

Testing Psicologico

Lezione 3

Filippo Gambarota

@Università di Padova

21/11/2022

Probabilità

Le distribuzioni di probabilità in R

Ci sono tantissime distribuzioni implementate in R, e molte altre caricando specifici pacchetti. `t`, `norm`, `gamma`, `beta`, `poisson`, `exp`, `chisq`, `binom`, ...

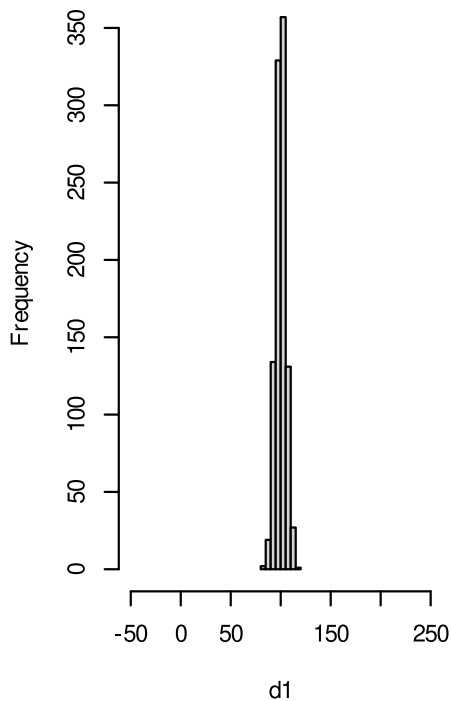
Tutte queste distribuzioni possono essere combinate con 4 funzioni: `r`, `q`, `d` e `p`:

- `rnorm`: genera numeri da una distribuzione normale (molto utile per simulare dati)
- `dnorm`: calcola la densità di probabilità
- `pnorm`: calcola la probabilità cumulata dato un quantile
- `qnorm`: calcola il quantile data la probabilità cumulata

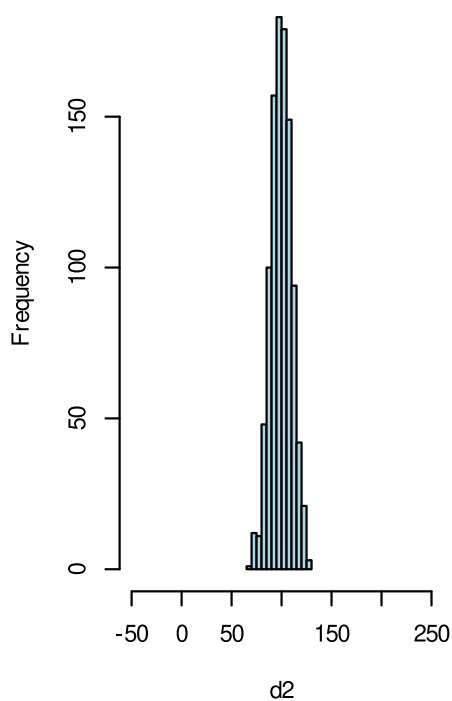
Distribuzione Normale - `rnorm`

```
par(mfrow = c(1,3))
d1 <- rnorm(n = 1000, mean = 100, sd = 5)
d2 <- rnorm(n = 1000, mean = 100, sd = 10)
d3 <- rnorm(n = 1000, mean = 100, sd = 50)
hist(d1, xlim = c(100-3*50, 100+3*50))
hist(d2, col = "lightblue", xlim = c(100-3*50, 100+3*50))
hist(d3, col = "salmon", xlim = c(100-3*50, 100+3*50))
```

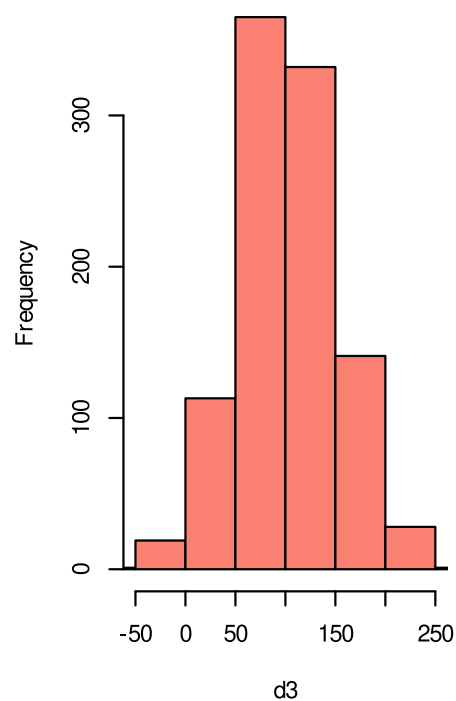
Histogram of d1



Histogram of d2

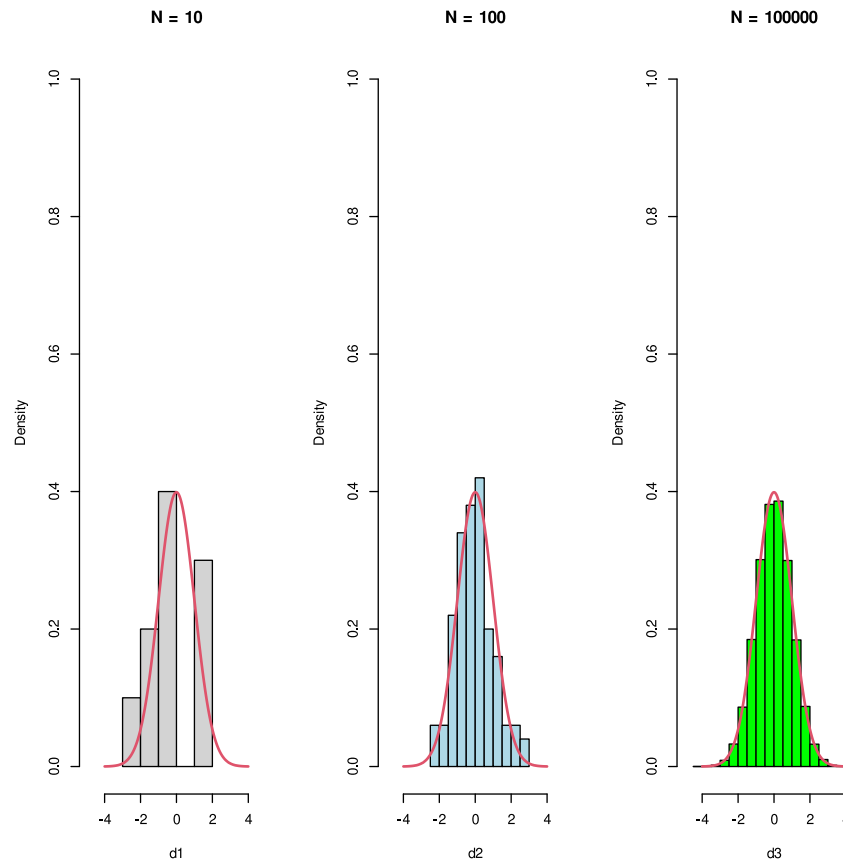


Histogram of d3



Distribuzione Normale - `rnorm`

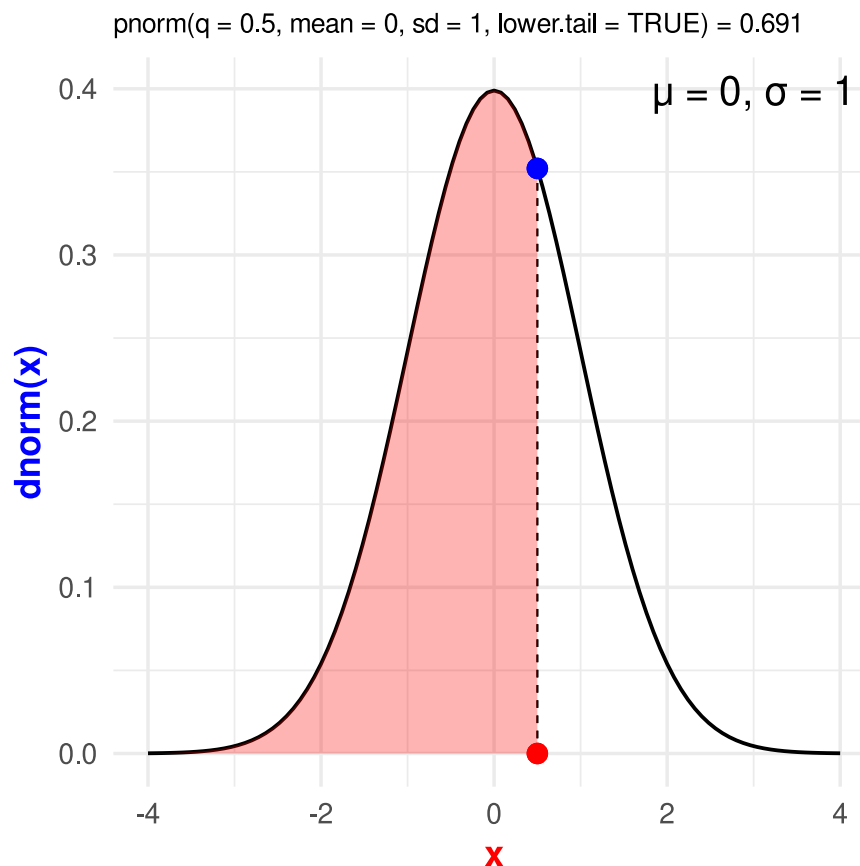
Il parametro critico di `rnorm` è la numerosità. Più osservazioni generiamo più la nostra distribuzione è precisa.



Distribuzione Normale - `pnorm`

Usiamo una la funzione `ggnorm` per rappresentare `pnorm()`

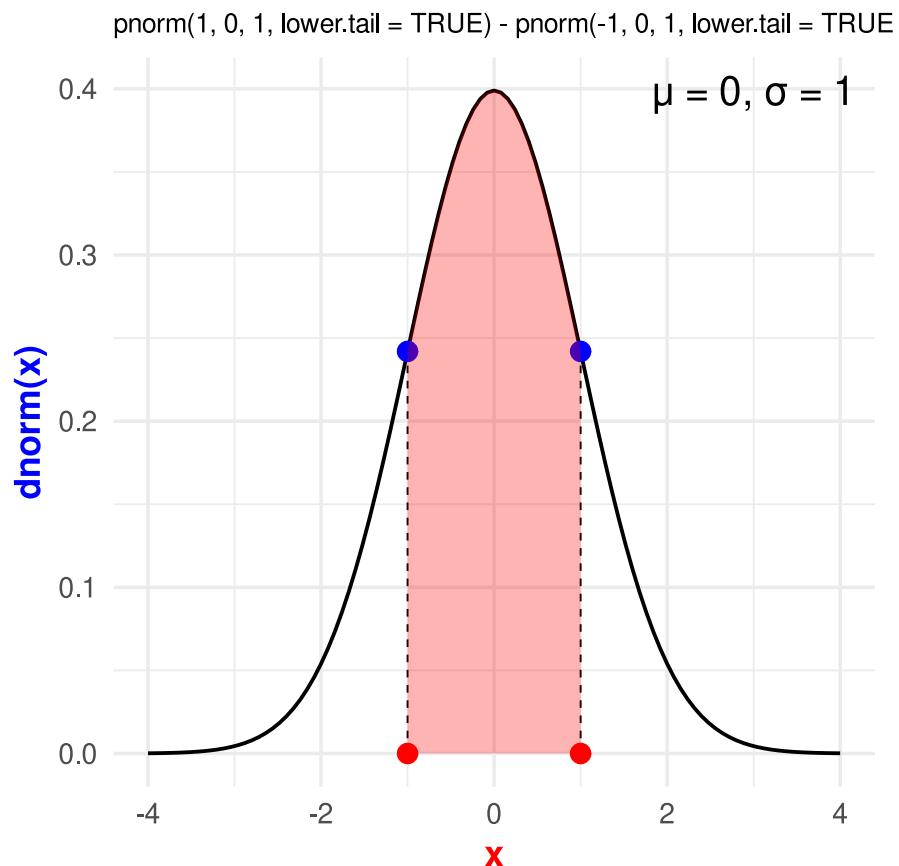
```
ggnorm(q = 0.5, mean = 0, sd = 1, lower.tail = TRUE) # pnorm(0.5, 0, 1, TRUE)
```



Distribuzione Normale - `pnorm`

Possiamo anche avere un'area delimitata da 2 quantili

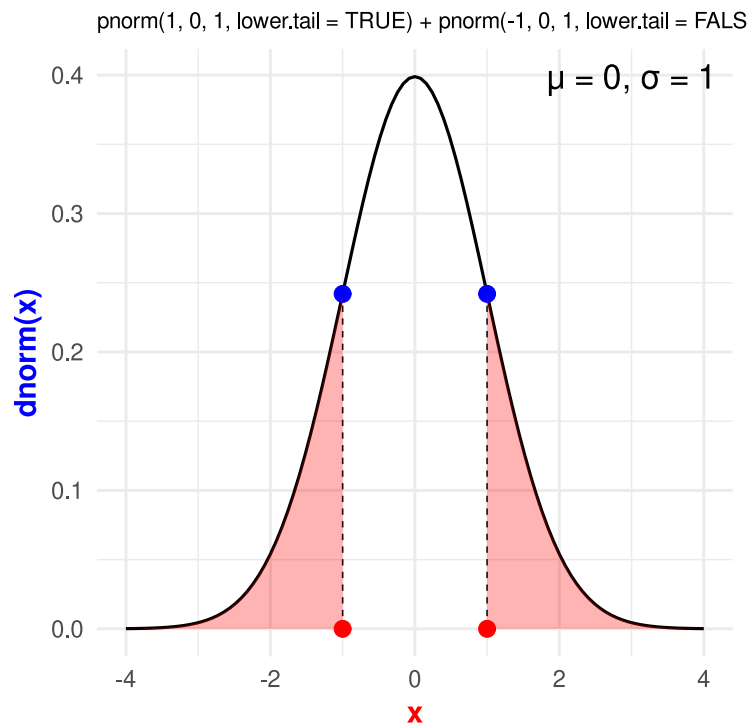
```
ggnorm(q = c(-1, 1), mean = 0, sd = 1, within = TRUE) # pnorm(1, 0, 1) - pnorm(-1, 0, 1)
```



Distribuzione Normale - `pnorm`

Possiamo anche rappresentare il complementare

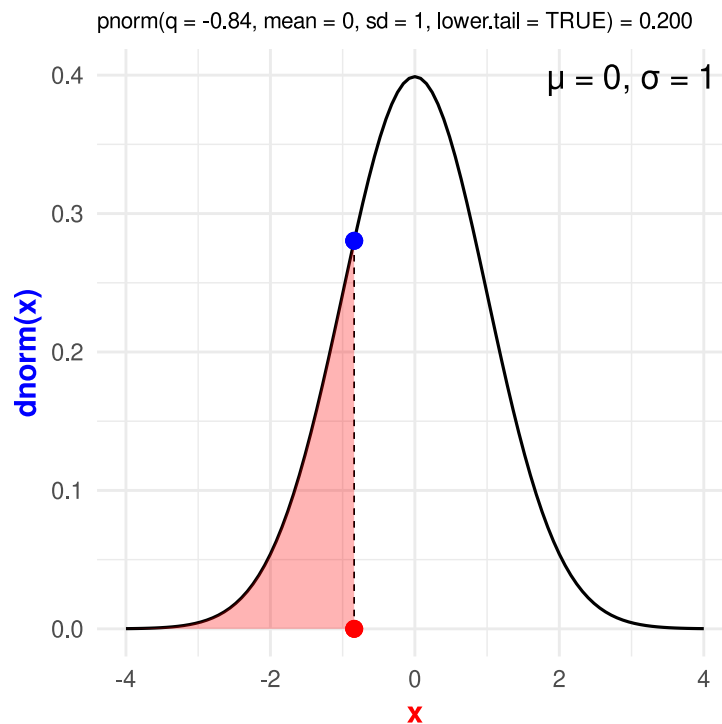
```
ggnorm(q = c(-1, 1), mean = 0, sd = 1, within = FALSE) # pnorm(-1, 0, 1, lower.tail = TRUE) + pnorm(1, 0,
```



Distribuzione Normale - `qnorm`

`qnorm` è l'operazione complementare di `pnorm`. Se vogliamo sapere il quantile associato ad una certa probabilità cumulata p facciamo `qnorm(p, mean, sd)`

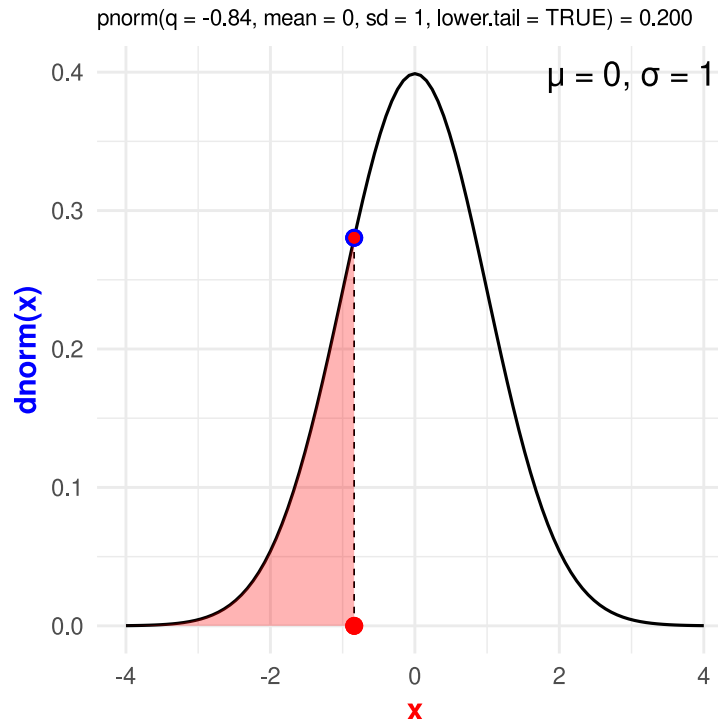
```
cumprob <- 0.2 # da -Inf a q  
q <- round(qnorm(cumprob, 0, 1), 2)  
ggnorm(q = q, mean = 0, sd = 1)
```



Distribuzione Normale - `dnorm`

Con `dnorm` calcoliamo la densità di probabilità di un quantile. In termini pratici corrisponde all'asse y dei nostri grafici:

```
ggnorm(q = q, mean = 0, sd = 1) +  
  geom_point(x = q,  
    y = dnorm(q, 0, 1),  
    size = 3,  
    col = "red")
```



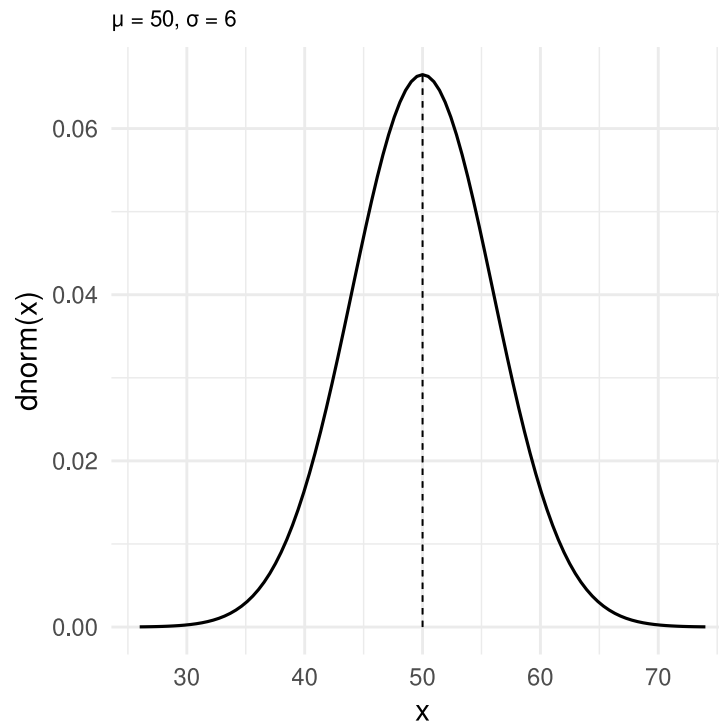
Esercizi

Esercizi

Supponiamo che il punteggio X di un test sull'ansia segua una distribuzione normale con:

- media $\mu = 50$
- deviazione standard $\sigma = 6$

```
ggnorm(mean = 50, sd = 6)
```



Esercizi

Calcolare la probabilità che un soggetto scelto a caso abbia un punteggio:

1. inferiore a 45
2. superiore a 60
3. compreso tra 55 e 65
4. inferiore alla media meno una deviazione standard
5. superiore alla media più una deviazione standard
6. superiore alla media più 4 deviazioni standard

Soluzioni

```
mu <- 50  
sigma <- 6
```

```
pnorm(45, mu, sigma)
```

```
## [1] 0.2023284
```

```
1 - pnorm(45, mu, sigma) # pnorm(45, mu, sigma, lower.tail = FALSE)
```

```
## [1] 0.7976716
```

```
pnorm(65, mean=mu, sd=sigma) - pnorm(55, mean=mu, sd=sigma)
```

```
## [1] 0.1961187
```

```
pnorm(mu - sigma, mean=mu, sd=sigma)
```

```
## [1] 0.1586553
```

```
1 - pnorm(mu + sigma, mean=mu, sd=sigma)
```

```
## [1] 0.1586553
```

Esercizi

Calcolare la probabilità che un soggetto scelto a caso abbia un punteggio che non si discosta dalla media più di

1. una deviazione standard
2. 2 deviazioni standard
3. 3 deviazioni standard

Calcolare

1. il 95-esimo percentile della distribuzione dei punteggi
2. il rango percentile associato a un soggetto che ha ottenuto un punteggio di 43

Soluzioni

```
a <- mu - sigma  
b <- mu + sigma  
pnorm(b, mean=mu, sd=sigma) - pnorm(a, mean=mu, sd=sigma)
```

```
## [1] 0.6826895
```

```
a <- mu - 2*sigma  
b <- mu + 2*sigma  
pnorm(b, mean=mu, sd=sigma) - pnorm(a, mean=mu, sd=sigma)
```

```
## [1] 0.9544997
```

```
a <- mu - 3*sigma  
b <- mu + 3*sigma  
pnorm(b, mean=mu, sd=sigma) - pnorm(a, mean=mu, sd=sigma)
```

```
## [1] 0.9973002
```


Soluzioni

```
x <- qnorm(0.95, mean=mu, sd=sigma)
x
```

```
## [1] 59.86912
```

```
pnorm(x, mean=mu, sd=sigma)
```

```
## [1] 0.95
```

```
p <- pnorm(43, mean=mu, sd=sigma)
round(p * 100,1)
```

```
## [1] 12.2
```

```
qnorm(p, mean=mu, sd=sigma)
```

```
## [1] 43
```

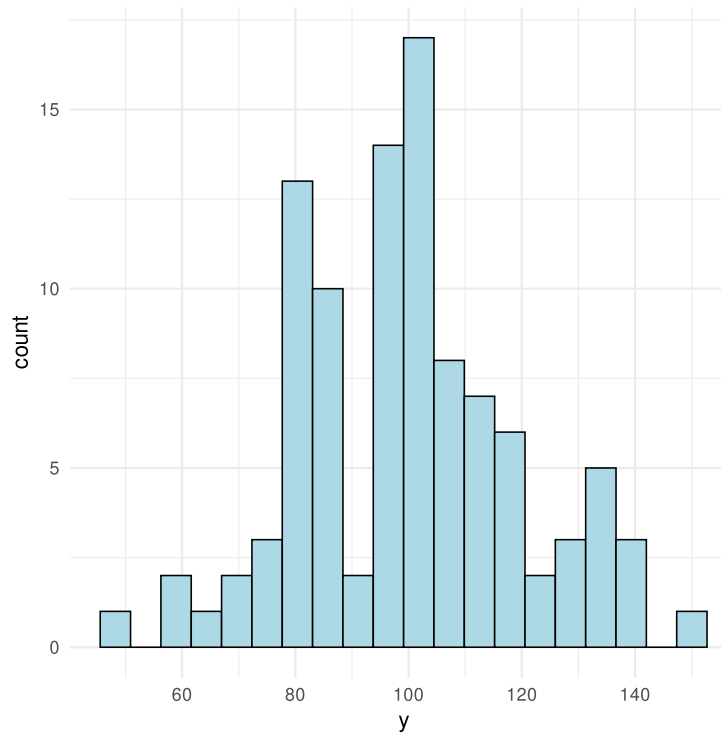
Punti Z

Punti Z

I punti Z si calcolano $z_i = \frac{x_i - \mu}{\sigma}$. Vediamo passo per passo: generiamo dei dati da una distribuzione normale con media $\mu = 100$ e deviazione standard $\sigma = 20$:

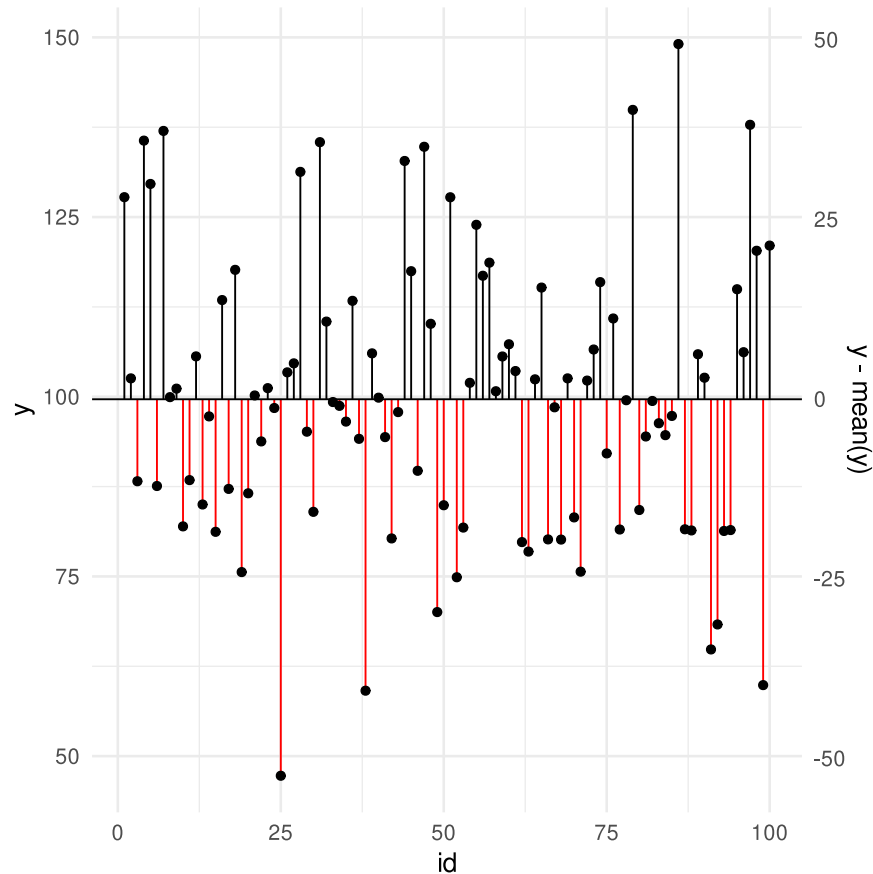
```
dat <- data.frame(y = rnorm(100, 100, 20))
```

```
ggplot(dat, aes(x = y)) +  
  geom_histogram(bins = 20, color = "black", fill = "lightblue") +  
  theme_minimal(base_size = 15)
```



Punti Z

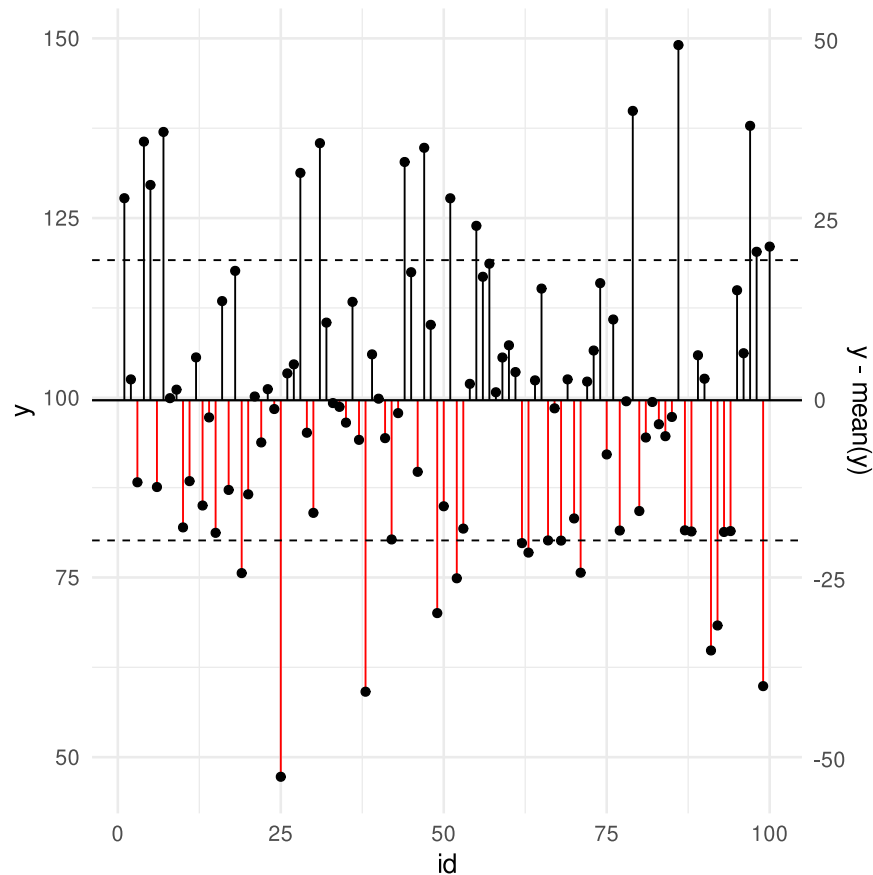
Prima sottraiamo la media da ogni valore $x_{cen} = x_i - \mu$. Se un valore è vicino alla media avrà un punteggio vicino a 0:



Punti Z

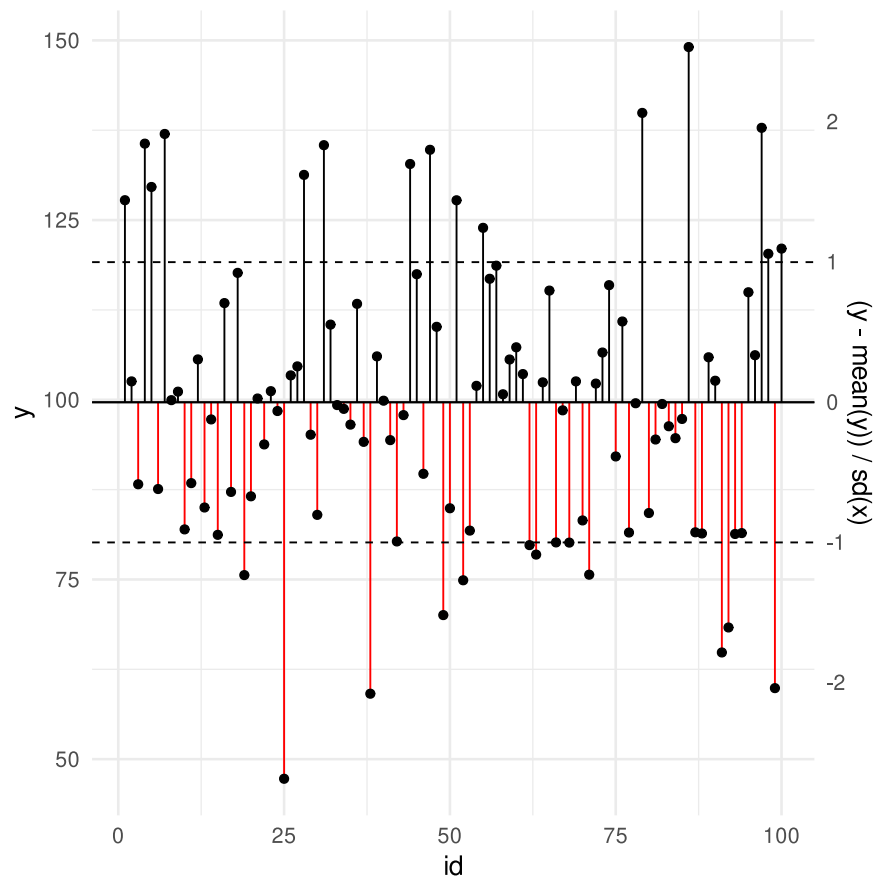
Poi calcoliamo e rappresentiamo la deviazione standard che è

$$\sigma = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^N (x_i - \mu_x)^2}{N}} \text{ (la radice quadrata della media degli scarti al quadrato):}$$



Punti Z

Infine dividiamo ogni scarto dalla media per la deviazione standard $z_i = \frac{x_i - \mu}{\sigma}$. In questo modo uno scarto che è vicino alla deviazione standard prenderà il valore ~ 1 e così rapportato a tutte le distanze:



Punti Z

Trasformare dei dati grezzi in punti z è un modo molto utile per interpretarli:

```
mu <- 10
sigma <- 4
n <- 10

datz <- data.frame(
  id = 1:n,
  y = rnorm(n, mu, sigma)
)

datz
```

```
##      id      y
## 1    1 13.840880
## 2    2 10.693495
## 3    3  6.606158
## 4    4 12.219813
## 5    5 11.362966
## 6    6  6.487426
## 7    7 10.798230
## 8    8  9.932184
## 9    9  7.620207
## 10 10 18.855979
```

Punti Z

Calcoliamo i punti z rispetto ai valori normativi con $z_i = \frac{x_i - \mu}{\sigma}$:

```
datz$yz <- (datz$y - mu)/sigma  
datz$yz
```

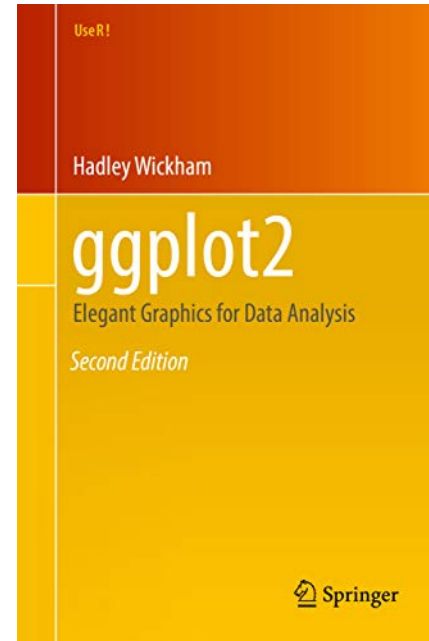
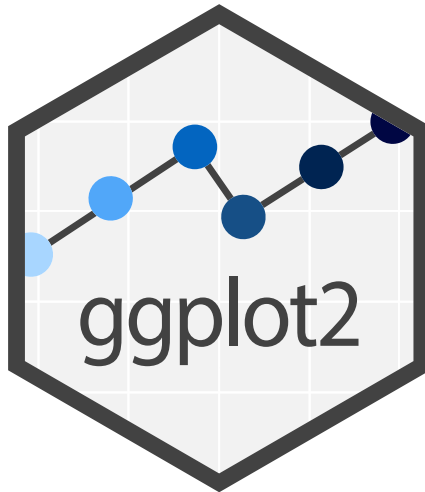
```
## [1]  0.96021989  0.17337387 -0.84846055  0.55495335  
## [5]  0.34074151 -0.87814344  0.19955751 -0.01695411  
## [9] -0.59494823  2.21399485
```

Come li interpretiamo?

ggplot2

ggplot2

ggplot2 è un pacchetto per creare grafici alternativo ai grafici di base estremamente potente (e divertente 😊)

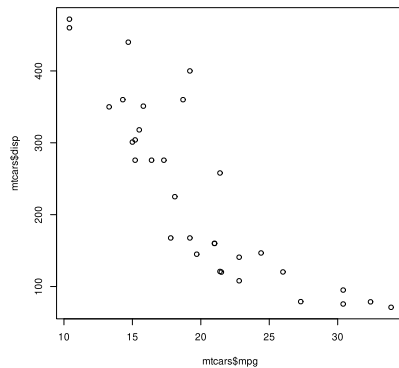


ggplot2

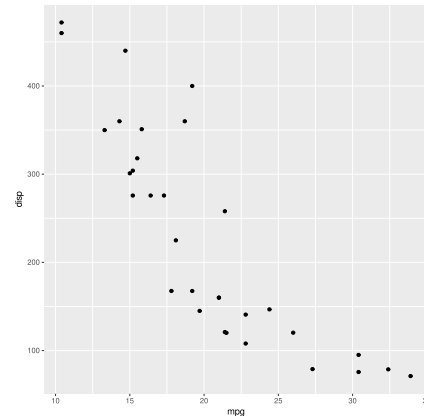
```
# install.packages("ggplot2")  
library(ggplot2)
```

La logica è leggermente diversa rispetto ai grafici di base. Con `ggplot` si compongono i grafici a *strati* concatenando con `+`

```
plot(mtcars$mpg, mtcars$disp)
```



```
ggplot(mtcars, aes(x = mpg, y = disp)) +  
  geom_point()
```



ggplot2

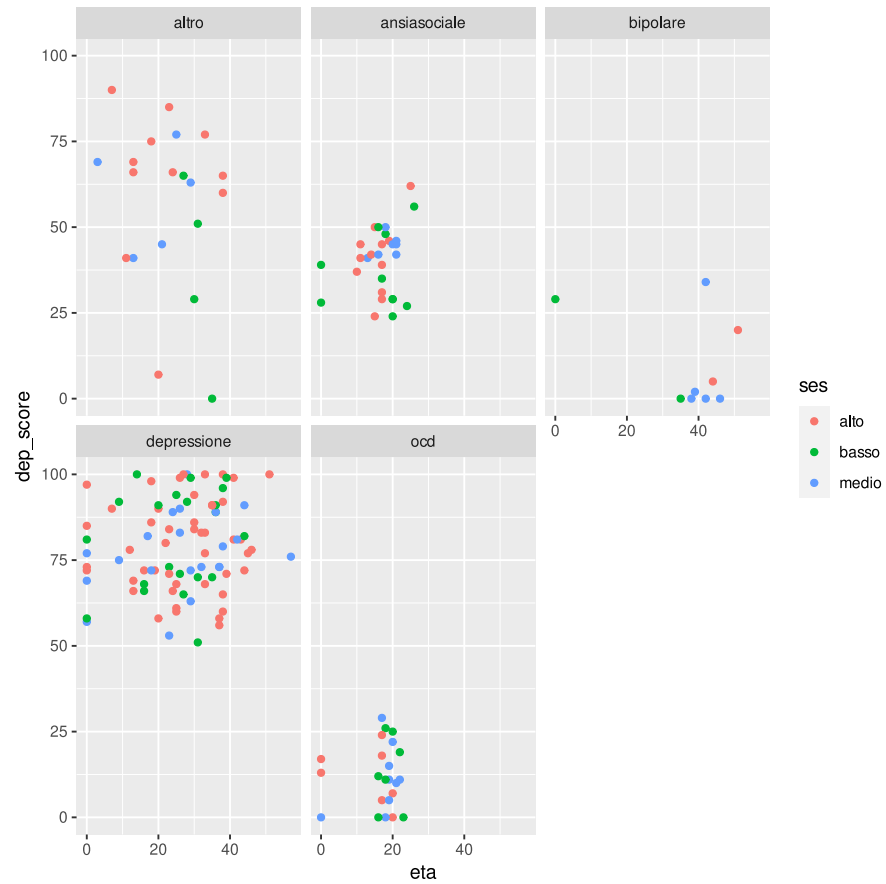
Ma la potenza di `ggplot` si vede nella semplicità nel creare grafici complessi. Prendiamo i dati della lezione precedente:

```
dat <- read.csv("../data/psych.csv", header = TRUE, sep = ";") # importare  
dat <- dat[complete.cases(dat), ]
```

Facciamo uno `scatterplot` della relazione tra `eta` e `depressione` per ogni `diagnosi` colorando in base al `ses`:

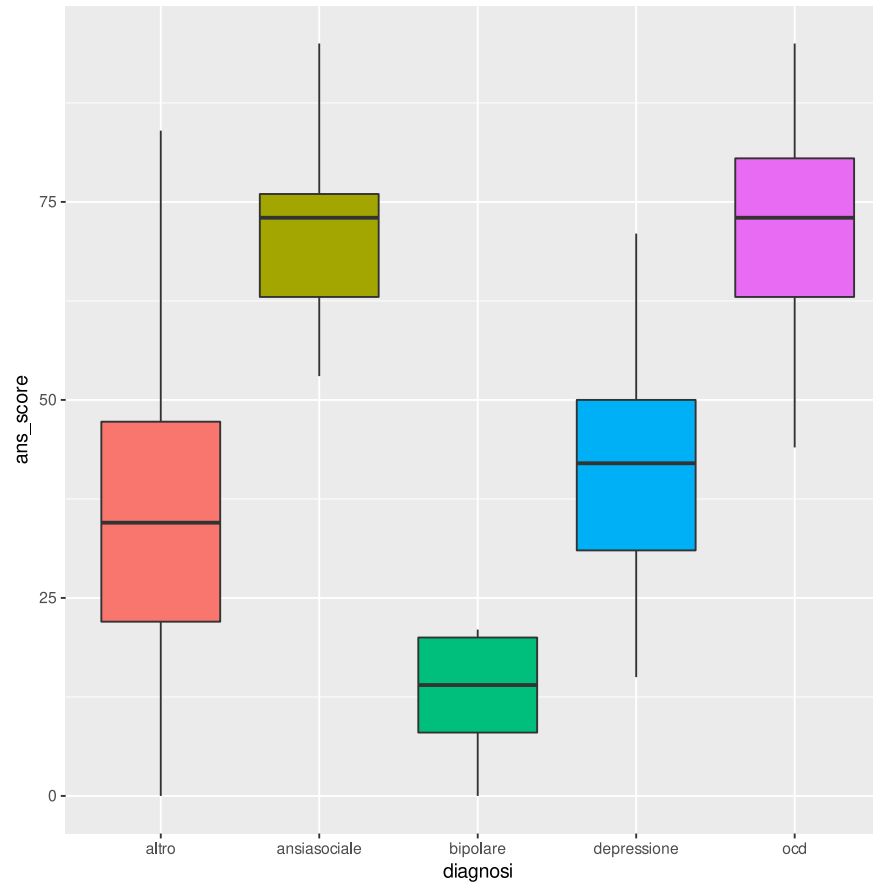
```
ggplot(dat, aes(x = eta, y = dep_score, color = ses)) +  
  geom_point() +  
  facet_wrap(~diagnosi)
```

ggplot2



ggplot2

```
ggplot(dat, aes(x = diagnosi, y = ans_score, fill = diagnosi)) +  
  geom_boxplot(show.legend = FALSE)
```



... ma molto altro! 😄

- <https://r-graph-gallery.com/ggplot2-package.html>
- <https://ggplot2-book.org/>
- <http://r-statistics.co/Complete-Ggplot2-Tutorial-Part1-With-R-Code.html>