 3.148623e-04 6.720574e-04
#> [25] 1.359225e-03 2.611870e-03 4.778973e-03 8.340230e-03
#> [29] 1.390025e-02 2.214199e-02 3.372227e-02 4.909974e-02
#> [33] 6.830377e-02 9.068035e-02 1.146850e-01 1.378206e-01
#> [37] 1.568244e-01 1.681749e-01 1.688979e-01 1.575211e-01
#> [41] 1.348746e-01 1.043545e-01 7.133007e-02 4.165680e-02
#> [45] 1.972669e-02 6.936821e-03 1.535082e-03 1.473375e-04
#> [49] 1.868105e-06 0.000000e+00

```

La funzione `dbinom(x, size, prob)` richiede che vengano specificati tre parametri: il numero di “successi”, il numero di prove e la probabilità di successo. Nella chiamata precedente, `x` (numero di successi) e `size` (numero di prove bernoulliane) sono degli scalari e `prob` è il vettore `p_grid`. In tali circostanze, l’output di `dbinom()` è il vettore che abbiamo chiamato `likelihood`. Gli elementi di tale vettore sono stati calcolati applicando la formula della distribuzione binomiale a ciascuno dei 50 elementi della griglia, tenendo sempre costanti i dati [ovvero, `x` (il numero di successi) e `size` (numero di prove bernoulliane)]; ciò che varia è il valore `prob`, che assume valori diversi (`p_grid`) in ciascuna cella della griglia.

La chiamata a `dbinom()` produce dunque un vettore i cui valori corrispondono all’ordinata della funzione di verosimiglianza per ciascun valore θ specificato in `p_grid`. La verosimiglianza discretizzata così ottenuta è riportata nella figura H.2.

```

p2 <- data.frame(p_grid, likelihood) %>%
  ggplot(aes(x = p_grid, xend = p_grid, y = 0, yend = likelihood)) +
  geom_segment() +
  ylim(0, 0.17) +
  labs(
    x = "Parametro \u03b8",
    y = "Verosimiglianza"
  )
p2

```

H.4 Distribuzione a posteriori

L’approssimazione discretizzata della distribuzione a posteriori $p(\theta | y)$ si ottiene facendo il prodotto della verosimiglianza e della distribuzione a priori per poi scalare tale prodotto per una costante di normalizzazione. Il prodotto $p(\theta)\mathcal{L}(y | \theta)$ produce la distribuzione a posteriori *non standardizzata*.

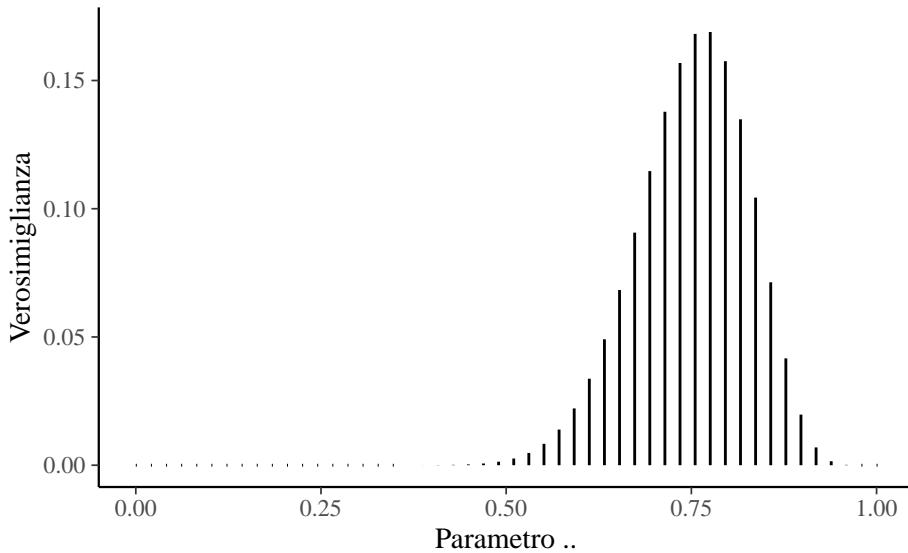


Figura H.2: Rappresentazione della funzione di verosimiglianza per il parametro θ , ovvero la probabilità di aspettative future distorte negativamente.

Nel caso di una distribuzione a priori non informativa (ovvero una distribuzione uniforme), per ottenere la funzione a posteriori non standardizzata è sufficiente moltiplicare ciascun valore della funzione di verosimiglianza per 0.02. Per esempio, per il primo valore della funzione di verosimiglianza usato quale esempio poco sopra, abbiamo $0.135 \cdot 0.02$; per il secondo valore dell'esempio abbiamo $0.104 \cdot 0.02$; e così via. Possiamo svolgere tutti i calcoli usando R nel modo seguente:¹

```
unstd_posterior <- likelihood * prior1
unstd_posterior
#> [1] 0.000000e+00 4.705127e-35 3.406102e-28 3.288337e-24
#> [5] 2.107415e-21 3.050433e-19 1.720444e-17 5.056880e-16
#> [9] 9.213813e-15 1.163805e-13 1.099854e-12 8.211068e-12
#> [13] 5.040382e-11 2.622390e-10 1.183870e-09 4.724263e-09
#> [17] 1.691375e-08 5.498671e-08 1.639390e-07 4.519229e-07
#> [21] 1.159735e-06 2.786331e-06 6.297247e-06 1.344115e-05
#> [25] 2.718450e-05 5.223741e-05 9.557946e-05 1.668046e-04
#> [29] 2.780049e-04 4.428398e-04 6.744454e-04 9.819948e-04
#> [33] 1.366075e-03 1.813607e-03 2.293700e-03 2.756411e-03
#> [37] 3.136488e-03 3.363497e-03 3.377958e-03 3.150422e-03
#> [41] 2.697491e-03 2.087091e-03 1.426601e-03 8.331361e-04
#> [45] 3.945339e-04 1.387364e-04 3.070164e-05 2.946751e-06
#> [49] 3.736209e-08 0.000000e+00
```

Avendo calcolato i valori della funzione a posteriori non standardizzata è poi necessario dividere per una costante di normalizzazione. Nel caso discreto,

¹Ricordiamo il principio dell'aritmetica vettorializzata: i vettori `likelihood` e `prior1` sono entrambi costituiti da 50 elementi. Se facciamo il prodotto tra i due vettori otteniamo un vettore di 50 elementi, ciascuno dei quali uguale al prodotto dei corrispondenti elementi dei vettori `likelihood` e `prior1`.

H. ASPETTATIVE DEGLI INDIVIDUI DEPRESSI

trovare il denominatore del teorema di Bayes è facile: esso è uguale alla somma di tutti i valori della distribuzione a posteriori non normalizzata. Per i dati presenti, tale costante di normalizzazione è uguale a 0.032:

```
sum(unstd_posterior)
#> [1] 0.0316129
```

La standardizzazione dei due valori usati come esempio è data da: $0.135 \cdot 0.02 / 0.032$ e da $0.104 \cdot 0.02 / 0.032$. Usiamo R per svolgere questo calcolo su tutti i 50 valori di `unstd_posterior` così che la somma dei 50 i valori di `posterior` sia uguale a 1.0:

```
posterior <- unstd_posterior / sum(unstd_posterior)
posterior
#> [1] 0.000000e+00 1.488357e-33 1.077440e-26 1.040188e-22
#> [5] 6.666313e-20 9.649330e-18 5.442222e-16 1.599625e-14
#> [9] 2.914574e-13 3.681425e-12 3.479129e-11 2.597379e-10
#> [13] 1.594406e-09 8.295316e-09 3.744893e-08 1.494410e-07
#> [17] 5.350268e-07 1.739376e-06 5.185824e-06 1.429552e-05
#> [21] 3.668548e-05 8.813904e-05 1.991986e-04 4.251792e-04
#> [25] 8.599178e-04 1.652408e-03 3.023432e-03 5.276472e-03
#> [29] 8.794033e-03 1.400820e-02 2.133450e-02 3.106310e-02
#> [33] 4.321259e-02 5.736920e-02 7.255582e-02 8.719259e-02
#> [37] 9.921545e-02 1.063963e-01 1.068538e-01 9.965619e-02
#> [41] 8.532881e-02 6.602021e-02 4.512719e-02 2.635430e-02
#> [45] 1.248015e-02 4.388601e-03 9.711744e-04 9.321354e-05
#> [49] 1.181862e-06 0.000000e+00
```

Verifichiamo:

```
sum(posterior)
#> [1] 1
```

La distribuzione a posteriori così trovata non è altro che la versione normalizzata della funzione di verosimiglianza: questo avviene perché la distribuzione a priori uniforme non ha aggiunto altre informazioni oltre a quelle che erano già fornite dalla funzione di verosimiglianza. L'approssimazione discretizzata di $p(\theta | y)$ che abbiamo appena trovato è riportata nella figura H.3.

```
p3 <- data.frame(p_grid, posterior) %>%
  ggplot(aes(x = p_grid, xend = p_grid, y = 0, yend = posterior)) +
  geom_segment() +
  ylim(0, 0.17) +
  labs(
    x = "Parametro \u03b8",
    y = "Probabilit\u00e0 a posteriori"
  )
p3
```

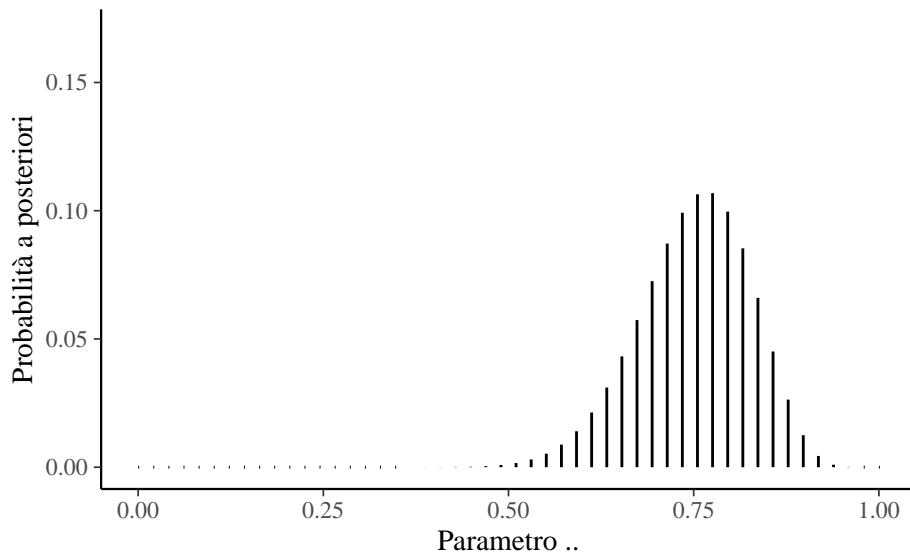


Figura H.3: Rappresentazione della distribuzione a posteriori per il parametro θ , ovvero la probabilità di aspettative future distorte negativamente.

I grafici delle figure H.1, H.2 e H.3 sono state calcolati utilizzando una griglia di 50 valori equi-spaziati per il parametro θ . I segmenti verticali rappresentano l'intensità della funzione in corrispondenza di ciascuna modalità parametrazione θ . Nella figura H.1 e nella figura H.3 la somma delle lunghezze dei segmenti verticali è uguale a 1.0; ciò non si verifica, invece, nel caso della figura H.3 (la funzione di verosimiglianza non è mai una funzione di probabilità, né nel caso discreto né in quello continuo).

H.5 La stima della distribuzione a posteriori (versione 2)

Continuiamo l'analisi di questi dati esaminiamo l'impatto di una distribuzione a priori informativa sulla distribuzione a posteriori. Una distribuzione a priori informativa riflette un alto grado di certezza a priori sui valori dei parametri del modello. Un ricercatore utilizza una distribuzione a priori informativa per introdurre nel processo di stima informazioni pre-esistenti alla raccolta dei dati, introducendo così delle restrizioni sulla possibile gamma di valori del parametro.

Nel caso presente, supponiamo che la letteratura psicologica fornisca delle informazioni su θ (la probabilità che le aspettative future di un individuo clinicamente depresso siano distorte negativamente). Per fare un esempio, supponiamo (irrealisticamente) che tali conoscenze pregresse possano essere rappresentate da una Beta di parametri $\alpha = 2$ e $\beta = 10$. Tali ipotetiche conoscenze pregresse ritengono molto plausibili valori θ bassi e considerano implausibili valori $\theta > 0.5$. Questo è equivalente a dire che ci aspettiamo che le aspettative relative all'umore futuro siano distorte negativamente solo per pochissimi individui clinicamente depressi — ovvero, ci aspettiamo che la maggioranza degli individui clinicamente depressi sia inguaribilmente ottimista. Questa è, ovviamente, una credenza a priori del tutto irrealistica. La esamino qui, non perché abbia alcun senso nel con-

testo dei dati di Zetsche et al. (2019), ma soltanto per fare un esempio nel quale risulta chiaro come la distribuzione a posteriori sia una sorta di “compromesso” tra la distribuzione a priori e la verosimiglianza.

Con calcoli del tutto simili a quelli descritti sopra si giunge alla distribuzione a posteriori rappresentata nella figura H.4. Useremo ora una griglia di 100 valori per il parametro θ :

```
n_points <- 100
p_grid <- seq(from = 0, to = 1, length.out = n_points)
```

Per la distribuzione a priori sceglieremo una Beta(2, 10):

```
alpha <- 2
beta <- 10
prior2 <- dbeta(p_grid, alpha, beta) / sum(dbeta(p_grid, alpha, beta))
sum(prior2)
#> [1] 1
```

Tale distribuzione a priori è rappresentata nella figura H.4:

```
plot_df <- data.frame(p_grid, prior2)
p4 <- plot_df %>%
  ggplot(aes(x = p_grid, xend = p_grid, y = 0, yend = prior2)) +
  geom_segment() +
  ylim(0, 0.17) +
  labs(
    x = "",
    y = "Probabilità a priori"
  )
p4
```

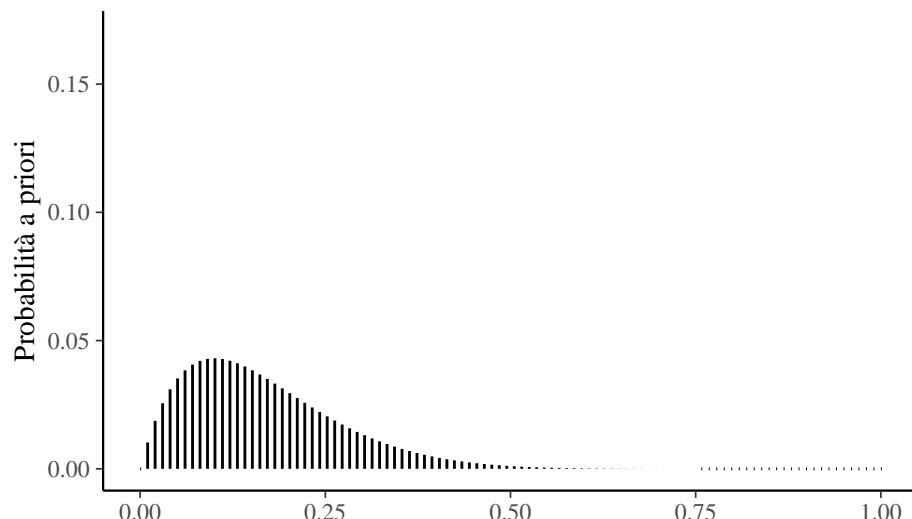


Figura H.4: Rappresentazione di una funzione a priori informativa per il parametro θ .

Calcoliamo il valore di verosimiglianza per ciascun punto della griglia:

```
likelihood <- dbinom(23, size = 30, prob = p_grid)
```

Per ciascun punto della griglia, il prodotto tra la verosimiglianza e distribuzione a priori è dato da:

```
unstd_posterior2 <- likelihood * prior2
```

È necessario normalizzare la distribuzione a posteriori discretizzata:

```
posterior2 <- unstd_posterior2 / sum(unstd_posterior2)
```

Verifichiamo:

```
sum(posterior2)
#> [1] 1
```

La nuova funzione a posteriori discretizzata è rappresentata nella figura H.5:

```
plot_df <- data.frame(p_grid, posterior2)
p5 <- plot_df %>%
  ggplot(aes(x = p_grid, xend = p_grid, y = 0, yend = posterior2)) +
  geom_segment() +
  ylim(0, 0.17) +
  labs(
    x = "Parametro \u03b8",
    y = "Probabilit\u00e0 a posteriori"
  )
p5
```

Facendo un confronto tra le figure H.4 e H.5 notiamo una notevole differenza tra la distribuzione a priori e la distribuzione a posteriori. In particolare, la distribuzione a posteriori risulta spostata verso destra su posizioni più vicine a quelle della verosimiglianza [figura H.2]. Si noti inoltre che, a causa dell'effetto della distribuzione a priori, le distribuzioni a posteriori delle figure H.3 e H.5 sono molto diverse tra loro.

Campioniamo ora 10,000 punti dall'approssimazione discretizzata della distribuzione a posteriori:

```
# Set the seed
set.seed(84735)

df <- data.frame(
  p_grid,
  posterior2
)
# Step 4: sample from the discretized posterior
```

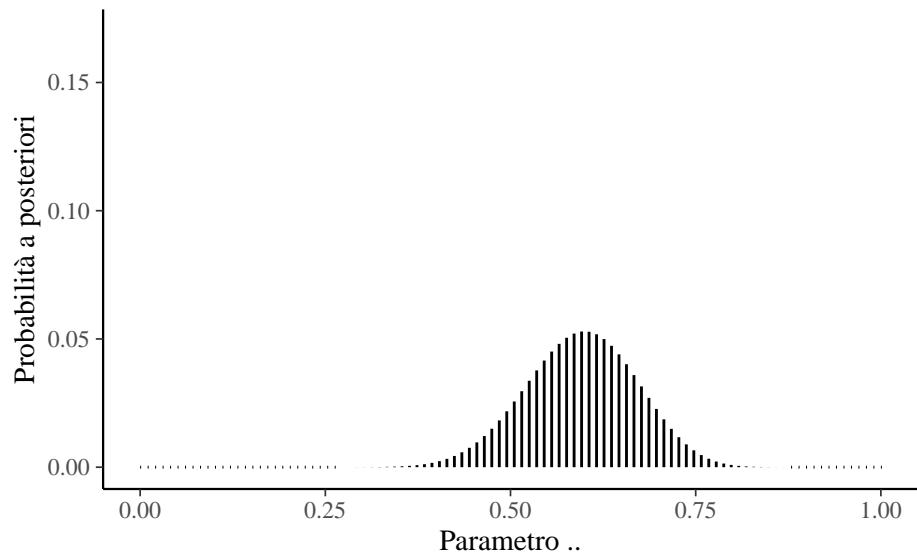
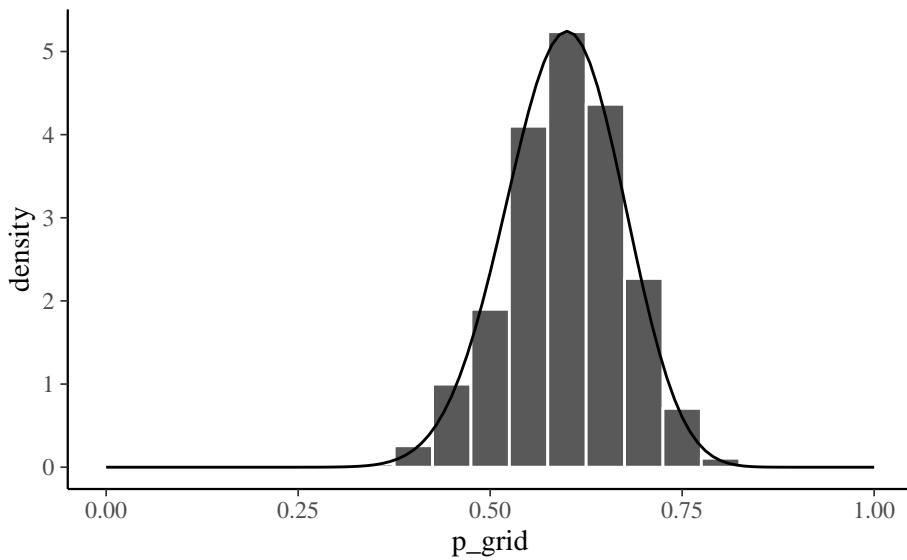


Figura H.5: Rappresentazione della funzione a posteriori per il parametro θ calcolata utilizzando una distribuzione a priori informativa.

```
post_samples <- df %>%
  slice_sample(
    n = 1e5,
    weight_by = posterior2,
    replace = TRUE
  )
```

Una rappresentazione grafica del campione casuale estratto dalla distribuzione a posteriori $p(\theta | y)$ è data da:

```
post_samples %>%
  ggplot(aes(x = p_grid)) +
  geom_histogram(
    aes(y = ..density..),
    color = "white",
    binwidth = 0.05
  ) +
  stat_function(fun = dbeta, args = list(25, 17)) +
  lims(x = c(0, 1))
```



All'istogramma è stata sovrapposta la corretta distribuzione a posteriori, ovvero una Beta di parametri 25 ($y + \alpha = 23 + 2$) e 17 ($n - y + \beta = 30 - 23 + 10$).

La stima della moda a posteriori si ottiene con

```
df$p_grid[which.max(df$posterior2)]
#> [1] 0.5959596
```

e corrisponde a

$$\text{Mo} = \frac{\alpha - 1}{\alpha + \beta - 2} = \frac{25 - 1}{25 + 17 - 2} = 0.6.$$

La stima della media a posteriori si ottiene con

```
mean(post_samples$p_grid)
#> [1] 0.5953337
```

e corrisponde a

$$\bar{\theta} = \frac{\alpha}{\alpha + \beta} = \frac{25}{25 + 17} \approx 0.5952.$$

La stima della mediana a posteriori si ottiene con

```
median(post_samples$p_grid)
#> [1] 0.5959596
```

e corrisponde a

$$\text{Me} = \frac{\alpha - \frac{1}{3}}{\alpha + \beta - \frac{2}{3}} \approx 0.5968.$$

H.6 Versione 2

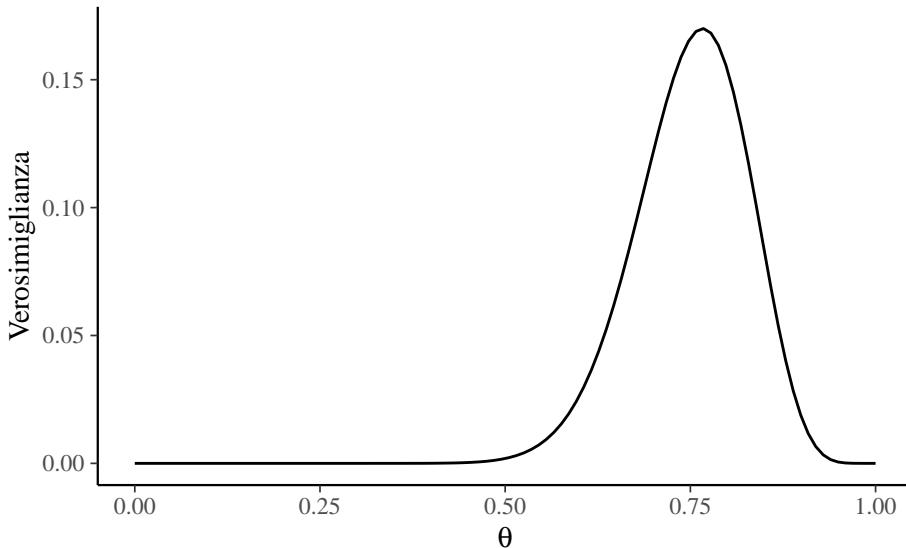
Possiamo semplificare i calcoli precedenti definendo le funzioni `likelihood()`, `prior()` e `posterior()`.

Per calcolare la funzione di verosimiglianza per i 30 valori di Zetsche et al. (2019) useremo la funzione `likelihood()`:

```
x <- 23
N <- 30
param <- seq(0, 1, length.out = 100)

likelihood <- function(param, x = 23, N = 30) {
  dbinom(x, N, param)
}

tibble(
  x = param,
  y = likelihood(param)
) %>%
  ggplot(aes(x, y)) +
  geom_line() +
  labs(
    x = expression(theta),
    y = "Verosimiglianza"
)
```



La funzione `likelihood()` ritorna l'ordinata della verosimiglianza binomiale per ciascun valore del vettore `param` in input.

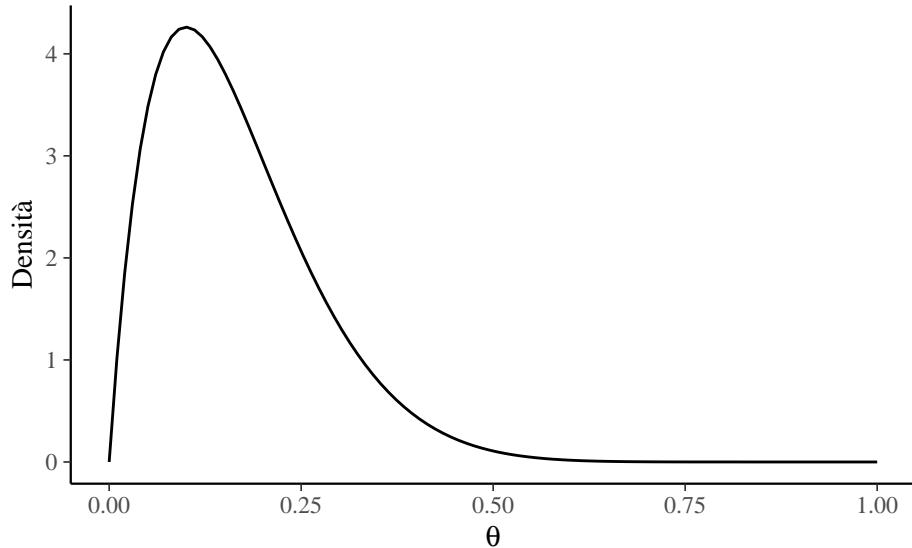
Quale distribuzione a priori utilizzeremo una Beta(2, 10) che è implementata nella funzione `prior()`:

```

prior <- function(param, alpha = 2, beta = 10) {
  param_vals <- seq(0, 1, length.out = 100)
  dbeta(param, alpha, beta) # / sum(dbeta(param_vals, alpha, beta))
}

tibble(
  x = param,
  y = prior(param)
) %>%
  ggplot(aes(x, y)) +
  geom_line() +
  labs(
    x = expression(theta),
    y = "Densità"
)

```



La funzione `posterior()` ritorna il prodotto della densità a priori e della verosimiglianza:

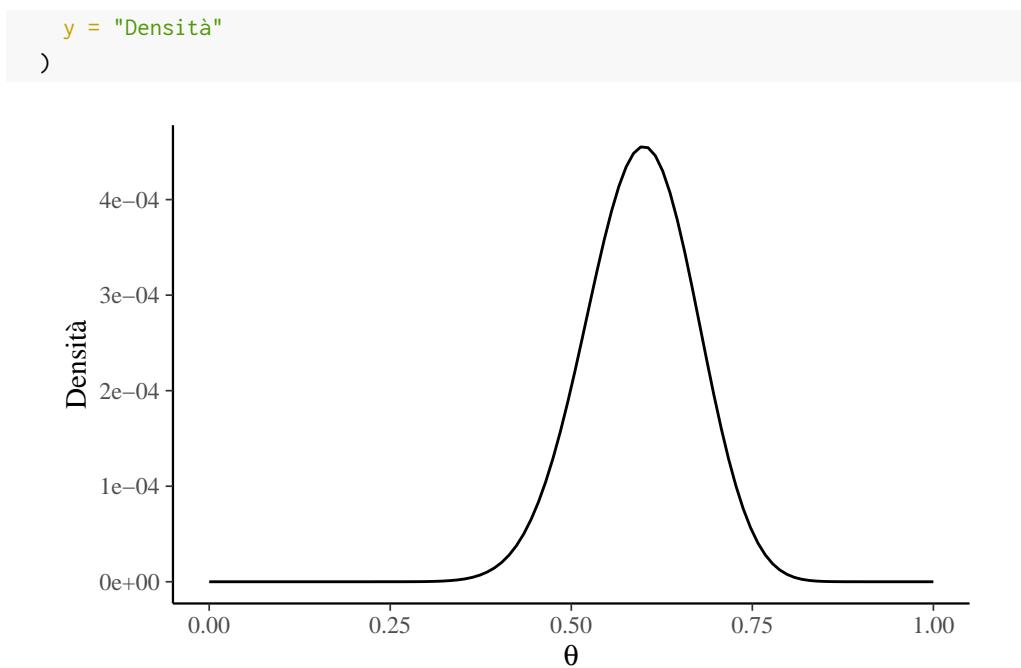
```

posterior <- function(param) {
  likelihood(param) * prior(param)
}

tibble(
  x = param,
  y = posterior(param)
) %>%
  ggplot(aes(x, y)) +
  geom_line() +
  labs(
    x = expression(theta),

```

H. ASPETTATIVE DEGLI INDIVIDUI DEPRESSI



La distribuzione a posteriori non normalizzata mostrata nella figura replica il risultato ottenuto con il codice utilizzato nella prima parte di questo Capitolo. Per l'implementazione dell'algoritmo di Metropolis non è necessaria la normalizzazione della distribuzione a posteriori.



Integrazione di Monte Carlo

Il termine Monte Carlo si riferisce al fatto che la computazione fa ricorso ad un ripetuto campionamento casuale attraverso la generazione di sequenze di numeri casuali. Una delle sue applicazioni più potenti è il calcolo degli integrali mediante simulazione numerica. Sia l'integrale da calcolare

$$\int_a^b h(y)dy.$$

Se decomponiamo $h(y)$ nel prodotto di una funzione $f(y)$ e una funzione di densità di probabilità $p(y)$ definita nell'intervallo (a, b) avremo:

$$\int_a^b h(y)dy = \int_a^b f(y)p(y)dy = \mathbb{E}[f(y)],$$

così che l'integrale può essere espresso come una funzione di aspettazione $f(y)$ sulla densità $p(y)$. Se definiamo un gran numero di variabili casuali y_1, y_2, \dots, y_n appartenenti alla densità di probabilità $p(y)$ allora avremo

$$\int_a^b h(y)dy = \int_a^b f(y)p(y)dy = \mathbb{E}[f(y)] \approx \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n f(y)$$

che è l'integrale di Monte Carlo.

L'integrazione con metodo Monte Carlo trova la sua giustificazione nella *Legge forte dei grandi numeri*. Data una successione di variabili casuali $Y_1, Y_2, \dots, Y_n, \dots$ indipendenti e identicamente distribuite con media μ , ne segue che

$$P\left(\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n Y_i = \mu\right) = 1.$$

Ciò significa che, al crescere di n , la media delle realizzazioni di $Y_1, Y_2, \dots, Y_n, \dots$ converge con probabilità 1 al vero valore μ .

I. INTEGRAZIONE DI MONTE CARLO

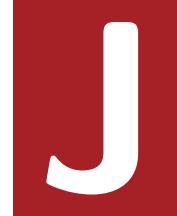
Possiamo fornire un esempio intuitivo della legge forte dei grandi numeri facendo riferimento ad una serie di lanci di una moneta dove $Y = 1$ significa “testa” e $Y = 0$ significa “croce”. Per la legge forte dei grandi numeri, nel caso di una moneta equilibrata la proporzione di eventi “testa” converge alla vera probabilità dell’evento “testa”

$$\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n Y_i \rightarrow \frac{1}{2}$$

con probabilità di uno.

Quello che è stato detto sopra non è che un modo sofisticato per dire che, se vogliamo calcolare un’approssimazione del valore atteso di una variabile casuale, non dobbiamo fare altro che la media aritmetica di un grande numero di realizzazioni della variabile casuale. Come è facile intuire, l’approssimazione migliora al crescere del numero di dati che abbiamo a disposizione.

L’integrazione di Monte Carlo può essere usata per approssimare la distribuzione a posteriori richiesta da una analisi Bayesiana: una stima di $p(\theta | y)$ può essere ottenuta mediante un grande numero di campioni casuali della distribuzione a posteriori.



Programmare in Stan

J.1 Che cos’è Stan?

STAN è un linguaggio di programmazione probabilistico usato per l’inferenza bayesiana (Carpenter et al., 2017). Prende il nome da uno dei creatori del metodo Monte Carlo, Stanislaw Ulam (Eckhardt, 1987). Stan consente di generare campioni da distribuzioni di probabilità basati sulla costruzione di una catena di Markov avente come distribuzione di equilibrio (o stazionaria) la distribuzione desiderata.

È possibile accedere al linguaggio Stan tramite diverse interfacce:

- `CmdStan`: eseguibile da riga di comando;
- `RStan` - integrazione con il linguaggio R;
- `PyStan` - integrazione con il linguaggio di programmazione Python;
- `MatlabStan` - integrazione con MATLAB;
- `Stan.jl` - integrazione con il linguaggio di programmazione Julia;
- `StataStan` - integrazione con Stata.

Inoltre, vengono fornite interfacce di livello superiore con i pacchetti che utilizzano Stan come backend, principalmente in Linguaggio R:

- `shinystan`: interfaccia grafica interattiva per l’analisi della distribuzione a posteriori e le diagnostiche MCMC;
- `bayesplot`: insieme di funzioni utilizzabili per creare grafici relativi all’analisi della distribuzione a posteriori, ai test del modello e alle diagnostiche MCMC;
- `brms`: fornisce un’ampia gamma di modelli lineari e non lineari specificando i modelli statistici mediante la sintassi usata in R;

- `rstanarm`: fornisce un sostituto per i modelli frequentisti forniti da base R e `lme4` utilizzando la sintassi usata in R per la specificazione dei modelli statistici;
- `edstan`: modelli Stan per la Item Response Theory;
- `cmdstanr`, un’interfaccia R per `CmdStan`.

J.2 Interfaccia `cmdstanr`

Negli esempi di questa dispensa verrà usata l’interfaccia `cmdstanr`. Il pacchetto `cmdstanr` non è ancora disponibile su CRAN, ma può essere installato come indicato su questo [link](#). Una volta che è stato installato, il pacchetto `cmdstanr` può essere caricato come un qualsiasi altro pacchetto R.

Si noti che `cmdstanr` richiede un’installazione funzionante di `CmdStan`, l’interfaccia shell per Stan. Se `CmdStan` non è installato, `cmdstanr` lo installerà automaticamente se il computer dispone di una *Toolchain* adatta. Stan richiede infatti che sul computer su cui viene installato siano presenti alcuni strumenti necessari per gestire i file C++. Tra le altre ragioni, questo è dovuto al fatto che il codice Stan viene tradotto in codice C++ e compilato. Il modo migliore per ottenere il software necessario per un computer Windows o Mac è quello di installare `RTools`. Per un computer Linux, è necessario installare `build-essential` e una versione recente dei compilatori `g++` o `clang++`. I requisiti sono descritti nella [Guida di CmdStan](#).

Per verificare che la *Toolchain* sia configurata correttamente è possibile utilizzare la funzione `check_cmdstan_toolchain()`:

```
check_cmdstan_toolchain()
```

Se la *Toolchain* è configurata correttamente, `CmdStan` può essere installato mediante la funzione `install_cmdstan()`:

```
# do not run!
# install_cmdstan(cores = 2)
```

Prima di poter utilizzare `CmdStanR`, è necessario specificare dove si trova l’installazione di `CmdStan`.

```
# do not run!
# set_cmdstan_path(PATH_TO_CMDSTAN)
```

Sul mio computer `PATH_TO_CMDSTAN` è la seguente stringa (incluse le virgolette):

```
cmdstan_path()
#> [1] "/Users/corrado/.cmdstan/cmdstan-2.28.0"
```

La versione installata di `CmdStan` si ottiene con:

```
cmdstan_version()
#> [1] "2.28.0"
```

J.3 Codice Stan

Qualunque sia l’interfaccia che viene usata, i modelli sottostanti sono sempre scritti nel linguaggio Stan, il che significa che lo stesso codice Stan è valido per tutte le interfacce possibili. Il codice Stan è costituito da una serie di blocchi che vengono usati per specificare un modello statistico. In ordine, questi blocchi sono: `data`, `transformed data`, `parameters`, `transformed parameters`, `model`, e `generated quantities`.

Un programma Stan contiene tre “blocchi” obbligatori: blocco `data`, blocco `parameters`, blocco `model`.

Blocco `data`

Qui vengono dichiarate le variabili che saranno passate a Stan. Devono essere elencati i nomi delle variabili che saranno utilizzate nel programma, il *tipo di dati* da registrare per ciascuna variabile, per esempio:

- `int` = intero,
- `real` = numeri reali (ovvero, numeri con cifre decimali),
- `vector` = sequenze ordinate di numeri reali unidimensionali,
- `matrix` = matrici bidimensionali di numeri reali,
- `array` = sequenze ordinate di dati multidimensionali.

Devono anche essere dichiarate le dimensioni delle variabili e le eventuali restrizioni sulle variabili (es. `upper = 1 lower = 0`, che fungono da controlli per Stan). Tutti i nomi delle variabili assegnate qui saranno anche usati negli altri blocchi del programma.

Per esempio, l’istruzione seguente dichiaria la variabile `Y` – la quale rappresenta, ad esempio, l’altezza di 10 persone – come una variabile di tipo `real[10]`. Ciò significa che specifichiamo un array di lunghezza 10, i cui elementi sono variabili continue definite sull’intervallo dei numeri reali $[-\infty, +\infty]$.

```
data {
  real Y[10]; // heights for 10 people
}
```

Invece, con l’istruzione

```
data {
  int Y[10]; // qi for 10 people
}
```

dichiariamo la variabile `Y` – la quale rappresenta, ad esempio, il QI di 10 persone – come una variabile di tipo `int[10]`, ovvero un array di lunghezza 10, i cui elementi sono numeri naturali, cioè numeri interi non negativi $\{0, +1, +2, +3, +4, \dots\}$.

Un altro esempio è

```
data {  
    real<lower=0, upper=1> Y[10]; // 10 proportions  
}
```

nel quale viene specificato un array di lunghezza 10, i cui elementi sono delle variabili continue definite sull'intervallo dei numeri reali $[0, 1]$ — per esempio, delle proporzioni.

Si noti che i tipi `vector` e `matrix` contengono solo elementi di tipo `real`, ovvero variabili continue, mentre gli `array` possono contenere dati di qualsiasi tipo. I dati passati a Stan devono essere contenuti in un oggetto del tipo `list`.

Blocco `parameters`

I parametri che vengono stimati sono dichiarati nel blocco `parameters`. Per esempio, l'istruzione

```
parameters {  
    real mu; // mean height in population  
    real<lower=0> sigma; // sd of height distribution  
}
```

dichiaria la variabile `mu` che codifica l'altezza media nella popolazione, che è una variabile continua in un intervallo illimitato di valori, e la deviazione standard `sigma`, che è una variabile continua non negativa. Avremmo anche potuto specificare un limite inferiore di zero su `mu` perché deve essere non negativo.

Per una regressione lineare semplice, ad esempio, devono essere dichiarate le variabili corrispondenti all'intercetta (`alpha`), alla pendenza (`beta`) e alla deviazione standard degli errori attorno alla linea di regressione (`sigma`). In altri termini, nel blocco `parameters` devono essere elencati tutti i parametri che dovranno essere stimati dal modello. Si noti che parametri discreti non sono possibili. Infatti, Stan attualmente non supporta i parametri con valori interi, almeno non direttamente.

Blocco `model`

Nel blocco `model` vengono elencate le dichiarazioni relative alla verosimiglianza dei dati e alle distribuzioni a priori dei parametri, come ad esempio, nelle istruzioni seguenti.

```
model {  
    for(i in 1:10) {  
        Y[i] ~ normal(mu, sigma);  
    }  
    mu ~ normal(170, 15); // prior for mu  
    sigma ~ cauchy(0, 20); // prior for sigma  
}
```

Mediante l'istruzione all'interno del ciclo `for`, ciascun valore dell'altezza viene concepito come una variable casuale proveniente da una distribuzione Normale di parametri μ e σ (i parametri di interesse nell'inferenza). Il ciclo `for` viene ripetuto 10 volte perché i dati sono costituiti da un array di 10 elementi (ovvero, il campione è costituito da 10 osservazioni).

Le due righe che seguono il ciclo `for` specificano le distribuzioni a priori dei parametri su cui vogliamo effettuare l'inferenza. Per μ assumiamo una distribuzione a priori Normale di parametri $\mu = 170$ e $\sigma = 15$; per σ assumiamo una distribuzione a priori Cauchy(0, 20).

Se non viene definita alcuna distribuzione a priori, Stan utilizzerà la distribuzione a priori predefinita $Unif(-\infty, +\infty)$. Raccomandazioni sulle distribuzioni a priori sono fornite in questo [link](#).

La precedente notazione di campionamento può anche essere espressa usando la seguente notazione alternativa:

```
for(i in 1:10) {
    target += normal_lpdf(Y[i] | mu, sigma);
}
```

Questa notazione rende trasparente il fatto che, in pratica, Stan esegue un campionamento nello spazio

$$\log p(\theta | y) \propto \log p(y | \theta) + \log p(\theta) = \sum_{i=1}^n \log p(y_i | \theta) + \log p(\theta).$$

Per ogni passo MCMC, viene ottenuto un nuovo valore di μ e σ e viene valutata la log densità a posteriori non normalizzata. Ad ogni passo MCMC, Stan calcola un nuovo valore della densità a posteriori su scala logaritmica partendo da un valore di 0 e incrementandola ogni volta che incontra un'istruzione `~`. Quindi, le istruzioni precedenti aumentano la log-densità di una quantità pari a $\log(p(Y[i])) \propto -\frac{1}{2} \log(\sigma^2) - (Y[i] - \mu)^2 / 2\sigma^2$ per le altezze si ciascuno degli $i = 1 \dots, 10$ individui – laddove la formula esprime, in termini logaritmici, la densità Normale da cui sono stati esclusi i termini costanti.

Oppure, in termini vettorializzati, il modello descritto sopra può essere espresso come

```
model {
    Y ~ normal(mu, sigma);
}
```

dove il termine a sinistra di `~` è un array. Questa notazione più compatta è anche la più efficiente.

Blocchi opzionali

Ci sono inoltre tre blocchi opzionali:

- Il blocco `transformed data` consente il pre-processing dei dati. È possibile trasformare i parametri del modello; solitamente ciò viene fatto nel caso

dei modelli più avanzati per consentire un campionamento MCMC più efficiente.

- Il blocco `transformed parameters` consente la manipolazione dei parametri prima del calcolo della distribuzione a posteriori.
- Il blocco `generated quantities` consente il post-processing riguardante qualsiasi quantità che non fa parte del modello ma può essere calcolata a partire dai parametri del modello, per ogni iterazione dell'algoritmo. Esempi includono la generazione dei campioni a posteriori e le dimensioni degli effetti.

Sintassi

Si noti che il codice Stan richiede i punti e virgola (;) alla fine di ogni istruzione di assegnazione. Questo accade per le dichiarazioni dei dati, per le dichiarazioni dei parametri e ovunque si acceda ad un elemento di un tipo `data` e lo si assegna a qualcos'altro. I punti e virgola non sono invece richiesti all'inizio di un ciclo o di un'istruzione condizionale, dove non viene assegnato nulla.

In STAN, qualsiasi stringa che segue `//` denota un commento e viene ignorata dal programma.

Stan è un linguaggio estremamente potente e consente di implementare quasi tutti i modelli statistici, ma al prezzo di un certo sforzo di programmazione. Anche l'adattamento di semplici modelli statistici mediante il linguaggio STAN a volte può essere laborioso. Per molti modelli comunemente usati, come i modelli di regressione e multilivello, tale processo può essere semplificato usando le funzioni del pacchetto `brms`. D'altra parte, per modelli veramente complessi, non ci sono molte alternative all'uso di STAN. Per chi è curioso, il manuale del linguaggio Stan è accessibile al seguente [link](#).

J.4 Workflow

Se usiamo `cmdstanr`, dobbiamo prima scrivere il codice con il modello, poi compilare il codice con la funzione `cmdstan_model()`, poi eseguire il campionamento MCMC con il metodo `$sample()` e, infine, creare un sommario dei risultati usando, per esempio, usando il metodo `$summary()`.



Inferenza su una proporzione con Stan

Il Capitolo 20 discute il codice Stan necessario per calcolare $p(y^{rep} | y)$ nel caso dell'inferenza su una proporzione. Questa Appendice approfondisce alcuni aspetti di tale analisi statistica.

Assumiamo che il codice Stan descritto nel Capitolo 20 abbia prodotto l'oggetto `fit`.

Trasformiamo `fit` in un oggetto di classe `stanfit`:

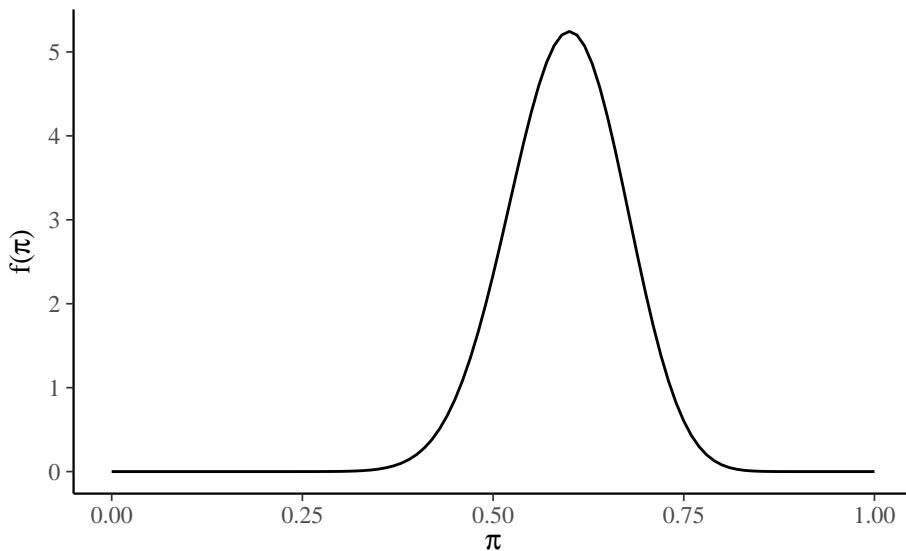
```
stanfit <- rstan::read_stan_csv(fit$output_files())
```

e esaminiamo il risultato ottenuto. Per i dati dell'esempio, l'esatta distribuzione a posteriori è una Beta(25, 17):

```
summarize_beta_binomial(alpha = 2, beta = 10, y = 23, n = 30)
#>      model alpha beta      mean mode      var      sd
#> 1    prior     2    10 0.16666667 0.1 0.010683761 0.1033623
#> 2 posterior   25    17 0.5952381  0.6 0.005603016 0.0748533
```

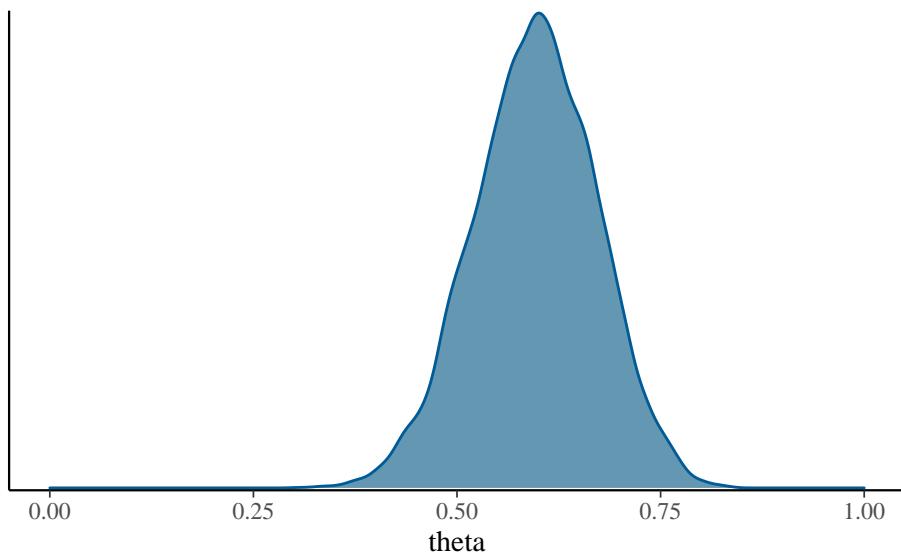
```
plot_beta(alpha = 25, beta = 17) +
  lims(x = c(0, 1))
```

K. INFERENZA SU UNA PROPORZIONE CON STAN



L'approssimazione della distribuzione a posteriore per θ ottenuta mediante la simulazione MCMC è

```
mcmc_dens(stanfit, pars = "theta") +  
  lims(x = c(0, 1))
```



La funzione `tidy()` nel pacchetto `broom.mixed` fornisce alcune utili statistiche per i 16000 valori della catena Markov memorizzati in `stanfit`:

```
broom.mixed::tidy(  
  stanfit,  
  conf.int = TRUE,  
  conf.level = 0.95,  
  pars = "theta"  
)  
#> # A tibble: 1 x 5
```

```
#>   term  estimate std.error conf.low conf.high
#>   <chr>    <dbl>     <dbl>     <dbl>     <dbl>
#> 1 theta     0.598     0.0750    0.444     0.739
```

laddove, per esempio, la media esatta della corretta distribuzione a posteriori è

```
25 / (25 + 17)
#> [1] 0.5952381
```

La funzione `tidy()` non consente di calcolare altre statistiche descrittive, oltre alla media. Ma questo risultato può essere ottenuto direttamente utilizzando i valori delle catene di Markov. Iniziamo ad esaminare il contenuto dell'oggetto `stanfit`:

```
list_of_draws <- extract(stanfit)
print(names(list_of_draws))
#> [1] "theta"    "y_rep"    "log_lik"   "lp__"
```

Possiamo estrarre i campioni della distribuzione a posteriori nel modo seguente:

```
head(list_of_draws$theta)
#> [1] 0.530193 0.675819 0.682041 0.700398 0.588920 0.612087
```

Creiamo un `data.frame` con le stime a posteriori $\hat{\theta}$:

```
df <- data.frame(
  theta = list_of_draws$theta
)
```

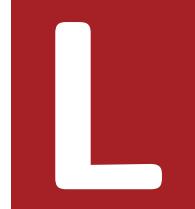
Le statistiche descrittive della distribuzione a posteriori possono ora essere ottenute usando direttamente i valori $\hat{\theta}$:

```
df %>%
  summarize(
    post_mean = mean(theta),
    post_median = median(theta),
    post_mode = sample_mode(theta),
    lower_95 = quantile(theta, 0.025),
    upper_95 = quantile(theta, 0.975)
  )
#>   post_mean post_median post_mode  lower_95  upper_95
#> 1 0.5960131    0.597521  0.6008425  0.4440288  0.7391304
```

È anche possibile calcolare, ad esempio, la probabilità di $\hat{\theta} > 0.5$:

K. INFERENZA SU UNA PROPORZIONE CON STAN

```
df %>%
  mutate(exceeds = theta > 0.50) %>%
  janitor::tabyl(exceeds)
#>   exceeds     n    percent
#>   FALSE  1689  0.1055625
#>   TRUE  14311  0.8944375
```



Minimi quadrati

Nella trattazione classica del modello di regressione, $y_i = \alpha + \beta x_i + e_i$, i coefficienti $a = \hat{\alpha}$ e $b = \hat{\beta}$ vengono stimati in modo tale da minimizzare i residui

$$e_i = y_i - \hat{\alpha} - \hat{\beta}x_i. \quad (\text{L.1})$$

In altri termini, il residuo i -esimo è la differenza fra l'ordinata del punto (x_i, y_i) e quella del punto di ascissa x_i sulla retta di regressione campionaria.

Per determinare i coefficienti a e b della retta $y_i = a + bx_i + e_i$ non è sufficiente minimizzare la somma dei residui $\sum_{i=1}^n e_i$, in quanto i residui possono essere sia positivi che negativi e la loro somma può essere molto prossima allo zero anche per differenze molto grandi tra i valori osservati e la retta di regressione. Infatti, ciascuna retta passante per il punto (\bar{x}, \bar{y}) ha $\sum_{i=1}^n e_i = 0$.

Una retta passante per il punto (\bar{x}, \bar{y}) soddisfa l'equazione $\bar{y} = a + b\bar{x}$. Sottraendo tale equazione dall'equazione $y_i = a + bx_i + e_i$ otteniamo

$$y_i - \bar{y} = b(x_i - \bar{x}) + e_i.$$

Sommmando su tutte le osservazioni, si ha che

$$\sum_{i=1}^n e_i = \sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y}) - b \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x}) = 0 - b(0) = 0. \quad (\text{L.2})$$

Questo problema viene risolto scegliendo i coefficienti a e b che minimizzano, non tanto la somma dei residui, ma bensì l'*errore quadratico*, cioè la somma dei quadrati degli errori:

$$S(a, b) = \sum_{i=1}^n e_i^2 = \sum (y_i - a - bx_i)^2. \quad (\text{L.3})$$

Il metodo più diretto per determinare quelli che vengono chiamati i *coefficienti dei minimi quadrati* è quello di trovare le derivate parziali della funzione $S(a, b)$ rispetto ai coefficienti a e b :

$$\begin{aligned}\frac{\partial S(a, b)}{\partial a} &= \sum (-1)(2)(y_i - a - bx_i), \\ \frac{\partial S(a, b)}{\partial b} &= \sum (-x_i)(2)(y_i - a - bx_i).\end{aligned}\quad (\text{L.4})$$

Ponendo le derivate uguali a zero e dividendo entrambi i membri per -2 si ottengono le *equazioni normali*

$$\begin{aligned}an + b \sum x_i &= \sum y_i, \\ a \sum x_i + b \sum x_i^2 &= \sum x_i y_i.\end{aligned}\quad (\text{L.5})$$

I coefficienti dei minimi quadrati a e b si trovano risolvendo le (L.5) e sono uguali a:

$$a = \bar{y} - b\bar{x}, \quad (\text{L.6})$$

$$b = \frac{\sum (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sum (x_i - \bar{x})^2}. \quad (\text{L.7})$$

Massima verosimiglianza

Se gli errori del modello lineare sono indipendenti e distribuiti secondo una Normale, così che $y_i \sim \mathcal{N}(\alpha + \beta x, \sigma^2)$ per ciascun i , allora le stime dei minimi quadrati di α e β corrispondono alla stima di massima verosimiglianza. La funzione di verosimiglianza del modello di regressione è definita come la funzione di densità di probabilità dei dati, dati i parametri e i predittori:

$$p(y | \alpha, \beta, \sigma, x) = \prod_{i=1}^n \mathcal{N}(y_i | \alpha + \beta x_i, \sigma^2). \quad (\text{L.8})$$

Massimizzare la (L.8) conduce alle stime dei minimi quadrati (L.7).



Introduzione al linguaggio R

In questa sezione della dispensa saranno presentate le caratteristiche di base e la filosofia dell'ambiente R, passando poi a illustrare le strutture dati e le principali strutture di controllo. Verranno introdotte alcune funzioni utili per la gestione dei dati e verranno forniti i rudimenti per realizzare semplici funzioni. Verranno introdotti i tipi di file editabili in RStudio (script, markdown, ...). Nello specifico, dopo aver accennato alcune caratteristiche del sistema `tidyverse`, verranno illustrate le principali funzionalità dell'IDE RStudio e dei pacchetti `dplyr` e `ggplot2`. Sul web sono presenti tantissime introduzioni all'uso di R, per esempio [questa](#).

M.1 Prerequisiti

Al fine di utilizzare R è necessario eseguire le seguenti tre operazioni nell'ordine dato:

1. Installare R;
2. Installare RStudio;
3. Installare R-Packages (se necessario).

Di seguito viene descritto come installare R e RStudio.

Installare R e RStudio

R è disponibile gratuitamente ed è scaricabile dal sito <http://www.r-project.org/>. Dalla pagina principale del sito `r-project.org` andiamo sulla sezione `Download` e scegliamo un server a piacimento per scaricare il software d'installazione. Una volta scaricato l'installer, lo installiamo come un qualsiasi software, cliccando due volte sul file d'installazione. Esistono versioni di R per tutti i più diffusi sistemi operativi (Windows, Mac OS X e Linux).

Il R Core Development Team lavora continuamente per migliorare le prestazioni di R, per correggere errori e per consentire l'uso di con nuove tecnologie. Di

conseguenza, periodicamente vengono rilasciate nuove versioni di R. Informazioni a questo proposito sono fornite sulla pagina web <https://www.r-project.org/>. Per installare una nuova versione di R si segue la stessa procedura che è stata seguita per la prima installazione.

Insieme al software si possono scaricare dal sito principale sia manuali d'uso che numerose dispense per approfondire diversi aspetti di R. In particolare, nel sito <http://cran.r-project.org/other-docs.html> si possono trovare anche numerose dispense in italiano (sezione “Other languages”).

Dopo avere installato R è opportuno installare anche RStudio. RStudio si può scaricare da <https://www.rstudio.com/>. Anche RStudio è disponibile per tutti i più diffusi sistemi operativi.

Utilizzare RStudio per semplificare il lavoro

Possiamo pensare ad R come al motore di un automobile e a RStudio come al cruscotto di un automobile. Più precisamente, R è un linguaggio di programmazione che esegue calcoli mentre RStudio è un ambiente di sviluppo integrato (IDE) che fornisce un’interfaccia grafica aggiungendo una serie di strumenti che facilitano la fase di sviluppo e di esecuzione del codice. Utilizzeremo dunque R mediante RStudio. In altre parole,

non aprite



aprite invece



L’ambiente di lavoro di RStudio è costituito da quattro finestre: la finestra del codice (scrivere-eseguire script), la finestra della console (riga di comando - output), la finestra degli oggetti (elenco oggetti-cronologia dei comandi) e la finestra dei pacchetti-dei grafici-dei dati-dell’aiuto in linea.

Eseguire il codice

Mediante il menu a tendina di RStudio, scegliendo il percorso

File > New File > R Notebook

oppure

File > New File > R Script

l’utente può aprire nella finestra del codice (in alto a destra) un R Notebook o un R script dove inserire le istruzioni da eseguire.

In un R script, un blocco di codice viene eseguito selezionando un insieme di righe di istruzioni e digitando la sequenza di tasti **Command + Invio** sul Mac,

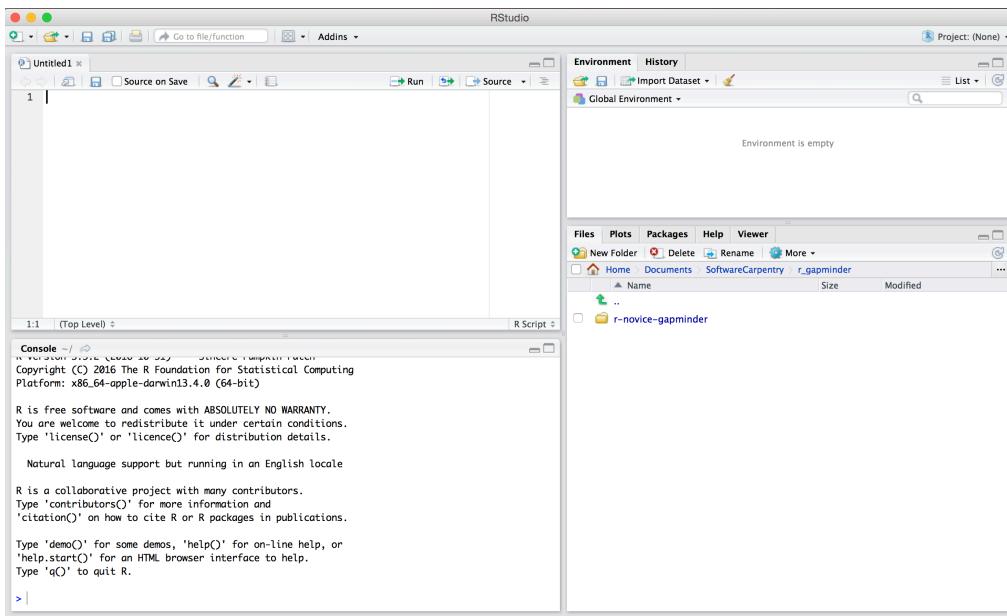


Figura M.1: La console di RStudio.

oppure Control + Invio su Windows. In un R Notebook, un blocco di codice viene eseguito schiacciando il bottone con l'icona ▶ (“Run current chunk”) posizionata a destra rispetto al codice.

M.2 Sintassi di base

R è un linguaggio di programmazione orientato all’analisi dei dati, il calcolo e la visualizzazione grafica. È disponibile su Internet una vasta gamma di materiali utile per avvicinarsi all’ambiente R e aiutare l’utente nell’apprendimento di questo software statistico. Cercheremo qui di fornire alcune indicazioni e una breve descrizione delle risorse di base di R.

Aggiungo qui sotto alcune considerazioni che ho preso, pari pari, da un testo che tratta di un altro linguaggio di programmazione, ma che si applicano perfettamente anche al caso nostro.

Come in ogni linguaggio, per parlare in R è necessario seguire un insieme di regole. Come in tutti i linguaggi di programmazione, queste regole sono del tutto inflessibili e inderogabili. In R, un enunciato o è sintatticamente corretto o è incomprensibile all’interprete, che lo segnalerà all’utente. Questo aspetto non è esattamente amichevole per chi non è abituato ai linguaggi di programmazione, e si trova così costretto ad una precisione di scrittura decisamente poco “analogica”. Tuttavia, ci sono due aspetti positivi nello scrivere codice, interrelati tra loro. Il primo è lo sforzo analitico necessario, che allena ad un’analisi precisa del problema che si vuole risolvere in modo da poterlo formalizzare linguisticamente. Il secondo concerne una forma di autoconsapevolezza specifica: salvo “bachi” nel linguaggio (rarissimi

sebbene possibili), il mantra del programmatore è “Se qualcosa non ti funziona, è colpa tua” (testo adattato da Andrea Valle).

A chi preferisce un approccio più “giocoso” posso suggerire il seguente [link](#).

Utilizzare la console R come calcolatrice

La console di RStudio contiene un cursore rappresentato dal simbolo “>” (linea di comando) dove si possono inserire i comandi e le funzioni – in realtà è sempre meglio utilizzare un R Notebook anziché la console, ma per ora esaminiamo il funzionamento di quest’ultima.

La console di RStudio può essere utilizzata come semplice calcolatrice. I comandi elementari consistono di espressioni o di assegnazioni. Le operazioni aritmetiche vengono eseguite mediante simboli “standard:” +, *, -, /, `sqrt()`, `log()`, `exp()`, ...

I comandi sono separati da un carattere di nuova linea (si immette un carattere di nuova linea digitando il tasto Invio). Se un comando non è completo alla fine della linea, R darà un prompt differente che per default è il carattere + sulla linea seguente e continuerà a leggere l’input finché il comando non è sintatticamente completo. Ad esempio,

```
4 -  
+  
+1  
#> [1] 3
```

R è un ambiente interattivo, ossia i comandi producono una risposta immediata. Se scriviamo 2 + 2 e premiamo il tasto di invio, comparirà nella riga successiva il risultato:

```
2 + 2  
#> [1] 4
```

Il risultato è preceduto da [1], il che significa che il risultato dell’operazione che abbiamo appena eseguito è il primo valore di questa linea. Alcune funzioni ritornano più di un singolo numero e, in quel caso, l’informazione fornita da R è più utile. Per esempio, l’istruzione `100:130` ritorna 31 valori, ovvero i numeri da 100 a 130:

```
100:130  
#> [1] 100 101 102 103 104 105 106 107 108 109 110 111 112 113  
#> [15] 114 115 116 117 118 119 120 121 122 123 124 125 126 127  
#> [29] 128 129 130
```

In questo caso, sul mio computer, [24] indica che il valore 123 è il ventiquatresimo numero che è stato stampato sulla console – su un altro computer le cose possono essere diverse in quanto il risultato, credo, dipende dalla grandezza dello schermo.

Espressioni

In questo corso, cercheremo di evitare i numeri nei nomi R, così come le lettere maiuscole e .. Useremo quindi nomi come: my_data, anova_results, square_root, ecc.

Un'espressione in R è un enunciato finito e autonomo del linguaggio: una frase conclusa, si potrebbe dire. Si noti che le espressioni in R non sono delimitate dal ; come succede in alcuni linguaggi di programmazione. L'ordine delle espressioni è l'ordine di esecuzione delle stesse.

L'a capo non è rilevante per R. Questo permette di utilizzare l'a capo per migliorare la leggibilità del codice.

Oggetti

R è un linguaggio di programmazione a oggetti, quindi si basa sulla creazione di oggetti e sulla possibilità di salvarli nella memoria del programma. R distingue tra maiuscole e minuscole come la maggior parte dei linguaggi basati su UNIX, quindi A e a sono nomi diversi e fanno riferimento a oggetti diversi.

I comandi elementari di R consistono in espressioni o assegnazioni.

Se un'espressione viene fornita come comando, viene valutata, stampata sullo schermo e il valore viene perso, come succedeva alle operazioni aritmetiche che abbiamo presentato sopra discutendo l'uso della console R come calcolatrice.

Un'assegnazione crea un oggetto oppure valuta un'espressione e passa il valore a un oggetto, ma il risultato non viene stampato automaticamente sullo schermo. Per l'operazione di assegnazione si usa il simbolo <- . Ad esempio, per creare un oggetto che contiene il risultato dell'operazione 2 + 2 procediamo nel modo seguente:

```
res_sum <- 2 + 2
res_sum
#> [1] 4
```

L'operazione di assegnazione (<-) copia il contenuto dell'operando destro (detto r-value) nell'operando sinistro detto (l-value). Il valore dell'espressione assegnazione è r-value. Nell'esempio precedente, res_sum (l-value) assume il valore di 4.

Variabili

L'oggetto res_sum è una *variabile*. Una spiegazione di ciò che questo significa è riportata qui sotto.

Una variabile è un segnaposto. Tutte le volte che si memorizza un dato lo si assegna ad una variabile. Infatti, se il dato è nella memoria, per potervi accedere, è necessario conoscere il suo indirizzo, la sua "etichetta" (come in un grande magazzino in cui si va a cercare un oggetto in base alla sua collocazione). Se il dato è memorizzato ma inaccessibile (come nel caso di un oggetto sperso in un magazzino), allora non si può usare ed è soltanto uno spreco di spazio. La teoria

delle variabili è un ambito molto complesso nella scienza della computazione. Ad esempio, una aspetto importante può concernere la tipizzazione delle variabili. Nei linguaggi “tipizzati” (ad esempio C), l’utente dichiara che userà quella etichetta (la variabile) per contenere solo ed esclusivamente un certo tipo di oggetto (ad esempio, un numero intero), e la variabile non potrà essere utilizzata per oggetti diversi (ad esempio, una stringa). In questo caso, prima di usare una variabile se ne dichiara l’esistenza e se ne specifica il tipo. I linguaggi non tipizzati non richiedono all’utente di specificare il tipo, che viene inferito in vario modo (ad esempio, in funzione dell’assegnazione del valore alla variabile). Alcuni linguaggi (ad esempio Python) non richiedono neppure la dichiarazione della variabile, che viene semplicemente usata. È l’interprete che inferisce che quella stringa è una variabile. La tipizzazione impone vincoli d’uso sulle variabili e maggiore scrittura del codice, ma assicura una chiara organizzazione dei dati. In assenza di tipizzazione, si lavora in maniera più rapida e snella, ma potenzialmente si può andare incontro a situazioni complicate, come quando si cambia il tipo di una variabile “in corsa” senza accorgersene (Andrea Valle).

R è un linguaggio non tipizzato, come Python. In R non è necessario dichiarare le variabili che si intendono utilizzare, né il loro tipo.

R console

La console di RStudio fornisce la possibilità di richiamare e rieseguire i comandi. I tasti freccia verticale, \uparrow e \downarrow , sulla tastiera possono essere utilizzati per scorrere avanti e indietro i comandi già immessi. Appena trovato il comando che interessa, lo si può modificare, ad esempio, con i tasti freccia orizzontali, immettendo nuovi caratteri o cancellandone altri.

Se viene digitato un comando che R non riconosce, sulla console viene visualizzato un messaggio di errore; ad esempio,

```
3 % 9  
Errore: unexpected input in "3 % 9"
```

Parentesi

Le parentesi in R (come in generale in ogni linguaggio di programmazione) assegnano un significato diverso alle porzioni di codice che delimitano.

- Le parentesi tonde funzionano come nell’algebra. Per esempio

```
2 + 3 * 4  
#> [1] 14
```

non è equivalente a

```
(2 + 3) * 4
#> [1] 20
```

Le due istruzioni precedenti producono risultati diversi perché, se la sequenza delle operazioni algebriche non viene specificata dalle parentesi, R assegna alle operazioni algebriche il seguente ordine di priorità decrescente: esponenziazione, moltiplicazione / divisione, addizione / sottrazione, confronti logici (`<`, `>`, `<=`, `>=`, `==`, `!=`). È sempre una buona idea rendere esplicito l'ordine delle operazioni algebriche che si vuole eseguire mediante l'uso delle parentesi tonde.

Le parentesi tonde vengono anche utilizzate per le funzioni, come vedremo nei prossimi paragrafi. Tra le parentesi tonde avremo dunque l'oggetto a cui vogliamo applicare la funzione e gli argomenti passati alla funzione.

- Le parentesi graffe sono destinate alla programmazione. Un blocco tra le parentesi graffe viene letto come un oggetto unico che può contenere una o più istruzioni.
- Le parentesi quadre vengono utilizzate per selezionare degli elementi, per esempio all'interno di un vettore, o di una matrice, o di un data.frame. L'argomento entro le parentesi quadre può essere generato da espressioni logiche.

I nomi degli oggetti

Le entità create e manipolate da R si chiamano ‘oggetti’. Tali oggetti possono essere variabili (come nell'esempio che abbiamo visto sopra), array di numeri, caratteri, stringhe, funzioni, o più in generale strutture costruite a partire da tali componenti. Durante una sessione di R gli oggetti sono creati e memorizzati attraverso opportuni nomi.

I nomi possono contenere un qualunque carattere alfanumerico e come carattere speciale il trattino basso (`_`) o il punto. R fornisce i seguenti vincoli per i nomi degli oggetti: i nomi degli oggetti non possono mai iniziare con un carattere numerico e non possono contenere i seguenti simboli: `$`, `@`, `!`, `^`, `+`, `-`, `/`, `*`. È buona pratica usare nomi come `ratio_of_sums`. È fortemente sconsigliato utilizzare nei nomi degli oggetti caratteri accentati o, ancora peggio, apostrofi. Per questa ragione è sensato creare i nomi degli oggetti utilizzando la lingua inglese. È anche bene che i nomi degli oggetti non coincidano con nomi di funzioni. Ricordo nuovamente che R è *case sensitive*, cioè `A` e `a` sono due simboli diversi e identificano due oggetti differenti.

In questo corso cercheremo di evitare i numeri nei nomi degli oggetti R, così come le lettere maiuscole e il punto. Useremo quindi nomi come: `my_data`, `regression_results`, `square_root`, ecc.

Permanenza dei dati e rimozione di oggetti

Gli oggetti vengono salvati nello “spazio di lavoro” (*workspace*). Il comando `ls()` può essere utilizzato per visualizzare i nomi degli oggetti che sono in quel momento memorizzati in R.

Per eliminare oggetti dallo spazio di lavoro è disponibile la funzione `rm()`; ad esempio

```
rm(x, y, z, ink, junk, temp, foo, bar)
```

cancella tutti gli oggetti indicati entro parentesi. Per eliminare tutti gli oggetti presenti nello spazio di lavoro si può utilizzare la seguente istruzione:

```
rm(list = ls())
```

Chiudere R

Quando si chiude RStudio il programma ci chiederà se si desidera salvare l'area di lavoro sul computer. Tale operazione è da evitare in quanto gli oggetti così salvati andranno ad interferire con gli oggetti creati in un lavoro futuro. Si consiglia dunque di rispondere negativamente a questa domanda.

- In RStudio, selezionare **Preferences** dal menu a tendina e, in **R General Workspace**, disattivare l'opzione **Restore .RData into workspace at start-up** e scegliere l'opzione **Never** nella finestra di dialogo **Save workspace to .RData on exit**.
- In R, selezionare **Preferences** dal menu a tendina e, in **Startup**, selezionare l'opzione **No** in corrispondenza dell'item **Save workspace on exit from R**.

Creare ed eseguire uno script R con un editore

È molto più facile interagire con R manipolando uno script con un editore piuttosto che inserendo direttamente le istruzioni nella console. R fornisce il Text Editor dove è possibile inserire il codice (File → New Script). Per salvare il file basta utilizzare l'apposito menù a tendina (estensione **.R**). Tale file potrà poi essere riaperto ed utilizzato in un momento successivo.

L'editore comunica con R nel modo seguente: dopo avere selezionato la porzione di codice che si vuole eseguire, si digita un'apposita sequenza di tasti (**Command + Enter** su Mac OS X e **ctrl + r** in Windows). **ctrl + r** significa premere il tasto **ctrl** e, tenendolo premuto, premere il tasto **r** della tastiera. Così facendo, R eseguirà le istruzioni selezionate e l'output verrà stampato sulla console. Il Text Editor fornito da R è piuttosto primitivo: è fortemente consigliato utilizzare RStudio.

Commentare il codice

Un “commento” è una parte di codice che l'interprete non tiene in considerazione. Quando l'interprete arriva ad un segnalatore di commento salta fino al segnalatore di fine commento e di lì riprende il normale processo esecutivo.

I commenti sono parole in linguaggio naturale (nel nostro caso l'italiano), che permettono agli utilizzatori di capire il flusso logico del codice e a chi lo ha scritto di ricordare il perché di determinate istruzioni.

In R, le parole dopo il simbolo `#` sono considerate commenti e sono ignorate; ad esempio:

```
# Questo e' un commento
```

Cambiare la cartella di lavoro

Quando si inizia una sessione di lavoro, R sceglie una cartella quale “working directory”. Sarà in tale cartella che andrà a cercare gli script definiti dall’utilizzatore e i file dei dati. È possibile determinare quale sia la corrente “working directory” digitando sulla console di RStudio l’istruzione:

```
getwd()
```

Per cambiare la cartella di lavoro (in maniera tale che corrisponda alla cartella nella quale sono stati salvati i dati e gli script da eseguire) si sceglie la voce Set Working Directory sul menù a tendina di RStudio e si seleziona la voce Choose Directory... Nella finestra che compare, si cambia la cartella con quella che si vuole.

L’oggetto base di R: il vettore

R opera su strutture di dati; la più semplice di tali strutture è il vettore numerico, che consiste in un insieme ordinato di numeri; ad esempio:

```
x <- c(7.0, 10.2, -2.9, 21.4)
```

Nell’istruzione precedente, c() è una funzione. In R gli argomenti sono passati alle funzioni inserendoli all’interno delle parentesi tonde. Si noti che gli argomenti (in questo caso, i numeri 7.0, 10.2, -2.9, 21.4) sono separati a virgole. La funzione c() può prendere un numero arbitrario di argomenti e genera un vettore concatenando i suoi argomenti. L’operatore <- assegna un nome al vettore che è stato creato. Nel caso presente, digitando x possiamo visualizzare il vettore che abbiamo creato:

```
x  
#> [1] 7.0 10.2 -2.9 21.4
```

Se invece eseguiamo l’istruzione

```
c(7.0, 10.2, -2.9, 21.4)  
#> [1] 7.0 10.2 -2.9 21.4
```

senza assegnazione, il valore dell’espressione sarà visualizzato nella console, ma il vettore non potrà essere utilizzato in nessun altro modo.

Operazioni vettorializzate

Molte operazioni in R sono vettorializzate, il che significa che esse sono eseguite in parallelo in determinati oggetti. Ciò consente di scrivere codice che sia efficiente, conciso e più facile da leggere rispetto al codice che contiene istruzioni non vettorializzate.

Vettori aritmetici

L'esempio più semplice che illustra come si svolgono le operazioni vettorializzate riguarda le operazioni algebriche applicate ai vettori. I vettori, infatti, possono essere utilizzati in espressioni numeriche nelle quali le operazioni algebriche vengono eseguite “elemento per elemento”.

Per illustrare questo concetto, definiamo il vettore `die` che contiene i possibili risultati del lancio di un dado:

```
die <- c(1, 2, 3, 4, 5, 6)
die
#> [1] 1 2 3 4 5 6
```

Supponiamo di volere sommare 10 a ciascun elemento del vettore `die`. Dato che le operazioni sui vettori sono eseguite elemento per elemento, per ottenere questo risultato è sufficiente eseguire l'istruzione:

```
die + 10
#> [1] 11 12 13 14 15 16
```

Si noti come la costante 10 sia stata sommata a ciascun elemento del vettore. In maniera corrispondente, l'istruzione

```
die - 1
#> [1] 0 1 2 3 4 5
```

sottrarrà un'unità da ciascuno degli elementi del vettore `die`.

Se l'operazione aritmetica coinvolge due o più vettori, R allinea i vettori ed esegue una sequenza di operazioni elemento per elemento. Per esempio, l'istruzione

```
die * die
#> [1] 1 4 9 16 25 36
```

fa sì che i due vettori vengano disposti l'uno di fianco all'altro per poi moltiplicare gli elementi corrispondenti: il primo elemento del primo vettore per il primo elemento del secondo vettore e così via. Il vettore risultante avrà la stessa dimensione dei due vettori che sono stati moltiplicati, come indicato qui sotto:

$$\begin{array}{rccccc} 1 & \times & 1 & \rightarrow & 1 \\ 2 & \times & 2 & \rightarrow & 4 \\ 3 & \times & 3 & \rightarrow & 9 \\ 4 & \times & 4 & \rightarrow & 16 \\ 5 & \times & 5 & \rightarrow & 25 \\ 6 & \times & 6 & \rightarrow & 36 \\ \hline \text{die} & * & \text{die} & = & \end{array}$$

Oltre agli operatori aritmetici elementari `+`, `-`, `*`, `/`, e `^` per l'elevamento a potenza, sono disponibili le più comuni funzioni matematiche: `log()`, `exp()`, `sin()`, `cos()`,

`tan()`, `sqrt()`, `max()`, `min()` e così via. Altre funzioni di uso comune sono: `range()` che restituisce un vettore `c(min(x), max(x))`; `sort()` che restituisce un vettore ordinato; `length(x)` che restituisce il numero di elementi di `x`; `sum(x)` che dà la somma degli elementi di `x`, mentre `prod(x)` dà il loro prodotto. Due funzioni statistiche di uso comune sono `mean(x)`, la media aritmetica, e `var(x)`, la varianza.

Generazione di sequenze regolari

R possiede un ampio numero di funzioni per generare sequenze di numeri. Ad esempio, `c(1:10)` è il vettore `c(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10)`. L'espressione `c(30:1)` può essere utilizzata per generare una sequenza all'indietro.

La funzione `seq()` genera un vettore che contiene una sequenza regolare di numeri, generata in base a determinate regole. Può avere 5 argomenti: i primi due rappresentano l'inizio (`from`) e la fine (`to`) della sequenza, il terzo specifica l'ampiezza del passo (`by`), il quarto la lunghezza della sequenza (`length.out`) e infine il quinto (`along.with`), che se utilizzato deve essere l'unico parametro presente, è il nome di un vettore, ad esempio `x`, creando in tal modo la sequenza `1, 2, ..., length(x)`. Esempi di utilizzo della funzione `seq()` sono i seguenti:

```
seq(from = 1, to = 10)
#> [1] 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10
seq(-5, 5, by = 2.5)
#> [1] -5.0 -2.5  0.0  2.5  5.0
seq(from = 1, to = 7, length.out = 4)
#> [1] 1 3 5 7
seq(along.with = die)
#> [1] 1 2 3 4 5 6
```

Altra funzione utilizzata per generare sequenze è `rep()` che può essere utilizzata per replicare un oggetto in vari modi. Ad esempio:

```
die3 <- rep(die, times = 3)
die3
#> [1] 1 2 3 4 5 6 1 2 3 4 5 6 1 2 3 4 5 6
```

metterà tre copie di `die` nell'oggetto `die3`.

Generazione di numeri casuali

La funzione `sample()` è una delle tante funzioni che possono essere usate per generare numeri casuali. Per esempio, la seguente istruzione simula dieci lanci di un dado a sei facce:

```
roll <- sample(1:6, 10, replace = TRUE)
roll
#> [1] 1 5 1 1 2 4 2 2 1 4
```

Il primo argomento di `sample()` è il vettore da cui la funzione estrarrà degli elementi a caso; il secondo argomento specifica che dovranno essere effettuate 10

estrazioni casuali; il terzo argomento specifica che le estrazioni sono con rimessa (cioè, lo stesso elemento può essere estratto più di una volta).

Scegliere un elemento a caso dal vettore $\{1, 2, 3, 4, 5, 6\}$ è equivalente a lanciare un dado e osservare la faccia che si presenta. L'istruzione precedente corrisponde dunque alla simulazione di dieci lanci di un dado a sei facce.

Vettori logici

Quando si manipolano i vettori, talvolta si vogliono trovare gli elementi che soddisfano determinate condizioni logiche. Per esempio, in dieci lanci di un dado, quante volte è uscito 5? Per rispondere a questa domanda si possono usare gli operatori logici $<$, $>$ e $==$ per le operazioni di “minore di,” “maggiore di” e “uguale a”. Se scriviamo

```
roll == 5
#> [1] FALSE TRUE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
#> [10] FALSE
```

creiamo un vettore costituito da elementi TRUE/FALSE i quali identificano gli elementi del vettore che soddisfano la condizione logica specificata.

Possiamo trattare tale vettore come se fosse costituito da elementi di valore 0 e 1. Sommando gli elementi di tale vettore, infatti, possiamo contare il numero di “5”:

```
sum(roll == 5)
#> [1] 1
```

Dati mancanti

Quando si è in presenza di un dato mancante, R assegna il valore speciale `NA`, che sta per *Not Available*. In generale, un'operazione su un `NA` dà come risultato un `NA`. Nell'uso delle funzioni che operano sui dati sarà dunque necessario specificare che, qualunque operazione venga effettuata, gli `NA` devono essere esclusi.

Vettori di caratteri e fattori

I vettori di caratteri si creano formando una sequenza di caratteri delimitati da doppie virgolette e possono essere concatenati in un vettore attraverso la funzione `c()`. Successivamente, si può applicare la funzione `factor()`, che definisce automaticamente le modalità della variabile categoriale. Ad esempio,

```
soc_status <- factor(
  c("low", "high", "medium", "high", "low", "medium", "high")
)
levels(soc_status)
#> [1] "high"   "low"    "medium"
```

Talvolta l'ordine dei livelli del fattore non importa, mentre altre volte l'ordine è importante, per esempio, quando una variable categoriale viene rappresentata in un grafico. Per specificare l'ordine dei livelli del fattore si usa la seguente sintassi:

```
soc_status <-
  factor(soc_status, levels = c("low", "medium", "high"))
levels(soc_status)
#> [1] "low"    "medium" "high"
```

Funzioni

R offre la possibilità di utilizzare un'enorme libreria di funzioni che permettono di svolgere operazioni complicate, quali ad esempio, il campionamento casuale. Esaminiamo ora con più attenzione le proprietà delle funzioni di R utilizzando ancora l'esempio del lancio di un dado. Abbiamo visto in precedenza come il lancio di un dado possa essere simulato da R con la funzione `sample()`. La funzione `sample()` prende tre argomenti: il nome di un vettore, un numero chiamato `size` e un argomento chiamato `replace`. La funzione `sample()` ritorna un numero di elementi del vettore pari a `size`. Ad esempio

```
sample(die, 2, replace = TRUE)
#> [1] 1 5
```

Assegnando `TRUE` all'argomento `replace` specifichiamo che vogliamo un campionamento con rimessa.

Se volgiamo eseguire una serie di lanci indipendenti di un dado, eseguiamo ripetutamente la funzione `sample()` ponendo `size` uguale a 1:

```
sample(die, 1, replace = TRUE)
#> [1] 6
sample(die, 1, replace = TRUE)
#> [1] 4
sample(die, 1, replace = TRUE)
#> [1] 2
```

Come si fa a sapere quanti e quali argomenti sono richiesti da una funzione? Tale informazione viene fornita dalla funzione `args()`. Nel nostro caso

```
args(sample)
#> function (x, size, replace = FALSE, prob = NULL)
#> NULL
```

ci informa che il primo argomento è un vettore chiamato `x`, il secondo argomento è chiamato `size` ed ha il significato descritto sopra, il terzo argomento, `replace`, specifica se il campionamento è eseguito con o senza reimmissione, e il quarto argomento, `prob`, assegna delle probabilità agli elementi del vettore. Il significato degli argomenti viene spiegato nel file di help della funzione. Si noti

che agli ultimi due argomenti sono stati assegnati dei valori, detti di default. Ciò significa che, se l'utilizzatore non li cambia, verranno usati da . La specificazione `replace = FALSE` significa che il campionamento viene eseguito senza reimmissione. Se desideriamo un campionamento con reimmissione, basta specificare `replace = TRUE` (nel caso di una singola estrazione è ovviamente irrilevante). Ad esempio, l'istruzione seguente simula i risultati di 10 lanci indipendenti di un dado:

```
sample(die, 10, replace = TRUE)
#> [1] 2 3 1 1 3 4 5 5 5 4
```

Infine, `prob = NULL` specifica che non viene alterata la probabilità di estrazione degli elementi del vettore. In generale, gli argomenti di una funzione possono essere oggetti come vettori, matrici, altre funzioni, parametri o operatori logici.

R ha un sistema di help interno in formato HTML che si richiama con `help.start()`. Per avere informazioni su qualche funzione specifica, per esempio la funzione `sample()`, il comando da utilizzare è `help(sample)` oppure `?sample`.

Scrivere proprie funzioni

Abbiamo visto in precedenza come sia possibile simulare i risultati prodotti da dieci lanci di un dado o, in maniera equivalente, dal singolo lancio di dieci dadi. Possiamo replicare questo processo digitando ripetutamente le stesse istruzioni nella console. Otterremo ogni volta risultati diversi perché, ad ogni ripetizione, il generatore di numeri pseudo-casuali di R dipende dal valore ottenuto dal clock interno della macchina. La funzione `set.seed()` ci permette di replicare esattamente i risultati della generazione di numeri casuali. Per ottenere questo risultato, basta assegnare al `seed` un numero arbitrario, es. `set.seed(12345)`. Tuttavia, questa procedura è praticamente difficile da perseguire se il numero di ripetizioni è alto. In tal caso è vantaggioso scrivere una funzione contenente il codice che specifica il numero di ripetizioni. In questo modo, per trovare il risultato cercato basterà chiamare la funzione una sola volta.

Le funzioni utilizzate da R sono costituite da tre elementi: il nome, il blocco del codice e una serie di argomenti. Per creare una funzione è necessario immagazzinare in R questi tre elementi e `function()` consente di ottenere tale risultato usando la sintassi seguente:

```
nome_funzione <- function(arg1, arg2, ...) {
  espressione1
  espressione2
  return(resultato)
}
```

Una chiamata di funzione è poi eseguita nel seguente modo:

```
nome_funzione(arg1, arg2, ...)
```

Per potere essere utilizzata, una funzione deve essere presente nella memoria di lavoro di R. Le funzioni salvate in un file possono essere richiamate utilizzando la funzione `source()`, ad esempio, `source("file_funzioni.R")`.

Consideriamo ora la funzione `two_rolls()` che ritorna la somma dei punti prodotti dal lancio di due dadi non truccati:

```
two_rolls <- function() {
  die <- 1:6
  res <- sample(die, size = 2, replace = TRUE)
  sum_res <- sum(res)
  return(sum_res)
}
```

La funzione `two_rolls()` inizia con il creare il vettore `die` che contiene sei elementi: i numeri da 1 a 6. Viene poi utilizzata la funzione `sample()` con gli argomenti, `die`, `size = 2` e `replace = TRUE`. Tale funzione restituisce il risultato del lancio di due dadi. Il risultato fornito da `sample(die, size = 2, replace = TRUE)` viene assegnato all'oggetto `res`. L'oggetto `res` corrisponde dunque ad un vettore di due elementi. L'istruzione `sum(res)` somma gli elementi del vettore `res` e attribuisce il risultato di questa operazione a `sum_res`. Infine, la funzione `return()` ritorna il contenuto dell'oggetto `sum_res`. Invocando la funzione `two_rolls()` si ottiene dunque la somma del lancio di due dadi. In generale, la funzione `two_rolls()` produrrà un risultato diverso ogni volta che viene usata:

```
two_rolls()
#> [1] 6
two_rolls()
#> [1] 5
two_rolls()
#> [1] 3
```

La formattazione del codice mediante l'uso di spazi e rientri non è necessaria ma è altamente raccomandata per minimizzare la probabilità di compiere errori.

Pacchetti

Le funzioni di R sono organizzate in pacchetti, i più importanti dei quali sono già disponibili quando si accede al programma.

Istallazione e upgrade dei pacchetti

Alcuni pacchetti non sono presenti nella release di base di R. Per installare un pacchetto non presente è sufficiente scrivere nella console:

```
install.packages("nome_pacchetto")
```

Ad esempio,

```
install.packages("ggplot2")
```

La prima volta che si usa questa funzione durante una sessione di lavoro si dovrà anche selezionare da una lista il sito *mirror* da cui scaricare il pacchetto.

Gli autori dei pacchetti periodicamente rilasciano nuove versioni dei loro pacchetti che contengono miglioramenti di varia natura. Per eseguire l'upgrade dei pacchetti `ggplot2` e `dplyr`, ad esempio, si usa la seguente istruzione:

```
update.packages(c("ggplot2", "dplyr"))
```

Per eseguire l'upgrade di tutti i pacchetti l'istruzione è

```
update.packages()
```

Caricare un pacchetto in R

L'installazione dei pacchetti non rende immediatamente disponibili le funzioni in essi contenute. L'installazione di un pacchetto semplicemente copia il codice sul disco rigido della macchina in uso. Per potere usare le funzioni contenute in un pacchetto installato è necessario caricare il pacchetto in . Ciò si ottiene con il comando:

```
library("ggplot2")
```

se si vuole caricare il pacchetto `ggplot2`. A questo punto diventa possibile usare le funzioni contenute in `ggplot2`. Queste operazioni si possono anche eseguire usando dal menu a tendina di RStudio.

Per sapere quali sono i pacchetti già presenti nella release di R con cui si sta lavorando, basta scrivere:

```
library()
```

M.3 Strutture di dati

Solitamente gli psicologi raccolgono grandi quantità di dati. Tali dati vengono codificati in R all'interno di oggetti aventi proprietà diverse. Intuitivamente, in R un oggetto è qualsiasi cosa a cui è possibile assegnare un valore. I dati possono essere di tipo numerico o alfanumerico. Di conseguenza, R distingue tra oggetti aventi *modi* diversi. Inoltre, i dati possono essere organizzati in righe e colonne in base a diversi tipi di strutture che R chiama *classi*.

Classi e modi degli oggetti

Gli oggetti R si distinguono a seconda della loro classe (*class*) e del loro modo (*mode*). La classe definisce il tipo di oggetto. In R, vengono utilizzate cinque strutture di dati che corrispondono a cinque classi differenti: `vector`, `matrix`, `array`, `list` e `data.frame`. Un'altra classe di oggetti R è `function` (ad essa appartengono le funzioni).

La classe di appartenenza di un oggetto si stabilisce usando le funzioni `class()`, oppure `is.list()`, `is.function()`, `is.logical()`, e così via. Queste funzioni restituiscono `TRUE` e `FALSE` in base all'appartenenza o meno dell'argomento a quella determinata classe.

Gli oggetti R possono anche essere classificati in base al loro ‘modo’. I modi ‘atomici’ degli oggetti sono: `numeric`, `complex`, `character` e `logical`. Per esempio,

```
x <- c(4, 9)
mode(x)
#> [1] "numeric"
cards <- c("9 of clubs", "10 of hearts", "jack of hearts")
mode(cards)
#> [1] "character"
```

Nel seguito verranno esaminate le cinque strutture di dati utilizzate da R.

Vettori

I vettori sono la classe di oggetto più importante in R. Un vettore può essere creato usando la funzione `c()`:

```
y <- c(2, 1, 6, -3, 9)
y
#> [1] 2 1 6 -3 9
```

Le dimensioni di un vettore presente nella memoria di lavoro possono essere trovare con la funzione `length()`; ad esempio,

```
length(y)
#> [1] 5
```

ci dice che `y` è un vettore costituito da cinque elementi. La somma, il minimo e il massimo degli elementi contenuti in un vettore si trovano con le seguenti istruzioni:

```
sum(y)
#> [1] 15
min(y)
#> [1] -3
max(y)
#> [1] 9
```

Mentre ci sono sei ‘tipi’ di vettori ‘atomici’ in R, noi ci focalizzeremo sui tipi seguenti: ‘`numeric`’ (‘`integer`’: *e.g.*, 5; ‘`double`’: *e.g.*, 5.5), ‘`character`’ (*e.g.*, ‘`pippo`’) e ‘`logical`’ (*e.g.*, `TRUE`, `FALSE`). Usiamo la funzione `typeof()` per determinare il ‘tipo’ di un vettore atomico. Tutti gli elementi di un vettore atomico devono essere dello stesso tipo. La funzione `str()` rende visibile in maniera compatta la struttura interna di un oggetto.

Matrici

Una matrice è una collezione di vettori. Il comando per generare una matrice è `matrix()`:

```
X <- matrix(1:20, nrow = 4, byrow = FALSE)
X
#>      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
#> [1,]    1    5    9   13   17
#> [2,]    2    6   10   14   18
#> [3,]    3    7   11   15   19
#> [4,]    4    8   12   16   20
```

Il primo argomento è il vettore i cui elementi andranno a disporsi all'interno della matrice. È poi necessario specificare le dimensioni della matrice e il modo in cui R dovrà riempire la matrice. Date le dimensioni del vettore, la specificazione del numero di righe (secondo argomento) è sufficiente per determinare le dimensioni della matrice. L'argomento `byrow = FALSE` è il default. In tal caso, R riempie la matrice per colonne. Se vogliamo che R riempia la matrice per righe, usiamo `byrow = TRUE`:

```
Y <- matrix(1:20, nrow = 4, byrow = TRUE)
Y
#>      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
#> [1,]    1    2    3    4    5
#> [2,]    6    7    8    9   10
#> [3,]   11   12   13   14   15
#> [4,]   16   17   18   19   20
```

Le dimensioni di una matrice presente nella memoria di lavoro possono essere trovare con la funzione `dim()`; ad esempio,

```
dim(Y)
#> [1] 4 5
```

ci dice che `Y` è una matrice con quattro righe e cinque colonne.

Array

Un array è una collezione di matrici (si veda la Figura 1.1). Per costruire un array con la funzione `array()` è necessario specificare un vettore come primo argomento e un vettore di dimensioni, chiamato `dim`, quale secondo argomento:

```
ar <- array(
  c(11:14, 21:24, 31:34),
  dim = c(2, 2, 3)
)
```

Un sottoinsieme di questi dati può essere selezionato, per esempio, nel modo seguente:

```
ar[, , 3]
#>      [,1] [,2]
#> [1,]   31   33
#> [2,]   32   34
```

Operazioni aritmetiche su vettori, matrici e array

Operazioni aritmetiche su vettori

I vettori e le matrici (o gli array) possono essere utilizzati in espressioni aritmetiche. Il risultato è un vettore o una matrice (o un array) formato dalle operazioni fatte elemento per elemento sui vettori o sulle matrici. Ad esempio,

```
y + 3
#> [1] 5 4 9 0 12
```

restituisce un vettore di dimensioni uguali alle dimensioni di *y*, i cui elementi sono dati dalla somma tra ciascuno degli elementi originari di *y* e la costante “3”.

Ovviamente, ad un vettore possono essere applicate tutte le altre operazioni algebriche, sempre elemento per elemento. Ad esempio,

```
3 * y
#> [1] 6 3 18 -9 27
```

restituisce un vettore i cui elementi sono uguali agli elementi di *y* moltiplicati per 3.

Se sono costituiti dallo stesso numero di elementi, due vettori possono essere sommati, sottratti, moltiplicati e divisi, laddove queste operazioni algebriche vengono eseguite elemento per elemento. Per esempio,

```
x <- c(1, 1, 2, 1, 3)
y <- c(2, 1, 6, 3, 9)
x + y
#> [1] 3 2 8 4 12
x - y
#> [1] -1 0 -4 -2 -6
x * y
#> [1] 2 1 12 3 27
x / y
#> [1] 0.5000000 1.0000000 0.3333333 0.3333333 0.3333333
```

Operazioni aritmetiche su matrici

Le operazioni algebriche elemento per elemento si possono estendere al caso delle matrici. Per esempio, se *x*, *y* sono entrambe matrici di dimensioni 4×5 , allora la seguente operazione

```
M <- 2 * (X + Y) - 3
```

crea una matrice `D` anch'essa di dimensioni 4×5 i cui elementi sono ottenuti dalle operazioni fatte elemento per elemento sulle matrici e sugli scalari:

```
M
#>      [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
#> [1,]    1   11   21   31   41
#> [2,]   13   23   33   43   53
#> [3,]   25   35   45   55   65
#> [4,]   37   47   57   67   77
```

Operazioni aritmetiche su array

Le stesse considerazioni si estendono al caso degli array.

Liste

Le liste assomigliano ai vettori perché raggruppano i dati in un insieme unidimensionale. Tuttavia, le liste non raggruppano elementi individuali ma bensì oggetti di R, quali vettori e altre liste. Per esempio,

```
list1 <- list("R", list(TRUE, FALSE), 20:24)
list1
#> [[1]]
#> [1] "R"
#>
#> [[2]]
#> [[2]][[1]]
#> [1] TRUE
#>
#> [[2]][[2]]
#> [1] FALSE
#>
#>
#> [[3]]
#> [1] 20 21 22 23 24
```

Le doppie parentesi quadre identificano l'elemento della lista a cui vogliamo fare riferimento. Per esempio,

```
list1[[3]]
#> [1] 20 21 22 23 24
list1[[3]][2]
#> [1] 21
```

Data frame

I data.frame sono strutture tipo matrice, in cui le colonne possono essere vettori di tipi differenti. La funzione usata per generare un data frame è `data.frame()`, che permette di unire più vettori di uguale lunghezza come colonne del data frame, ognuno dei quali si riferisce ad una diversa variabile. Ad esempio,

```
df <- data.frame(
  face = c("ace", "two", "six"),
  suit = c("clubs", "clubs", "clubs"),
  value = c(1, 2, 3)
)
df
#>   face  suit value
#> 1 ace clubs     1
#> 2 two clubs     2
#> 3 six clubs     3
```

L'estrazione di dati da un data.frame può essere effettuata in maniera simile a quanto avviene per i vettori. Ad esempio, per estrarre la variabile `value` dal data.frame `df` si può indicare l'indice della terza colonna:

```
df[, 3]
#> [1] 1 2 3
```

Dal momento che le colonne sono delle variabili, è possibile estrarle anche indicando nome della variabile, scrivendo `nome_data_frame$nome_variabile`:

```
df$value
#> [1] 1 2 3
```

Per fare un esempio, creiamo un data.frame che contenga tutte le informazioni di un mazzo di carte da poker (Grolmund, 2014). In tale data.frame, ciascuna riga corrisponde ad una carta – in un mazzo da poker ci sono 52 carte, perciò il data.frame avrà 52 righe. Il vettore `face` indica con una stringa di caratteri il valore di ciascuna carta, il vettore `suit` indica il seme e il vettore `value` indica con un numero intero il valore di ciascuna carta. Quindi, il data.frame avrà 3 colonne.

```
deck <- data.frame(
  face = c(
    "king", "queen", "jack", "ten", "nine", "eight",
    "seven", "six", "five", "four", "three", "two", "ace",
    "king", "queen", "jack", "ten", "nine", "eight", "seven",
    "six", "five", "four", "three", "two", "ace", "king",
    "queen", "jack", "ten", "nine", "eight", "seven", "six",
    "five", "four", "three", "two", "ace", "king", "queen",
    "jack", "ten", "nine", "eight", "seven", "six", "five",
    "four", "three", "two", "ace"
  )
)
```

```
),
suit = c(
  "spades", "spades", "spades", "spades",
  "spades", "spades", "spades", "spades", "spades",
  "spades", "spades", "spades", "spades", "clubs", "clubs",
  "clubs", "clubs", "clubs", "clubs", "clubs", "clubs",
  "clubs", "clubs", "clubs", "clubs", "clubs", "diamonds",
  "diamonds", "diamonds", "diamonds", "diamonds",
  "diamonds", "diamonds", "diamonds", "diamonds",
  "diamonds", "diamonds", "diamonds", "diamonds", "hearts",
  "hearts", "hearts", "hearts", "hearts", "hearts",
  "hearts", "hearts", "hearts", "hearts", "hearts",
  "hearts", "hearts"
),
value = c(13, 12, 11, 10, 9, 8, 7, 6, 5, 4, 3, 2, 1, 13, 12, 11, 10, 9, 8, 7, 6, 5, 4, 3, 2, 1, 13, 12,
```

Avendo salvato tutte queste informazioni nell'oggetto `deck`, possiamo stamparle sullo schermo semplicemente digitando il nome dell'oggetto che le contiene:

```
deck
#>   face     suit value
#> 1  king    spades 13
#> 2  queen   spades 12
#> 3  jack    spades 11
#> 4  ten     spades 10
#> 5  nine    spades  9
#> 6  eight   spades  8
#> 7  seven   spades  7
#> 8  six    spades  6
#> 9  five    spades  5
#> 10 four   spades  4
#> 11 three  spades  3
#> 12 two    spades  2
#> 13 ace    spades  1
#> 14 king   clubs  13
#> 15 queen  clubs  12
#> 16 jack   clubs  11
#> 17 ten    clubs  10
#> 18 nine   clubs  9
#> 19 eight  clubs  8
#> 20 seven  clubs  7
#> 21 six   clubs  6
#> 22 five  clubs  5
#> 23 four  clubs  4
#> 24 three  clubs  3
#> 25 two   clubs  2
#> 26 ace   clubs  1
```

```
#> 27 king diamonds 13
#> 28 queen diamonds 12
#> 29 jack diamonds 11
#> 30 ten diamonds 10
#> 31 nine diamonds 9
#> 32 eight diamonds 8
#> 33 seven diamonds 7
#> 34 six diamonds 6
#> 35 five diamonds 5
#> 36 four diamonds 4
#> 37 three diamonds 3
#> 38 two diamonds 2
#> 39 ace diamonds 1
#> 40 king hearts 13
#> 41 queen hearts 12
#> 42 jack hearts 11
#> 43 ten hearts 10
#> 44 nine hearts 9
#> 45 eight hearts 8
#> 46 seven hearts 7
#> 47 six hearts 6
#> 48 five hearts 5
#> 49 four hearts 4
#> 50 three hearts 3
#> 51 two hearts 2
#> 52 ace hearts 1
```

Si noti che, a schermo, R stampa un numero progressivo che corrisponde al numero della riga.

Selezione di elementi

Una volta creato un data.frame, ad esempio quello che contiene un mazzo virtuale di carte (si veda l'esempio

exmp : deck_of_cards

), è necessario sapere come manipolarlo. La funzione `head()` mostra le prime sei righe del data.frame:

```
head(deck)
#>   face   suit value
#> 1 king spades 13
#> 2 queen spades 12
#> 3 jack spades 11
#> 4 ten spades 10
#> 5 nine spades 9
#> 6 eight spades 8
```

Poniamoci ora il problema di mescolare il mazzo di carte e di estrarre alcune carte dal mazzo. Queste operazioni possono essere eseguite usando il sistema notazionale di R.

Il sistema di notazione di R consente di estrarre singoli elementi dagli oggetti definiti da R. Per estrarre un valore da un data.frame, per esempio, dobbiamo scrivere il nome del data.frame seguito da una coppia di parentesi quadre:

```
deck[, ]
```

All'interno delle parentesi quadre ci sono due indici separati da una virgola. R usa il primo indice per selezionare un sottoinsieme di righe del data.frame e il secondo indice per selezionare un sottoinsieme di colonne. L'indice è il numero d'ordine che etichetta progressivamente ognuno dei valori del vettore. Per esempio,

```
deck[9, 2]
#> [1] spades
#> Levels: clubs diamonds hearts spades
```

restituisce l'elemento che si trova nella nona riga della seconda colonna di deck.

In R ci sono sei modi diversi per specificare gli indici di un oggetto: interi positivi, interi negativi, zero, spazi vuoti, valori logici e nomi. Esaminiamoli qui di seguito.

Interi positivi

Gli indici i, j possono essere degli interi positivi che identificano l'elemento nella i -esima riga e nella j -esima colonna del data.frame. Per l'esempio relativo al mazzo di carte, l'istruzione

```
deck[1, 1]
#> [1] king
#> 13 Levels: ace eight five four jack king nine ... two
```

ritorna il valore nella prima riga e nella prima colonna. Per estrarre più di un valore, usiamo un vettore di interi positivi. Per esempio, la prima riga di deck si trova con

```
deck[1, c(1:3)]
#>   face   suit value
#> 1 king spades    13
```

Tale sistema notazionale non si applica solo ai data.frame ma può essere usato anche per gli altri oggetti di R.

L'indice usato da R inizia da 1. In altri linguaggi di programmazione, per esempio C, inizia da 0.

Interi negativi

Gli interi negativi fanno l'esatto contrario degli interi positivi: R ritornerà tutti gli elementi tranne quelli specificati dagli interi negativi. Per esempio, la prima riga del data.frame può essere specificata nel modo seguente

```
deck[-(2:52), 1:3]
#>   face   suit value
#> 1 king spades    13
```

ovvero, escludendo tutte le righe seguenti.

Zero

Quando lo zero viene usato come indice, R non ritorna nulla dalla dimensione a cui lo zero si riferisce. L'istruzione

```
deck[0, 0]
#> data frame with 0 columns and 0 rows
```

ritorna un data.frame vuoto. Non molto utile.

Spazio ‘ ’

Uno spazio viene usato quale indice per comunicare a R di estrarre tutti i valori in quella dimensione. Questo è utile per estrarre intere colonne o intere righe da un data.frame. Per esempio, l'istruzione

```
deck[3, ]
#>   face   suit value
#> 3 jack spades    11
```

ritorna la terza riga del data.frame deck.

Valori booleani

Se viene fornito un vettore di stringhe TRUE, FALSE, R selezionerà gli elementi riga o colonna corrispondenti ai valori booleani TRUE usati quali indici. Per esempio, l'istruzione

```
deck[3, c(TRUE, TRUE, FALSE)]
#>   face   suit
#> 3 jack spades
```

ritorna i valori delle prime due colonne della terza riga di deck.

Nomi

È possibile selezionare gli elementi del data.frame usando i loro nomi. Per esempio,

```
deck[1, c("face", "suit", "value")]
#>   face   suit value
#> 1 king spades    13
deck[, "value"]
#> [1] 13 12 11 10  9  8  7  6  5  4  3  2  1 13 12 11 10  9
#> [19] 8   7   6   5   4   3   2   1   13 12 11 10  9   8   7   6   5   4
#> [37] 3   2   1   13 12 11 10  9   8   7   6   5   4   3   2   1
```

Giochi di carte

Avendo presentato le nozioni base del sistema di notazione di R, utilizziamo tali conoscenze per manipolare il data.frame. L'istruzione

```
deck[1:52, ]
```

ritorna tutte le righe e tutte le colonne del data.frame deck. Le righe sono identificate dal primo indice, che va da 1 a 52. Permutare in modo casuale l'indice delle righe equivale a mescolare il mazzo di carte. Per fare questo, utilizziamo la funzione sample() ponendo replace=FALSE e size uguale alla dimensione del vettore che contiene gli indici da 1 a 52:

```
random <- sample(1:52, size = 52, replace = FALSE)
random
#> [1] 49 37  1 25 10 36 18 24  7 47 52 51 20 26  3 42 27 31
#> [19] 5 40  2 28  8 38 39 50 48 45 11 15 22 30  4 33 46 13
#> [37] 12 34 19 32 21 17 29 16 44 43 23 41  6 14 35  9
```

Utilizzando il vettore random di indici permutati otteniamo il risultato cercato:

```
deck_shuffled <- deck[random, ]
head(deck_shuffled)
#>   face   suit value
#> 49 four hearts    4
#> 37 three diamonds 3
#> 1   king spades   13
#> 25 two clubs      2
#> 10 four spades    4
#> 36 four diamonds  4
```

Possiamo ora scrivere una funzione che include le precedenti istruzioni:

```
shuffle <- function(cards) {
  random <- sample(1:52, size = 52, replace = FALSE)
  return(cards[random, ])
}
```

Invocando la funzione `shuffle()` possiamo generare un `data.frame` che rappresenta un mazzo di carte mescolato:

```
deck_shuffled <- shuffle(deck)
```

Se immaginiamo di distribuire le carte di questo mazzo a due giocatori di poker, per il primo giocatore avremo:

```
deck_shuffled[c(1, 3, 5, 7, 9), ]
#>   face     suit value
#> 52  ace    hearts    1
#> 21  six    clubs     6
#> 38  two    diamonds  2
#> 40  king   hearts   13
#> 33  seven  diamonds  7
```

e per il secondo:

```
deck_shuffled[c(2, 4, 6, 8, 10), ]
#>   face     suit value
#> 3   jack   spades   11
#> 2   queen  spades   12
#> 10  four   spades   4
#> 5   nine   spades   9
#> 39  ace    diamonds 1
```

Variabili locali

Si noti che, nell'esempio precedente, abbiamo passato l'argomento `deck` alla funzione `shuffle()`, perché questo è il nome del `data.frame` che volevamo manipolare. Nella definizione della funzione `shuffle()`, però, l'argomento della funzione era chiamato `cards`. Il nome degli argomenti è diverso nei due casi. Allora perché l'istruzione `shuffle(deck)` non dà un messaggio d'errore?

La risposta a questa domanda è che nelle funzioni le variabili nascono quando la funzione entra in esecuzione e muoiono al termine dell'esecuzione della funzione. Per questa ragione, sono dette ‘locali’. La variabile `cards`, in questo esempio, esiste soltanto all'interno della funzione. Dunque non deve (necessariamente) avere lo stesso nome di un altro oggetto che esiste al di fuori della funzione, nello spazio di lavoro di R (anzi, è meglio se il nome degli oggetti usati all'interno delle funzioni è diverso da quello degli oggetti che esistono fuori dalle funzioni). R sa che l'oggetto `deck` passato a `shuffle()` corrisponde a `cards` all'interno della funzione perché assegna il nome `cards` a qualunque oggetto venga passato alla funzione `shuffle()` come primo (e, in questo caso, unico) argomento.

M.4 Strutture di controllo

In R il flusso della computazione segue l'ordine di lettura delle espressioni. I controlli di flusso sono quei costrutti sintattici che possono modificare quest'ordine di computazione. Ad esempio, un ciclo `for` ripete le istruzioni annidate al

suo interno per un certo numero di volte, e quindi procede sequenzialmente da lì in avanti, mentre un condizionale `if` valuta una condizione rispetto alla quale il flusso di informazioni si biforca (se è vero / se è falso). Ci limitiamo qui ad introdurre il ciclo `for`.

Il ciclo `for`

Il ciclo `for` è una struttura di controllo iterativa che determina l'esecuzione di una porzione di codice ripetuta per un certo numero noto di volte. Il linguaggio R usa la seguente sintassi per il ciclo `for`:

```
for (indice in valori_indice) { operazioni }
```

il che significa “esegui le operazioni *operazioni* per i diversi valori di *indice* compresi nel vettore *valori_indice*”. Per esempio, il seguente ciclo `for` non fa altro che stampare il valore della variabile contatore in ciascuna esecuzione del ciclo:

```
for (i in 1:3) {
  print(i)
}
#> [1] 1
#> [1] 2
#> [1] 3
```

Un esempio (leggermente) più complicato è il seguente:

```
x_list <- seq(1, 9, by = 2)
x_list
#> [1] 1 3 5 7 9
sum_x <- 0
for (x in x_list) {
  sum_x <- sum_x + x
  cat("L'indice corrente e'", x, "\n")
  cat("La frequenza cumulata e'", sum_x, "\n")
}
#> L'indice corrente e' 1
#> La frequenza cumulata e' 1
#> L'indice corrente e' 3
#> La frequenza cumulata e' 4
#> L'indice corrente e' 5
#> La frequenza cumulata e' 9
#> L'indice corrente e' 7
#> La frequenza cumulata e' 16
#> L'indice corrente e' 9
#> La frequenza cumulata e' 25
```

Per esempio, quanti numeri pari sono contenuti in un vettore? La risposta a questa domanda viene fornita dalla funzione `countEvenNumbers()` che possiamo definire come indicato qui sotto:

```
countEvenNumbers <- function(x) {
  count <- 0
  for (i in 1:length(x)) {
    if (x[i] %% 2 == 0) {
      count <- count + 1
    }
  }
  count
}
```

Nella funzione `countEvenNumbers()` abbiamo inizializzato la variabile `count` a zero. Prima dell'esecuzione del ciclo `for`, dunque, `count` vale zero. Il ciclo `for` viene eseguito tante volte quanti sono gli elementi che costituiscono il vettore `x`. L'indice `i` dunque assume valori compresi tra 1 e il valore che corrisponde al numero di elementi di `x`. L'operazione modulo, indicato con `%%` dà come risultato il resto della divisione euclidea del primo numero per il secondo. Per esempio, `9 %% 2` dà come risultato 1 perché questo è il resto della divisione $9/2$. L'operazione modulo dà come risultato 0 per tutti i numeri pari. In ciascuna esecuzione del ciclo `for` l'operazione modulo viene eseguita, successivamente, su uno degli elementi di `x`. Se l'operazione modulo dà 0 come risultato, ovvero se il valore considerato è un numero pari, allora la variabile `count` viene incrementata di un'unità. L'istruzione `return()` ritorna il numero di valori pari contenuti nel vettore di input alla funzione. Si noti che è necessario usare `return()`: la funzione ritornerà qualunque cosa sia stampato nell'ultima riga della funzione stessa.

Facciamo un esempio:

```
x <- c(1, 2, 1, 4, 6, 3, 9, 12)
countEvenNumbers(x)
#> [1] 4
```

M.5 Input/Output

I dati raccolti dallo psicologo sono contenuti in file aventi formati diversi: solo testo, CSV, Excel, eccetera. R prevede diverse funzioni di importazione dei dati. Esamineremo qui la funzione `read.table()` per l'importazione di dati in formato solo testo, ma funzioni analoghe possono essere usate per molti altri formati possibili.

La funzione `read.table()`

Ci sono tanti modi per importare un file dal nostro computer. R permette di utilizzare delle funzioni che sono già nella libreria di base, oppure possiamo utilizzare delle funzioni specifiche, a seconda del tipo di file da importare, che sono contenute in pacchetti aggiuntivi. Per leggere i dati da file in R è conveniente preliminarmente generare un file di dati in formato ASCII, disponendoli come si farebbe in una matrice di dati, e mettere questo file nella cartella di lavoro corrente. Fatto questo, si può utilizzare la funzione `read.table()` presente

nella libreria di base per leggere l'intero dataset. Se la prima riga del file contiene l'intestazione delle variabili, allora `read.table("my_file.txt", header = TRUE)` interpreterà la prima riga del file come una riga dove sono contenuti i nomi delle variabili, assegnando ciascun nome alle variabili del data frame:

```
mydata <- read.table("my_file.txt", header = TRUE)
```

In alternativa, si può impiegare la funzione `read.csv()`, che è adatta a leggere dati salvati in `.csv`. Utilizzando altre funzioni, si possono leggere in R i dati contenuti in file aventi formati diversi da quelli considerati qui, quali Excel, SPSS, ecc.

File di dati forniti da R

In R esistono comunque oltre 50 insiemi di dati contenuti nel package `base` e altri sono disponibili in altri packages. Per vedere l'elenco degli insiemi di dati disponibili nel package `base` basta usare l'istruzione `data()`; per caricare un particolare insieme di dati, ad esempio `cars`, basta utilizzare l'istruzione

```
data(cars)
```

Nella maggior parte dei casi questo corrisponde a caricare un oggetto, solitamente un `data.frame` dello stesso nome: per l'esempio considerato si avrebbe un `data frame` di nome `cars`.

M.6 Esportazione di un file

Per esportare un `data.frame` in formato `.csv` possiamo scrivere il seguente codice

```
write.csv(df_esempio, file = "esempio.csv", row.names = FALSE)
```

dove `df_esempio` è il `data.frame` da salvare e `esempio.csv` è il file che verrà salvato all'interno della nostra cartella di lavoro.

Pacchetto `rio`

Un'alternativa più semplice è fornita dalle funzioni fornite dal pacchetto `rio`. Per importare i dati da un file in qualsiasi formato si usa

```
my_data_frame <- rio::import("my_file.csv")
```

Per esportare i dati in un file avente qualsiasi formato si usa invece

```
rio::export(my_data_frame, "my_file.csv")
```

Dove sono i miei file?

Quello che abbiamo detto finora, a proposito dell'importazione ed esportazione dei file, si riferisce a file che si trovano nella cartella di lavoro (*working directory*). Ma non sempre ci troviamo in questa situazione, il che è anche una buona cosa, perché se dobbiamo gestire un progetto anche leggermente complesso è sempre una buona idea salvare i file che usiamo in cartelle diverse. Per esempio, possiamo usare una cartella chiamata `psicometria` dove salviamo tutto il materiale di questo insegnamento. Nella cartella `psicometria` ci potrà essere una cartella chiamata `scripts` dove salveremo gli script con il codice R utilizzato per i vari esercizi, e una cartella chiamata `data` dove possiamo salvare i dati. Questa organizzazione minimale ci pone, però, di fronte ad un problema: i dati che vogliamo caricare in R non si trovano più nella cartella dove sono contenuti gli script. Quando importiamo un file di dati dobbiamo dunque specificare il percorso che identifica la posizione sul nostro computer del file che ci interessa.

Questo problema può essere risolto in due modi: specificando l'indirizzo del file in modo assoluto o relativo. Specificare l'indirizzo di un file in modo assoluto ha una serie di limiti. Il più grande è che non sarà possibile utilizzare quell'istruzione su una macchina diversa. Dunque, è molto più conveniente specificare l'indirizzo dei file in modo relativo. Ma relativo rispetto a cosa? Rispetto alla *working directory* che definirà l'origine del nostro percorso.

Ma è facile immaginare che progetti diversi possano avere diverse *working directory*. Infatti le cose stanno proprio in questo modo: per ciascun progetto dobbiamo specificare una diversa *working directory*. Per esempio, potremmo avere un progetto relativo all'insegnamento di Psicometria e un progetto relativo alla prova finale.

Per organizzare il lavoro in questo modo, si procede come segue. Supponiamo di creare una cartella chiamata `psicometria` che contiene, al suo interno, le cartelle `scripts` e `data`:

```
psicometria/
  └── data
  └── scripts
```

Queste cartelle conterranno i file che ho specificato sopra.

Chiudiamo RStudio, se è aperto e lo riapriamo di nuovo. Dal menu selezioniamo **File -> New Project...**. Questo aprirà un altro menu che ci chiederà, tra le altre cose se vogliamo creare un nuovo progetto (**New project**). Selezioniamo quella opzione e navighiamo fino alla cartella `psicometria` e selezioniamo **open**. Questo creerà un file chiamato `psicometria.Rproj` nella cartella `psicometria`.

Chiudiamo RStudio. Se vogliamo accedere al progetto “`psicometria`” dobbiamo cliccare sul file `psicometria.Rproj`. Questo aprirà RStudio e farà in modo che la *working directory* coincida con la cartella `psicometria`. Ogni volta che vogliamo lavorare sui dati del progetto “`psicometria`” dobbiamo chiudere RStudio (se è già aperto) e riaprirlo cliccando sul file `psicometria.Rproj`.

A questo punto possiamo definire l'indirizzo dei file in modo relativo – relativo alla cartella `psicometria`. Per fare questo usiamo le funzionalità del pacchetto `here`. Supponiamo di volere caricare un file di dati che si chiama `dati_depressione.txt`

e si trova nella cartella `data` contenuta nella cartella `psicometria`. Per importare questi dati (dopo avere caricato i pacchetti `rio` e `here`) useremo l'istruzione seguente:

```
rio::import(here("data", "dati_depressione.txt"))
```

In altre parole, così facendo specifichiamo il percorso relativo del file `dati_depressione.txt`. L'istruzione precedente significa che, partendo dalla cartella che coincide con la *working directory* dobbiamo spostarci nella cartella `data` e lì dentro troviamo il file chiamato `dati_depressione.txt`.

M.7 Manipolazione dei dati

Motivazione

Si chiamano “dati grezzi” quelli che provengono dal mondo circostanze, i dati raccolti per mezzo degli strumenti usati negli esperimenti, per mezzo di interviste, di questionari, ecc. Questi dati (chiamati *dataset*) raramente vengono forniti con una struttura logica precisa. Per potere elaborarli mediante dei software dobbiamo prima trasformarli in maniera tale che abbiano una struttura logica organizzata. La struttura che solitamente si utilizza è quella tabellare (matrice dei dati), ovvero si dispongono i dati in una tabella nella quale a ciascuna riga corrisponde ad un'osservazione e ciascuna colonna corrisponde ad una variabile rilevata. In R una tale struttura è chiamata *data frame*. Il pacchetto `dplyr`, che è al momento uno dei pacchetti più famosi e utilizzati per la gestione dei dati, offre una serie di funzionalità che consentono di ottenere il risultato descritto in precedenza e consente inoltre di eseguire le operazioni più comuni di manipolazione dei dati in maniera più semplice rispetto a quanto succeda quando usiamo le funzioni base di R.

Trattamento dei dati con `dplyr`

Il pacchetto `dplyr` include cinque funzioni base: `filter()`, `select()`, `mutate()`, `arrange()` e `summarise()`. A queste cinque funzioni di base si aggiungono il pipe `%>%` che serve a concatenare più operazioni e `group_by` che serve per il subsetting. In particolare, considerando una matrice osservazioni per variabili, `select()` e `mutate()` si occupano di organizzare le variabili, `filter()` e `arrange()` i casi, e `summarise()` i gruppi.

Per introdurre le funzionalità di base di `dplyr`, considereremo i dati contenuti nel data frame `msleep` fornito dal pacchetto `ggplot2`, che elenca le ore di sonno medie per 83 specie di mammiferi (Savage et al., 2007). Carichiamo il pacchetto `tidyverse` (che contiene `ggplot2`) e leggiamo nella memoria di lavoro l'oggetto `msleep`:

```
library("tidyverse")
data(msleep)
dim(msleep)
#> [1] 83 11
```

Operatore pipe

Prima di presentare le funzionalità di `tidyverse`, introduciamo l'operatore pipe `%>%` del pacchetto `magrittr` – ma ora presente anche in base R nella versione `|>`. L'operatore pipe, `%>%` o `|>`, serve a concatenare varie funzioni insieme, in modo da inserire un'operazione dietro l'altra. Una spiegazione intuitiva dell'operatore pipe è stata fornita in un tweet di `@andrewheiss`. Consideriamo la seguente istruzione in pseudo-codice R:

```
leave_house(get_dressed(get_out_of_bed(wake_up(me, time = "8:00"), side = "correct"), pants = TRUE, shirt = TRUE))
```

Il listato precedente descrive una serie di (pseudo) funzioni concatenate, le quali costituiscono gli argomenti di altre funzioni. Scritto così, il codice è molto difficile da capire. Possiamo però ottenere lo stesso risultato utilizzando l'operatore pipe che facilita la leggibilità del codice:

```
me %>%
  wake_up(time = "8:00") %>%
  get_out_of_bed(side = "correct") %>%
  get_dressed(pants = TRUE, shirt = TRUE) %>%
  leave_house(car = TRUE, bike = FALSE)
```

In questa seconda versione del (pseudo) codice R si capisce molto meglio ciò che vogliamo fare. Il data.frame `me` viene passato alla funzione `wake_up()`. La funzione `wake_up()` ha come argomento l'ora del giorno: `time = "8:00"`. Una volta “svegliati” (`wake up`) dobbiamo scendere dal letto. Quindi l'output di `wake_up()` viene passato alla funzione `get_out_of_bed()` la quale ha come argomento `side = "correct"` perché vogliamo scendere dal letto dalla parte giusta. E così via.

Selezionare le colonne del data.frame con `select()`

Ritorniamo ora all'esempio precedente e supponiamo di volere selezionare le variabili `name`, `vore` e `sleep_total` dal data.frame `msleep`. Per fare ciò usiamo funzione `select()` che consente di selezionare un sottoinsieme di variabili in un dataset. Usando pipe scriviamo:

```
dt <- msleep %>%
  dplyr::select(name, vore, sleep_total)
dt
#> # A tibble: 83 x 3
#>   name              vore  sleep_total
#>   <chr>            <chr>     <dbl>
#> 1 Cheetah           carni      12.1
#> 2 Owl monkey        omni       17
#> 3 Mountain beaver   herbi      14.4
#> 4 Greater short-tailed shrew omni      14.9
#> 5 Cow                herbi       4
#> 6 Three-toed sloth  herbi      14.4
#> 7 Northern fur seal carni      8.7
```

```
#> 8 Vesper mouse          <NA>      7
#> 9 Dog                  carni     10.1
#> 10 Roe deer            herbi      3
#> # ... with 73 more rows
```

laddove la sequenza di istruzioni precedenti significa che il data.frame dt è stato passato alla funzione `select()` contenuta nel pacchetto `dplyr`.

Filtrare le righe del data.frame con `filter()`

La funzione `filter()` consente di selezionare un sottoinsieme di osservazioni in un dataset. Per esempio, possiamo selezionare tutte le osservazioni nella variabile `vore` contrassegnate come `carni` in questo modo (ovvero, tutti i carnivori):

```
dt %>%
  dplyr::filter(vore == "carni")
#> # A tibble: 19 x 3
#>   name           vore sleep_total
#>   <chr>          <chr>    <dbl>
#> 1 Cheetah        carni     12.1
#> 2 Northern fur seal carni     8.7
#> 3 Dog            carni    10.1
#> 4 Long-nosed armadillo carni    17.4
#> 5 Domestic cat   carni    12.5
#> 6 Pilot whale    carni     2.7
#> 7 Gray seal      carni     6.2
#> 8 Thick-tailed opossum carni    19.4
#> 9 Slow loris      carni     11
#> 10 Northern grasshopper mouse carni    14.5
#> 11 Tiger          carni    15.8
#> 12 Jaguar         carni    10.4
#> 13 Lion           carni    13.5
#> 14 Caspian seal   carni     3.5
#> 15 Common porpoise carni     5.6
#> 16 Bottle-nosed dolphin carni     5.2
#> 17 Genet          carni     6.3
#> 18 Arctic fox     carni    12.5
#> 19 Red fox         carni     9.8
```

Aggiungere una colonna al data.frame con `mutate()`

Talvolta vogliamo creare una nuova variabile in uno stesso dataset ad esempio sommando o dividendo due variabili, oppure calcolandone la media. A questo scopo si usa la funzione `mutate()`. Per esempio, se vogliamo esprimere i valori di `sleep_total` in minuti, moltiplichiamo per 60:

```
dt %>%
  mutate(sleep_minutes = sleep_total * 60) %>%
  dplyr::select(sleep_total, sleep_minutes)
```

```
#> # A tibble: 83 x 2
#>   sleep_total sleep_minutes
#>   <dbl>        <dbl>
#> 1 12.1         726
#> 2 17            1020
#> 3 14.4          864
#> 4 14.9          894
#> 5 4              240
#> 6 14.4          864
#> 7 8.7            522
#> 8 7              420
#> 9 10.1           606
#> 10 3              180
#> # ... with 73 more rows
```

Ordinare i dati con `arrange()`

La funzione `arrange()` serve a ordinare i dati in base ai valori di una o più variabili. Per esempio, possiamo ordinare la variabile `sleep_total` dal valore più alto al più basso in questo modo:

```
dt %>%
  arrange(desc(sleep_total))
#> # A tibble: 83 x 3
#>   name                  vore    sleep_total
#>   <chr>                <chr>        <dbl>
#> 1 Little brown bat     insecti      19.9
#> 2 Big brown bat        insecti      19.7
#> 3 Thick-tailed opossum carni       19.4
#> 4 Giant armadillo     insecti      18.1
#> 5 North American Opossum omni        18
#> 6 Long-nosed armadillo carni       17.4
#> 7 Owl monkey            omni        17
#> 8 Arctic ground squirrel herbi      16.6
#> 9 Golden-mantled ground squirrel herbi      15.9
#> 10 Tiger                 carni      15.8
#> # ... with 73 more rows
```

Raggruppare i dati con `group_by()`

La funzione `group_by()` serve a raggruppare insieme i valori in base a una o più variabili. La vedremo in uso in seguito insieme a `summarise()`.

Sommario dei dati con `summarise()`

La funzione `summarise()` collassa il dataset in una singola riga dove viene riportato il risultato della statistica richiesta. Per esempio, la media del tempo totale del sonno è

```
dt %>%
  summarise(
    m_sleep = mean(sleep_total, na.rm = TRUE)
  ) %>%
  unlist()
#> m_sleep
#> 10.43373
```

Operazioni raggruppate

In precedenza abbiamo visto come i mammiferi considerati dormano, in media, 10.4 ore al giorno. Troviamo ora il sonno medio in funzione di `vore`:

```
dt %>%
  group_by(vore) %>%
  summarise(
    m_sleep = mean(sleep_total, na.rm = TRUE),
    n = n()
  )
#> # A tibble: 5 x 3
#>   vore     m_sleep     n
#>   <chr>     <dbl> <int>
#> 1 carni     10.4     19
#> 2 herbi      9.51    32
#> 3 insecti    14.9      5
#> 4 omni      10.9     20
#> 5 <NA>       10.2      7
```

Si noti che, nel caso di 7 osservazioni, il valore di `vore` non era specificato. Per tali osservazioni, dunque, la classe di appartenenza è `NA`.

Dati categoriali in R

Consideriamo una variabile che descrive il genere e include le categorie `male`, `female` e `non-conforming`. In R, ci sono due modi per memorizzare queste informazioni. Uno è usare la classe *character strings* e l'altro è usare la classe *factor*. Non ci addentreremo qui nelle sottigliezze di questa distinzione, motivata in gran parte per le necessità della programmazione con le funzioni di `tidyverse`. Per gli scopi di questo insegnamento sarà sufficiente codificare le variabili qualitative usando la classe *factor*. Una volta codificati i dati qualitativi utilizzando la classe *factor*, si pongono spesso due problemi:

1. modificare le etichette dei livelli (modalità) di un fattore,
2. riordinare i livelli di un fattore.

Modificare le etichette dei livelli di un fattore

Esaminiamo l'esempio seguente.

```
f_1 <- c("old_3", "old_4", "old_1", "old_1", "old_2")
f_1 <- factor(f_1)
y <- 1:5
df <- data.frame(f_1, y)
df
#>     f_1 y
#> 1 old_3 1
#> 2 old_4 2
#> 3 old_1 3
#> 4 old_1 4
#> 5 old_2 5
```

Supponiamo di volere che i livelli del fattore `f_1` abbiano le etichette `new_1`, `new_2`, ecc. Per ottenere questo risultato usiamo la funzione `recode()` di `dplyr`:

```
df <- df %>%
  mutate(
    f_1 =
      dplyr::recode(f_1,
        "old_1" = "new_poco",
        "old_2" = "new_medio",
        "old_3" = "new_tanto",
        "old_4" = "new_massimo",
      )
  )
df
#>     f_1 y
#> 1 new_tanto 1
#> 2 new_massimo 2
#> 3 new_poco 3
#> 4 new_poco 4
#> 5 new_medio 5
```

Riordinare i livelli di un fattore

Spesso i livelli dei fattori hanno un ordinamento naturale. Tuttavia, l'impostazione predefinita in base R è ordinare i livelli in ordine alfabetico. Quindi, gli utenti devono avere un modo per imporre l'ordine desiderato sulla codifica delle loro variabili qualitative. Ciò può essere ottenuto nel modo seguente.

```
df$f_1 <- factor(df$f_1,
  levels = c(
    "new_poco", "new_medio", "new_tanto", "new_massimo"
  )
)
summary(df$f_1)
#>   new_poco  new_medio  new_tanto new_massimo
#>         2          1          1          1
```

Per approfondire le problematiche della manipolazione di variabili qualitative in R, si veda **mcnamara2018wrangling**.

Creare grafici con `ggplot2()`

Il pacchetto `ggplot2()` è un potente strumento per rappresentare graficamente i dati. Le iniziali del nome, gg, si riferiscono alla “Grammar of Graphics”, che è un modo di pensare le figure come una serie di layer stratificati. Originariamente descritta da **wilkinson2012grammar**, la grammatica dei grafici è stata aggiornata e applicata in R da Hadley Wickham, il creatore del pacchetto.

La funzione da cui si parte per inizializzare un grafico è `ggplot()`. La funzione `ggplot()` richiede due argomenti. Il primo è l'oggetto di tipo `data.frame` che contiene i dati da visualizzare – in alternativa al primo argomento, un `dataframe` può essere passato a `ggplot()` mediante l'operatore pipe. Il secondo è una particolare lista che viene generata dalla funzione `aes()`, la quale determina l'aspetto (*aesthetic*) del grafico. La funzione `aes()` richiede necessariamente di specificare “x” e “y”, ovvero i nomi delle colonne del `data.frame` che è stato utilizzato quale primo argomento di `ggplot()` (o che è stato passato da pipe), le quali rappresentano le variabili da porre rispettivamente sugli assi orizzontale e verticale.

La definizione della tipologia di grafico e i vari parametri sono poi definiti successivamente, aggiungendo all'oggetto creato da `ggplot()` tutte le componenti necessarie. Saranno quindi altre funzioni, come `geom_bar()`, `geom_line()` o `geom_point()` a occuparsi di aggiungere al livello di base barre, linee, punti, e così via. Infine, tramite altre funzioni, ad esempio `labs()`, sarà possibile definire i dettagli più fini.

Gli elementi grafici (bare, punti, segmenti, ...) usati da `ggplot2` sono chiamati `geoms`. Mediante queste funzioni è possibile costruire diverse tipologie di grafici:

- `geom_bar()`: crea un layer con delle barre;
- `geom_point()`: crea un layer con dei punti (diagramma a dispersione);
- `geom_line()`: crea un layer con una linea retta;
- `geom_histogram()`: crea un layer con un istogramma;
- `geom_boxplot()`: crea un layer con un box-plot;
- `geom_errorbar()`: crea un layer con barre che rappresentano intervalli di confidenza;
- `geom_hline()` e `geom_vline()` : crea un layer con una linea orizzontale o verticale definita dall'utente.

Un comando generico ha la seguente forma:

```
my_graph <- my_data %>%
  ggplot(aes(x_var, y_var)) +
  geom_...()
```

La prima volta che si usa il pacchetto `ggplot2` è necessario installarlo. Per fare questo possiamo installare `tidyverse` che, oltre a caricare `ggplot2`, carica anche altre utili funzioni per l'analisi dei dati:

```
install.packages("tidyverse")
```

Per attivare il pacchetto si usa l'istruzione:

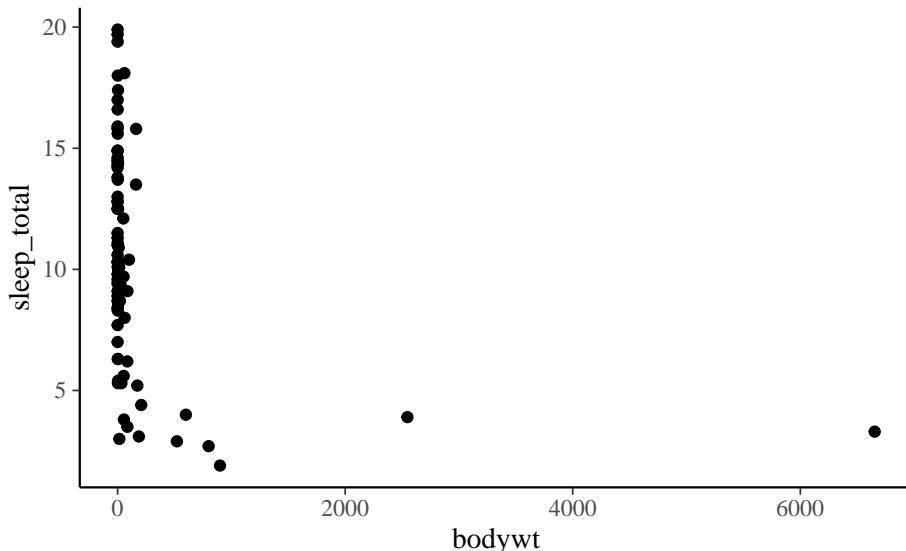
```
library("tidyverse")
```

Ogni volta che si inizia una sessione R è necessario attivare i pacchetti che si vogliono usare, ma non è necessario istallarli una nuova volta. Se è necessario specificare il pacchetto nel quale è contenuta la funzione (o il `data.frame`) che vogliamo utilizzare, usiamo la sintassi `package::function()`. Per esempio, l'istruzione `ggplot2::ggplot()` rende esplicito che stiamo usando la funzione `ggplot()` contenuta nel pacchetto `ggplot2`.

Diagramma a dispersione

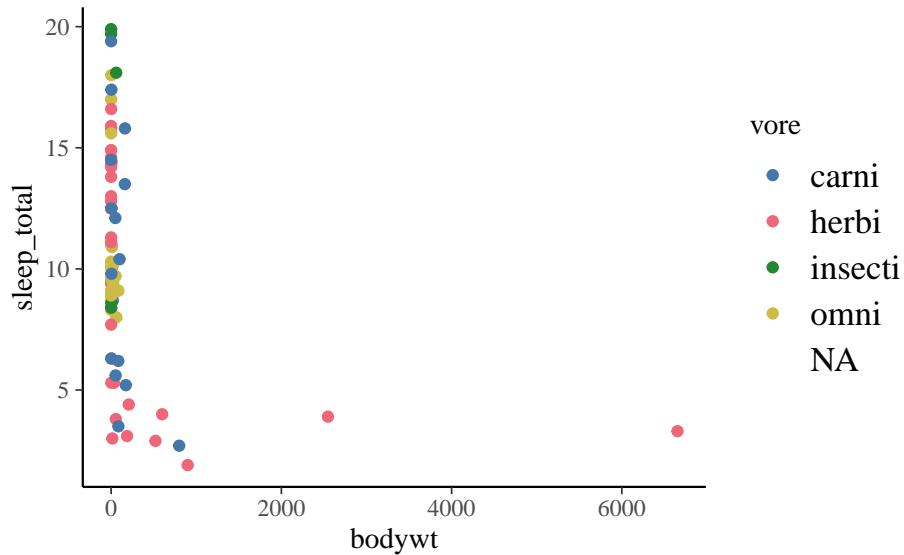
Consideriamo nuovamente i dati contenuti nel data frame `msleep` e poniamoci il problema di rappresentare graficamente la relazione tra il numero medio di ore di sonno giornaliero (`sleep_total`) e il peso dell'animale (`bodywt`). Usando le impostazioni di default di `ggplot2`, con le istruzioni seguenti, otteniamo il grafico fornito dalla figura seguente.

```
data(msleep)
p <- msleep %>%
  ggplot(
    aes(x = bodywt, y = sleep_total)
  ) +
  geom_point()
print(p)
```



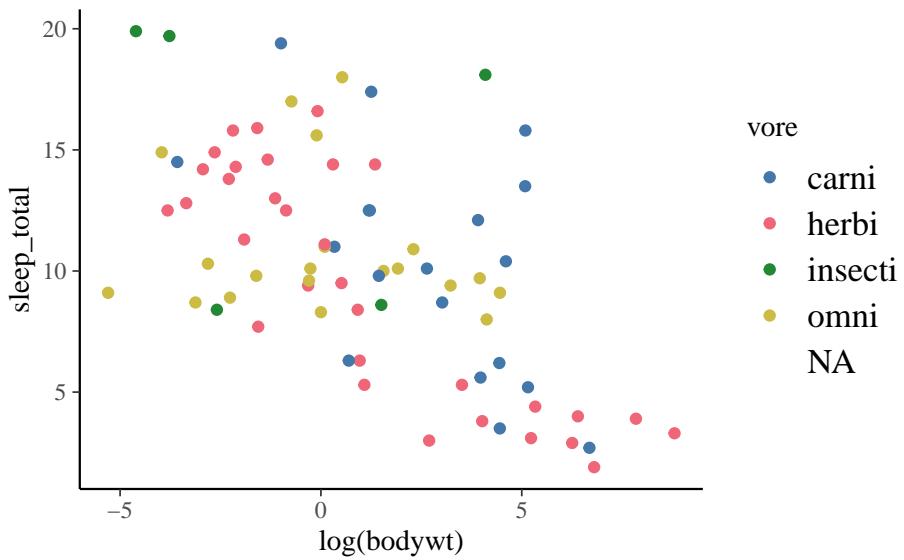
Coloriamo ora in maniera diversa i punti che rappresentano animali carnivori, erbivori, ecc.

```
p <- msleep %>%
  ggplot(
    aes(x = bodywt, y = sleep_total, col = vore)
  ) +
  geom_point()
print(p)
```



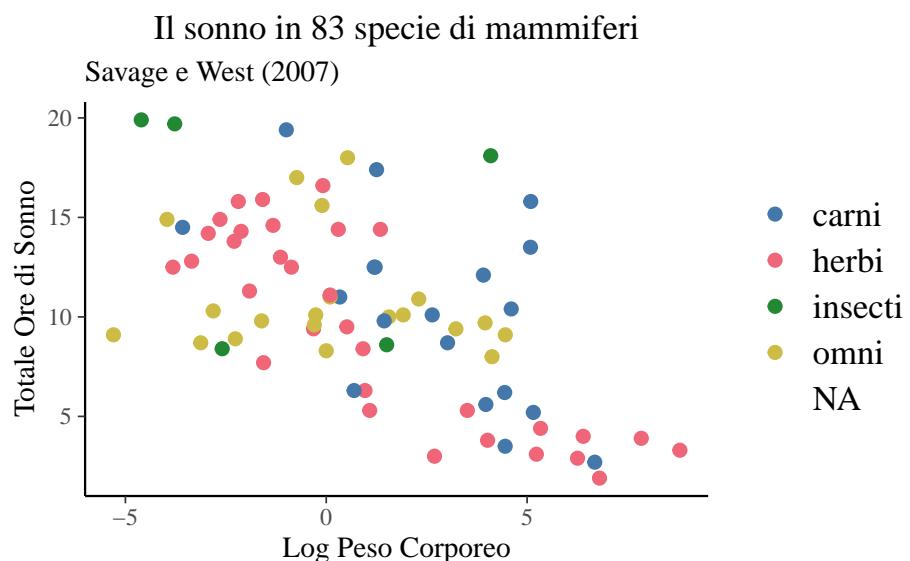
È chiaro, senza fare alcuna analisi statistica, che la relazione tra le due variabili non è lineare. Trasformando in maniera logaritmica i valori dell'asse x la relazione si linearizza.

```
p <- msleep %>%
  ggplot(
    aes(x = log(bodywt), y = sleep_total, col = vore)
  ) +
  geom_point()
print(p)
```



Infine, aggiustiamo il “tema” del grafico, aggiungiamo le etichette sugli assi e il titolo.

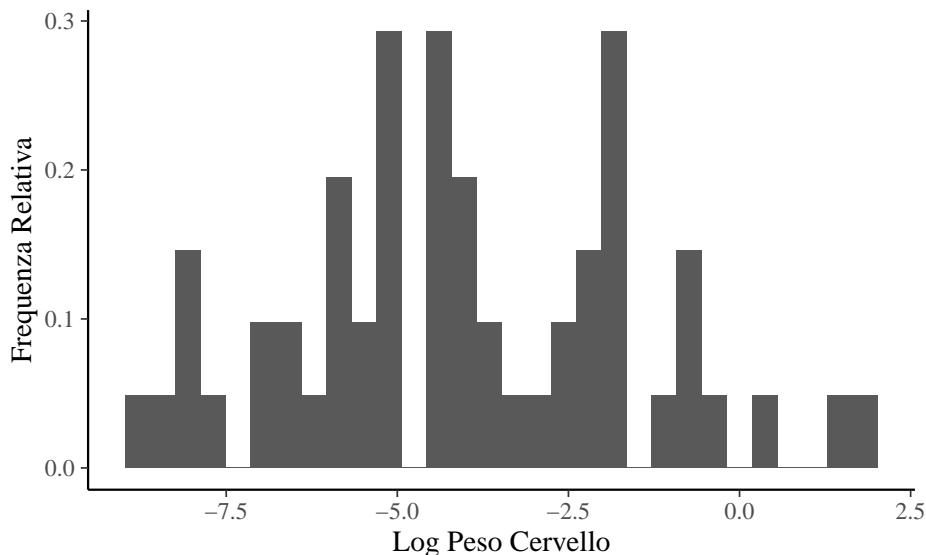
```
msleep %>%
  ggplot(
    aes(x = log(bodywt), y = sleep_total, col = vore)
  ) +
  geom_point(size = 2) +
  theme(legend.title = element_blank()) +
  labs(
    x = "Log Peso Corporeo",
    y = "Totale Ore di Sonno",
    title = "Il sonno in 83 specie di mammiferi",
    subtitle = "Savage e West (2007)"
  )
```



Istogramma

Creiamo ora un istogramma che rappresenta la distribuzione del (logaritmo del) peso medio del cervello delle 83 specie di mammiferi considerate da **savage2007quantitative**.

```
msleep %>%
  ggplot(
    aes(log(brainwt))
  ) +
  geom_histogram(aes(y = ..density..)) +
  labs(
    x = "Log Peso Cervello",
    y = "Frequenza Relativa"
  ) +
  theme(legend.title = element_blank())
```



L'argomento `aes(y=..density..)` in `geom_histogram()` produce le frequenze relative. L'opzione di default (senza questo argomento) porta `ggplot()` a rappresentare le frequenze assolute.

Scrivere il codice in R con stile

Uno stile di programmazione è un insieme di regole per la gestione dell'indentazione dei blocchi di codice, per la creazione dei nomi dei file e delle variabili e per le convenzioni tipografiche che vengono usate. Scrivere il codice in R con stile consente di creare listati più leggibili e semplici da modificare, minimizza la possibilità di errore, e consente correzioni e modifiche più rapide. Vi sono molti stili di programmazione che possono essere utilizzati dall'utente, anche se è bene attenersi a quelle che sono le convenzioni maggiormente diffuse, allo scopo di favorire la comunicazione. In ogni caso, l'importante è di essere coerenti, ovvero di adottare le stesse convenzioni in tutte le parti del codice che si scrive. Ad esempio, se si sceglie di usare lo stile `snake_case` per il nome composto

di una variabile (es., `personality_trait`), non è appropriato usare lo stile *lower Camel case* per un'altra variabile (es., `socialStatus`). Dato che questo argomento è stato trattato ampiamente in varie sedi, mi limito qui a rimandare ad uno stile di programmazione molto popolare, quello proposto da Hadley Wickham, il creatore di `tidyverse`. Potete trovare maggiori informazioni al seguente link: <http://style.tidyverse.org/>.

M.8 Flusso di lavoro riproducibile

La crisi della riproducibilità

Per il metodo scientifico è essenziale che gli esperimenti siano riproducibili. Vale a dire che una persona diversa dallo sperimentatore originale deve essere in grado di ottenere gli stessi risultati seguendo lo stesso protocollo sperimentale. (Gilbert Chin)

Ma in psicologia (e non solo) la riproducibilità è inferiore a quanto previsto o desiderato. In un famoso studio pubblicato su *Science*, un ampio gruppo di ricercatori (Open Science Collaboration and others, 2015) è riuscito a replicare solo il 40 per cento circa dei risultati di 100 studi di psicologia cognitiva e sociale pubblicati in precedenza. I risultati di questo studio, e di molti altri pubblicati in seguito, sono stati interpretati in modi diversi. La preoccupazione sulla riproducibilità della ricerca è stata espressa mediante l'affermare secondo la quale “la maggior parte dei risultati della ricerca sono falsi” (Ioannidis, 2005) oppure mediante l'affermazione secondo cui “dobbiamo apportare modifiche sostanziali al modo in cui conduciamo la ricerca” (Cumming, 2014). Alcuni ricercatori sono arrivati a definire la presente situazione come una “crisi della riproducibilità dei risultati della ricerca”.

Il termine “riproduciabilità” (o “replicabilità”) è stato definito in vari modi. Consideriamo la definizione fornita da Goodman et al. (2016):

- la riproducibilità dei metodi “si riferisce al fatto che il ricercatore fornisce dettagli sufficienti sulle procedure e sui dati dello studio in modo che le stesse procedure possano ... essere replicate esattamente” (pag. 2) con gli stessi dati;
- la riproducibilità dei risultati “si riferisce all’ottenimento degli stessi risultati dalla conduzione di uno studio indipendente le cui procedure replicano il più esattamente possibile quelle dell’esperimento originale” (pag. 2-3) con dati indipendenti;
- la riproducibilità inferenziale “si riferisce alla possibilità di trarre conclusioni qualitativamente simili da una replica indipendente di uno studio o da una nuova analisi dello studio originale” (pag. 4).

Per gli scopi presenti, ci focalizzeremo qui sulla riproducibilità dei metodi. Cioè, discuteremo di come R può aiutarci a migliorare questo aspetto della riproducibilità. In questo capitolo mostreremo come R possa essere utilizzato all'interno di un flusso di lavoro (*workflow*) riproducibile che integra (1) il codice di

analisi dei dati, (2) i dati medesimi e (3) il testo della relazione che comunica i risultati dello studio. A tal fine utilizzeremo due pacchetti R: `rmarkdown` e `knitr`. Questi pacchetti consentono di unire il codice R ad un linguaggio di marcatura (o di markup) chiamato Markdown. Il linguaggio di markup Markdown sta diventando sempre più popolare e viene usato, oltre che per creare `reports` di analisi di dati, anche per creare `siti web`, `blog`, `libri`, `articoli accademici`, `curriculum vitae`, `slide`, `tesi di laurea`. Per esempio, il presente sito web è stato scritto usando R-markdown.

R-markdown

Un linguaggio di markup permette di aggiungere mediante marcatori (tag) informazioni sulla struttura e sulla formattazione da applicare ad un documento. Un'introduzione al linguaggio Markdown può essere trovata, per esempio, [qui](#) oppure [qui](#).

In questo capitolo ci focalizzeremo però sugli aspetti più importanti di R-markdown che permette di costruire documenti in cui combinare testo formattato (quindi non solo commenti ma anche formule, titoli etc) e istruzioni codice (R e non solo) con i corrispettivi output. Informazioni dettagliate su R-markdown sono disponibili [qui](#) e [qui](#).

Un file R-markdown è composto da tre tipi di oggetti:

1. header in formato `YAML` delimitato da `---`,
2. testo in formato `markdown`,
3. blocchi (“chunks”) di codice R, delimitati da tre apici.

Header

L'intestazione di un documento `.Rmd` (R-markdown) corrisponde al cosiddetto *YAML header* (un acronimo che significa *Yet Another Markup Language*). Lo YAML header controlla le caratteristiche generali del documento, incluso il tipo di documento che viene prodotto (un documento HTML che può essere visualizzato su tutti i principali browser, un documento Microsoft Word o un PDF se abbiamo installato LaTeX sul nostro computer), la dimensione del carattere, lo stile, il titolo, l'autore, ecc. Nello YAML header (a differenza del codice R) è necessario rispettare la spaziatura prestabilita delle istruzioni che vengono elencate. Gli elementi principali sono `title:`, `author:`, `output:`.

L'argomento di `output:` è dove diciamo a R-markdown quale tipo di file vogliamo che venga prodotto. Il tipo più flessibile, che non richiede alcuna configurazione, è `html_document`.

Testo

Alla conclusione dello YAML header inizia il documento R-markdown. Da questo punto in poi possiamo utilizzare testo normale, codice R e sintassi Markdown per controllare cosa viene mostrato e come.

Formattazione

È possibile contrassegnare intestazioni, grassetto e corsivo come indicato di seguito.

```
# Intestazione 1
## Intestazione 2
### Intestazione 3
#### Intestazione 4
##### Intestazione 5
##### Intestazione 6

Questo è un testo normale.
Possiamo scrivere in **grassetto** il testo usando due asterischi.
Possiamo scrivere in *corsivo* usando un asterisco.

>Questa è un'**area rientrata**.

Questa riga invece non è più rientrata.
```

Elenchi

Per creare un elenco puntato si utilizza il segno più, il trattino o l'asterisco. Tutte le tre soluzioni portano allo stesso risultato.

- Punto 1 della lista
- Punto 2 della lista
- Punto 3 della lista

Un elenco numerato, invece, si crea con un numero seguito da un punto.

1. Punto 1 della lista
2. Punto 2 della lista
3. Punto 3 della lista

Hyperlink

Per inserire un hyperlink ci sono due metodi:

- specificare solo il percorso <<http://rmarkdown.rstudio.com>>, <http://rmarkdown.rstudio.com>
- creare un link con [link](<http://rmarkdown.rstudio.com>)

Immagini

Per inserire un'immagine la sintassi è molto simile: !*[Esempio di immagine inserita in un documento R-markdown.](images/hex-rmarkdown.png){width=20%}:

Codice inline

Per contrassegnare un'area di testo come codice, markdown utilizza il cosiddetto backtick, noto anche come gravis o accento grave, da non confondere con la virgoletta singola. La marcatura prevede un accento all'inizio e uno alla fine dell'area di testo corrispondente.

Questo è `codice`.



Figura M.2: Esempio di immagine inserita in un documento R-markdown.

Equazioni

Equazioni possono essere inserite in un documento R-markdown usando la sintassi L^AT_EX. Qualsiasi cosa all'interno del segno di dollaro \$ viene trattata come un'equazione “inline”. Qualunque cosa all'interno di due segni di dollaro \$\$ viene trattata come un'equazione a sé stante.

Per esempio, questa è la formula della distribuzione Normale espressa in notazione LaTe_X e riprodotta all'interno di un documento R-markdown:

```
f(x) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} \exp\left(-\frac{1}{2} \left(\frac{x-\mu}{\sigma}\right)^2\right)
```

$$f(x) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} \exp\left(-\frac{1}{2} \left(\frac{x-\mu}{\sigma}\right)^2\right)$$

Codice R

In un documento R-markdown istruzioni di codice vengono inserite in blocchi delimitati da tre apici. Ciò consente di valutare il codice all'interno del documento e di produrre un output che verrà stampato nel documento stesso. Possiamo dunque stampare tabelle e figure prodotti direttamente dal codice R. Ciò significa inoltre, che se qualcosa cambia nei dati o nelle analisi dei dati, le tabelle e le figure si aggiorneranno automaticamente.

Un chunk R viene valutato proprio come il normale codice R, quindi si applica tutto ciò che abbiamo imparato nei capitoli precedenti. Se il chunk R produce un output, questo output verrà visualizzato nel documento.

Compilare la presentazione R-markdown

Ma dove si trova questo magico documento che include il testo e l'output prodotto dal codice R? Ottima domanda. Siamo stati abituati ai programmi di videoscrittura (come Microsoft Word) che si conformano al cosiddetto stile “WYSIWYG” (What You See Is What You Get) – cioè, si vede come apparirà il documento stampato mentre lo si digita. Questo può avere alcuni vantaggi ma può anche essere molto limitante. R-Markdown, d'altra parte, funziona in modo diverso. Ovvero, deve essere “compilato” (knitted) per passare dal file sorgente al documento formattato. In RStudio, tale operazione è semplice: c'è un pulsante in alto a sinistra nel pannello di scripting di un documento .Rmd. È sufficiente selezionare tale pulsante e il nostro documento verrà creato.

È importante notare che il codice del documento deve essere autonomo. Ciò significa che tutto ciò che vogliamo che venga eseguito deve essere incluso nel documento, indipendentemente da ciò che era già stato eseguito al di fuori di esso. Ad esempio, è perfettamente legittimo (e anche molto utile) testare il codice R al di fuori del documento Rmd. Tuttavia, quando compiliamo il documento Rmd, tutto ciò che è stato fatto al di fuori del documento Rmd viene dimenticato. Ciò consente di creare un documento autosufficiente che favorisce la riproducibilità dei metodi di analisi dei dati: utilizzando uno specifico documento Rmd con un campione di dati si giunge sempre allo stesso risultato e alla stessa interpretazione. Ciò non è invece vero se si utilizza un software con un interfaccia point-and-click.

M.9 Dati mancanti

Motivazione

La pulizia dei dati (*data cleaning*) in R è fondamentale per effettuare qualsiasi analisi. Uno degli aspetti più importanti della pulizia dei dati è la gestione dei dati mancanti. I valori mancanti (*missing values*) vengono indicati dal codice NA, che significa *not available* — non disponibile.

Trattamento dei dati mancanti

Se una variabile contiene valori mancanti, R non è in grado di applicare ad essa alcune Funzioni, come ad esempio la media. Per questa ragione, la gran parte delle funzioni di R prevedono modi specifici per trattare i valori mancanti.

Ci sono diversi tipi di dati “mancanti” in R;

- NA - generico dato mancante;
- NaN - il codice NaN (*Not a Number*) indica i valori numerici impossibili, quali ad esempio un valore 0/0;
- Inf e -Inf - Infinity, si verifica, ad esempio, quando si divide un numero per 0.

La funzione `is.na()` ritorna un output che indica con TRUE le celle che contengono NA o NaN.

Si noti che

- se `is.na(x)` è TRUE, allora `!is.na(x)` è FALSE;
- `all(!is.na(x))` ritorna TRUE se tutti i valori x sono NOT NA;
- `any(is.na(x))` risponde alla domanda: c’è qualche valore NA (almeno uno) in x?;
- `complete.cases(x)` ritorna TRUE se ciascun elemento di x è is NOT NA; ritorna FALSE se almeno un elemento di x è NA;

Le funzioni R `is.nan()` e `is.infinite()` si applicano ai tipi di dati NaN e Inf.

Per esempio, consideriamo il seguente data.frame:

```
d <- tibble(
  w = c(1, 2, NA, 3, NA),
  x = 1:5,
  y = 1,
  z = x^2 + y,
  q = c(3, NA, 5, 1, 4)
)
d
#> # A tibble: 5 x 5
#>   w     x     y     z     q
#>   <dbl> <int> <dbl> <dbl> <dbl>
#> 1 1     1     1     2     3
#> 2 2     2     1     5    NA
#> 3 NA    3     1    10     5
#> 4 3     4     1    17     1
#> 5 NA    5     1    26     4
```

```
is.na(d$w)
#> [1] FALSE FALSE  TRUE FALSE  TRUE
is.na(d$x)
#> [1] FALSE FALSE FALSE FALSE FALSE
```

Per creare un nuovo Dataframe senza valori mancanti:

```
d_clean <- d[complete.cases(d), ]
d_clean
#> # A tibble: 2 x 5
#>   w     x     y     z     q
#>   <dbl> <int> <dbl> <dbl> <dbl>
#> 1 1     1     1     2     3
#> 2 3     4     1    17     1
```

Ottimamente, se vogliamo eliminare le righe con NA solo in una variabile:

```
d1 <- d[!is.na(d$q), ]
d1
#> # A tibble: 4 x 5
#>   w     x     y     z     q
#>   <dbl> <int> <dbl> <dbl> <dbl>
#> 1 1     1     1     2     3
#> 2 NA    3     1    10     5
#> 3 3     4     1    17     1
#> 4 NA    5     1    26     4
```

Se vogliamo esaminare le righe con i dati mancanti in qualunque colonna:

```
d_na <- d[!complete.cases(d), ]
d_na
```

```
#> # A tibble: 3 x 5
#>       w     x     y     z     q
#>   <dbl> <int> <dbl> <dbl> <dbl>
#> 1     2     2     1     5    NA
#> 2    NA     3     1    10     5
#> 3    NA     5     1    26     4
```

Spesso i valori mancanti vengono sostituiti con valori “ragionevoli”, come ad esempio la media dei valori in quella colonna del Dataframe. Oppure, vengono considerati come “ragionevoli” i valori che vengono predetti conoscendo le altre variabili del Dataframe. Questa procedura si chiama *imputazione multipla*. Questo è però un argomento avanzato che non verrà trattato in questo insegnamento. La cosa più semplice da fare, in presenza di dati mancanti, è semplicemente quella di escludere tutte le righe nelle quali ci sono degli NAs.

Bibliografia

- Albert, J. & Hu, J. (2019). *Probability and Bayesian Modeling*. Chapman; Hall/CRC. (Cit. a p. 192).
- Bechdel, A. (1986). *Dykes to watch out for*. Firebrand Books. (Cit. a p. 167).
- Carpenter, B., Gelman, A., Hoffman, M. D., Lee, D., Goodrich, B., Betancourt, M., Brubaker, M., Guo, J., Li, P. & Riddell, A. (2017). Stan: A probabilistic programming language. *Journal of statistical software*, 76(1), 1–32 (cit. a p. 393).
- Cumming, G. (2014). The new statistics: Why and how. *Psychological science*, 25(1), 7–29 (cit. a p. 447).
- Eckhardt, R. (1987). Stan Ulam, John Von Neumann and the Monte Carlo Method. *Los Alamos Science Special Issue* (cit. a p. 393).
- Etz, A. (2018). Introduction to the concept of likelihood and its applications. *Advances in Methods and Practices in Psychological Science*, 1(1), 60–69 (cit. a p. 133).
- Gautret, P., Lagier, J. C., Parola, P., Meddeb, L., Mailhe, M., Doudier, B. & ... Honoré, S. (2020). Hydroxychloroquine and azithromycin as a treatment of COVID-19: Results of an open-label non-randomized clinical trial. *International Journal of Antimicrobial Agents* (cit. alle pp. 206, 213, 215, 219, 220, 222, 225).
- Gelman, A., Carlin, J. B., Stern, H. S. & Rubin, D. B. (1995). *Bayesian data analysis*. Chapman; Hall/CRC. (Cit. alle pp. 206, 347).
- Gelman, A., Hill, J. & Vehtari, A. (2020). *Regression and other stories*. Cambridge University Press. (Cit. alle pp. 273, 277, 296, 319, 340).
- Gelman, A., Hwang, J. & Vehtari, A. (2014). Understanding predictive information criteria for Bayesian models. *Statistics and Computing*, 24(6), 997–1016 (cit. alle pp. 242, 338).
- Gibson, E. & Wu, H.-H. I. (2013). Processing Chinese relative clauses in context. *Language and Cognitive Processes*, 28(1-2), 125–155 (cit. alle pp. 315, 318).
- Goodman, S. N., Fanelli, D. & Ioannidis, J. P. (2016). What does research reproducibility mean? *Science translational medicine*, 8(341), 341ps12–341ps12 (cit. a p. 447).
- Grolemund, G. (2014). *Hands-on programming with R: Write your own functions and simulations*. O'Reilly Media, Inc. (Cit. a p. 425).
- Hambrick, D. (2015). Research confirms a link between intelligence and life expectancy. *Scientific American*. Retrieved from <http://www.scientificamerican.com/article/research-confirms-a-link-between-intelligence-and-life-expectancy> (cit. a p. 273).

- Horn, S. & Loewenstein, G. (2021). Underestimating Learning by Doing. *Available at SSRN 3941441* (cit. a p. [xvi](#)).
- Horstmann, A. C., Bock, N., Linhuber, E., Szczuka, J. M., Straßmann, C. & Krämer, N. C. (2018). Do a robot's social skills and its objection discourage interactants from switching the robot off? *PLoS one*, 13(7), e0201581 (cit. alle pp. [301](#), [302](#), [309–311](#)).
- Hulme, O. J., Wagenmakers, E. J., Damkier, P., Madelung, C. F., Siebner, H. R., Helweg-Larsen, J. & ... Madsen, K. H. (2020). Reply to Gautret et al. 2020: A Bayesian reanalysis of the effects of hydroxychloroquine and azithromycin on viral carriage in patients with COVID-19. *medRxiv* (cit. alle pp. [213](#), [216](#)).
- Ioannidis, J. P. (2005). Why most published research findings are false. *PLoS medicine*, 2(8), e124 (cit. a p. [447](#)).
- Johnson, A. A., Ott, M. & Dogucu, M. (2022). *Bayes Rules! An Introduction to Bayesian Modeling with R*. CRC Press. (Cit. alle pp. [164](#), [167](#), [168](#), [173](#), [179](#), [218](#), [223](#), [325](#)).
- Kruschke, J. (2014). *Doing Bayesian data analysis: A tutorial with R, JAGS, and Stan*. Academic Press. (Cit. a p. [192](#)).
- Lee, M. D. & Wagenmakers, E.-J. (2014). *Bayesian cognitive modeling: A practical course*. Cambridge university press. (Cit. a p. [237](#)).
- McElreath, R. (2020). *Statistical rethinking: A Bayesian course with examples in R and Stan* (2nd Edition). Boca Raton, Florida, CRC Press. (Cit. alle pp. [115](#), [133](#), [185](#), [192](#), [326](#), [327](#), [329](#), [332](#), [336](#), [342](#), [347](#)).
- Milgram, S. (1963). Behavioral study of obedience. *The Journal of Abnormal and Social Psychology*, 67(4), 371–378 (cit. a p. [164](#)).
- Navarro, D. J. (2019). Between the devil and the deep blue sea: Tensions between scientific judgement and statistical model selection. *Computational Brain & Behavior*, 2(1), 28–34 (cit. alle pp. [342](#), [349](#)).
- Nuggerud-Galeas, S., Sáez-Benito Suescun, L., Berenguer Torrijo, N., Sáez-Benito Suescun, A., Aguilar-Latorre, A., Magallón Botaya, R. & Oliván Blázquez, B. (2020). Analysis of depressive episodes, their recurrence and pharmacologic treatment in primary care patients: A retrospective descriptive study. *Plos one*, 15(5), e0233454 (cit. a p. [126](#)).
- Open Science Collaboration and others. (2015). Estimating the reproducibility of psychological science. *Science*, 349(6251), aac4716 (cit. a p. [447](#)).
- Rouder, J. N. (2005). Are unshifted distributional models appropriate for response time? *Psychometrika*, 70(2), 377–381 (cit. a p. [316](#)).
- Savage, V. M., Allen, A. P., Brown, J. H., Gillooly, J. F., Herman, A. B., Woodruff, W. H. & West, G. B. (2007). Scaling of number, size, and metabolic rate of cells with body size in mammals. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(11), 4718–4723 (cit. a p. [436](#)).
- Sawilowsky, S. S. (2009). New effect size rules of thumb. *Journal of modern applied statistical methods*, 8(2), 26 (cit. a p. [299](#)).
- Sorensen, T. & Vasishth, S. (2015). Bayesian linear mixed models using Stan: A tutorial for psychologists, linguists, and cognitive scientists. *arXiv preprint arXiv:1506.06201* (cit. a p. [315](#)).
- Stevens, S. S. (1946). On the theory of scales of measurement. *Science*, 103(2684), 677–680 (cit. alle pp. [10](#), [14](#)).

- Tufte, E. R. (2001). *The visual display of quantitative information*. Graphics press Cheshire, CT. (Cit. a p. 34).
- van den Bergh, D., Van Doorn, J., Marsman, M., Draws, T., Van Kesteren, E.-J., Derkx, K., Dablander, F., Gronau, Q. F., Kucharsky, Š., Gupta, A. R. K. N. et al. (2020). A tutorial on conducting and interpreting a Bayesian ANOVA in JASP. *L'Année psychologique*, 120(1), 73–96 (cit. a p. 301).
- van de Schoot, R., Depaoli, S., King, R., Kramer, B., Märkens, K., Tadesse, M. G., Vannucci, M., Gelman, A., Veen, D., Willemsen, J. & Yau, C. (2021). Bayesian statistics and modelling. *Nature Reviews Methods Primer*, 1(1), 1–26 (cit. a p. 154).
- Vehtari, A., Gelman, A. & Gabry, J. (2017). Practical Bayesian model evaluation using leave-one-out cross-validation and WAIC. *Statistics and computing*, 27(5), 1413–1432 (cit. a p. 339).
- Zetsche, U., Bürkner, P.-C. & Renneberg, B. (2019). Future expectations in clinical depression: Biased or realistic? *Journal of Abnormal Psychology*, 128(7), 678–688 (cit. alle pp. 7, 23, 25, 27, 29–32, 34–36, 38–40, 44, 142, 158, 197, 231, 239, 262, 377, 384, 388).

Elenco delle figure

2.1	Metafora del tiro al bersaglio.	16
3.1	Iistogramma per i valori BDI-II riportati da Zetsche et al. (2019).	28
3.2	Una rappresentazione più comune per l'istogramma dei valori BDI-II nella quale gli intervalli delle classi hanno ampiezze uguali.	29
3.3	Kernel density plot e corrispondente istogramma per i valori BDI-II.	30
3.4	1: Asimmetria negativa. 2: Asimmetria positiva. 3: Distribuzione unimodale. 4: Distribuzione bimodale.	31
3.5	Box-plot: M è la mediana, \bar{x} è la media aritmetica e IQR è la distanza interquartile ($Q_3 - Q_1$).	32
3.6	Due versioni di un violin plot per i valori BDI-II di ciascuno dei due gruppi di soggetti esaminati da @zetschefuture2019.	33
3.7	Associazione tra le variabili BDI-II e CES-D nello studio di @zetschefuture2019. In rosso sono rappresentate le osservazioni del gruppo di controllo; in blu quelle dei pazienti.	41
3.8	Due insiemi di dati (fittizi) per i quali i coefficienti di correlazione di Pearson sono entrambi 0. Ma questo non significa che non vi sia alcuna relazione tra le variabili.	46
4.1	Rappresentazione schematica del processo scientifico (figura adattata dalla Fig. 1.1 di P. Gregory, Bayesian Logical Data Analysis for the Physical Sciences, Cambridge, 2005).	49
4.2	Stima della probabilità di successo in funzione del numero di lanci di una moneta.	56
4.3	Stima della probabilità di successo in funzione del numero di lanci di una moneta – scala logaritmica.	57
4.4	Grafico di $M = 100\,000$ simulazioni della funzione di massa di probabilità di una variabile casuale definita come il numero di teste in quattro lanci di una moneta equilibrata.	60
5.1	Rappresentazione ad albero che riporta le frequenze attese dei risultati di una mammografia in un campione di 1,000 donne	64
5.2	Rappresentazione dello spazio campionario dei risultati dell'esperimento casuale corrispondente al lancio di due dadi bilanciati. Sono evidenziati gli eventi elementari che costituiscono l'evento A: esce un 1 o un 2 nel primo lancio.	67
6.1	Partizione dello spazio campionario Ω	70

ELENCO DELLE FIGURE

8.1 Uno spinner che riposa a 36 gradi, o il dieci per cento del percorso intorno al cerchio. La pendenza dello spinner può assumere qualunque valore tra 0 e 360 gradi.	84
8.2 Funzione di distribuzione cumulativa per l'angolo θ (in gradi) risultante da una rotazione di uno spinner simmetrico. La linea tratteggiata mostra il valore a 180 gradi, che corrisponde ad una probabilità di 0.5, e la linea tratteggiata a 270 gradi, che corrisponde ad una probabilità di 0.75.	85
8.3 Grafico della funzione di ripartizione di una variabile casuale Θ che rappresenta il risultato di una rotazione di uno spinner simmetrico. Come previsto, tale funzione è una semplice funzione lineare perché la variabile sottostante Θ ha una distribuzione uniforme.	86
8.4 Istogramma di 10 000 realizzazioni $\Theta \sim \text{Uniform}(0, 1)$	88
8.5 Istogramma di 10 000 realizzazioni $\Theta \sim \text{Uniform}(0, 1)$ trasformate mediante la funzione logit $\Phi = \text{logit}(\Theta)$	91
8.6 Grafico della funzione di distribuzione cumulativa di una variabile casuale $\Phi = \text{logit}(\Theta)$ che rappresenta la trasformazione logaritmica di una variabile casuale distribuita uniformemente $\Theta \sim \text{uniform}(0, 1)$. La curva ha una forma sigmoidale. Gli asintoti a 0 e 1 sono indicati con linee tratteggiate; la curva è simmetrica intorno allo 0 sull'asse x e a 0.5 sull'asse y , come evidenziato dalle linee punteggiate.	92
8.7 Istogramma di M campioni casuali $\Theta \sim \text{Uniform}(0, 1)$ trasformati in valori $\Phi = \text{logit}(\Theta)$. Il profilo limite dell'istogramma è evidenziato nella figura in basso a destra che è stata costruita usando 1 000 000 di osservazioni.	94
8.8 Istogramma di $M = 1\,000\,000$ campioni casuali $\Theta \sim \text{Uniform}(0, 1)$ trasformati in valori $\Phi = \text{logit}(\Theta)$. La spezzata nera congiunge i punti centrali superiori delle barre dell'istogramma. Nel limite, quando il numero di osservazioni e di barre tende all'infinito, tale spezzata approssima la funzione di densità di probabilità della variabile casuale.	95
10.1 Alcune distribuzioni binomiali. Nella figura, il parametro θ è indicato con p	108
10.2 Alcune distribuzioni di Poisson.	110
11.1 Probabilità del numero di successi in $N = 10$ prove bernoulliane indipendenti, ciascuna con una probabilità di successo di 0.90. Il risultato è una distribuzione $\text{Bin}(y \mid 10, 0.9)$. Con solo dieci prove, la distribuzione è fortemente asimmetrica negativa.	114
11.2 Probabilità del numero di successi in $N = 1000$ prove bernoulliane indipendenti, ciascuna con una probabilità di successo di 0.90. Il risultato è una distribuzione $\text{Bin}(y \mid 1000, 0.9)$. Con mille prove, la distribuzione è quasi simmetrica a forma campanulare.	115
11.3 Passeggiata casuale di 4, 8 e 16 passi. La spezzata nera indica la media delle distanze dall'origine come funzione del numero di passi.	116
11.4 Kernel density plot dei risultati della passeggiata casuale riportata nella figura precedente, dopo 4, 8 e 16 passi. Nel pannello di destra, una densità Normale di opportuni parametri è sovrapposta all'istogramma liscio.	118

11.5 Alcune distribuzioni Normali.	118
11.6 Alcune distribuzioni Chi-quadrato.	124
11.7 Alcune distribuzioni t di Student.	125
11.8 Alcune distribuzioni Beta.	127
12.1 Come un modello statistico impara? Ciascun lancio del mappamondo produce un'osservazione: acqua (A) o terra (T). La stima della proporzione di acqua (θ) sulla superficie terrestre prodotta dal modello è espressa nei termini del grado di credibilità (o Plausibilità, nella figura) di ciascun possibile valore θ . Le linee e le curve nella figura rappresentano il grado di credibilità dei valori θ per diversi set di dati. In ogni pannello, le credibilità (curva tratteggiata) calcolate in base alle informazioni fornite dai lanci $1, \dots, k$ vengono aggiornate a seguito dell'informazione fornita dal lancio $k + 1$. I nuovi valori di credibilità di θ sono rappresentati dalla curva solida.	135
12.2 Funzione di verosimiglianza nel caso in cui l'esito acqua sia stato osservato 6 volte in 9 lanci del mappamondo.	138
13.1 Esempi di distribuzioni a priori per il parametro θ_c nel Modello Binomiale.	154
15.1 Aggiornamento bayesiano per Maria, Anna e Sara.	172
15.2 Sulle colonne (a partire da sinistra) i dati utilizzati sono, rispettivamente, $(y = 6, n = 13)$, $(y = 29, n = 63)$ e $(y = 66, n = 99)$. Sulle righe (a partire dall'alto), le distribuzioni a priori usate sono: Beta(14, 1), Beta(5, 11) e Beta(1, 1).	174
16.1 Distribuzione a posteriori discretizzata ottenuta con il metodo grid-based per $y = 9$ successi in 10 prove Bernoulliane, con distribuzione a priori Beta(2, 2). È stata utilizzata una griglia di solo $n = 6$ punti.	181
16.2 Campionamento dalla distribuzione a posteriori discretizzata ottenuta con il metodo grid-based per $y = 9$ successi in 10 prove Bernoulliane, con distribuzione a priori Beta(2, 2). È stata utilizzata una griglia di solo $n = 6$ punti.	182
16.3 Distribuzione a posteriori discretizzata ottenuta con il metodo grid-based per $y = 9$ successi in 10 prove Bernoulliane, con distribuzione a priori Beta(2, 2). È stata utilizzata una griglia di $n = 100$ punti.	183
16.4 Campionamento dalla distribuzione a posteriori discretizzata ottenuta con il metodo grid-based per $y = 9$ successi in 10 prove Bernoulliane, con distribuzione a priori Beta(2, 2). È stata utilizzata una griglia di $n = 100$ punti. All'istogramma è stata sovrapposta la corretta distribuzione a posteriori, ovvero la densità Beta(11, 3).	184
16.5 Convergenza delle simulazioni Monte Carlo.	187
16.6 Frequenze relative degli stati da 1 a 6 in funzione del numero di iterazioni per la simulazione di una catena di Markov.	191
16.7 Distribuzione di massa di probabilità per una variabile casuale avente valori 1, 2, ..., 8.	193
16.8 L'istogramma confronta i valori prodotti dall'algoritmo di Metropolis con i corretti valori della distribuzione di massa di probabilità.	195

16.9 Sinistra. Stima della distribuzione a posteriori della probabilità di una aspettativa futura distorta negativamente per i dati di Zetsche et al. (2019). Destra. Trace plot dei valori della catena di Markov escludendo il periodo di burn-in.	200
17.1 Trace-plot per il parametro θ nel modello Beta-Binomiale.	210
17.2 Istogramma che illustra l'approssimazione della distribuzione a posteriori per il parametro θ nel modello Beta-Binomiale.	211
17.3 Istogramma che illustra l'approssimazione della distribuzione a posteriori per il parametro θ nel modello Beta-Binomiale. La curva nera rappresenta la corretta distribuzione a posteriori Beta(16, 4).	212
18.1 Trace plot per il modello Beta-Binomiale dei dati di Gautret et al.(2020).	218
18.2 Trace plots (a sinistra) e corrispondenti grafici di densità (a destra) di due ipotetiche catene di Markov. Queste figure forniscono due esempi di come potrebbero apparire delle catene di Markov non stazionarie. Le linee nere sovrapposte alle densità empiriche (a destra) rappresentano una ipotetica distribuzione target Beta(11,3).	219
18.3 Trace plot (a sinistra) e correlogramma (a destra) di una catena di Markow in cui il mixing è lento – figura riprodotta da @Johnson2022bayesrules.	223
22.1 La funzione lineare $y = a + bx$	272
26.1 Il fattore colonna è indicato dal colore. **Sinistra** La figura mostra un effetto principale del fattore riga e un effetto principale del fattore colonna. Non c'è interazione tra i fattori riga e colonna. **Destra** La figura mostra un effetto principale del fattore riga. L'effetto principale del fattore colonna è zero. Non c'è interazione tra i fattori riga e colonna.	308
26.2 Il fattore colonna è indicato dal colore. **Sinistra** La figura mostra che l'effetto principale del fattore riga è zero, mentre c'è un effetto principale del fattore colonna. Non c'è interazione tra i fattori riga e colonna. **Destra** Non c'è né un effetto principale del fattore riga, né un effetto principale del fattore colonna, né un'interazione tra i fattori riga e colonna.	308
26.3 Il fattore colonna è indicato dal colore. Entrambe le figure mostrano un'interazione tra i fattori riga e colonna. Nella figura di sinistra gli effetti principali non sono interpretabili; nella figura di destra gli effetti principali sono interpretabili in quanto l'interazione è di lieve entità.	309
C.1 In tutte le figure S è la regione delimitata dal rettangolo, L è la regione all'interno del cerchio di sinistra e R è la regione all'interno del cerchio di destra. La regione evidenziata mostra l'insieme indicato sotto ciascuna figura.	359
C.2 Dimostrazione delle leggi di DeMorgan.	359
H.1 Rappresentazione grafica della distribuzione a priori per il parametro $heta$, ovvero la probabilità di aspettative future distorte negativamente.	379

H.2 Rappresentazione della funzione di verosimiglianza per il parametro θ , ovvero la probabilità di aspettative future distorte negativamente.	381
H.3 Rappresentazione della distribuzione a posteriori per il parametro θ , ovvero la probabilità di aspettative future distorte negativamente.	383
H.4 Rappresentazione di una funzione a priori informativa per il parametro θ .	384
H.5 Rappresentazione della funzione a posteriori per il parametro θ calcolata utilizzando una distribuzione a priori informativa.	386
M.1 La console di RStudio.	407
M.2 Esempio di immagine inserita in un documento R-markdown.	450

Abstract This document contains the material of the lessons of Psicometria B000286 (2021/2022) aimed at students of the first year of the Degree Course in Psychological Sciences and Techniques of the University of Florence, Italy.

Keywords Data science, Bayesian statistics.