Testing Psicologico

Lezione 3

Filippo Gambarota

@Università di Padova

21/11/2022

Probabilità

Le distribuzioni di probabilità in R

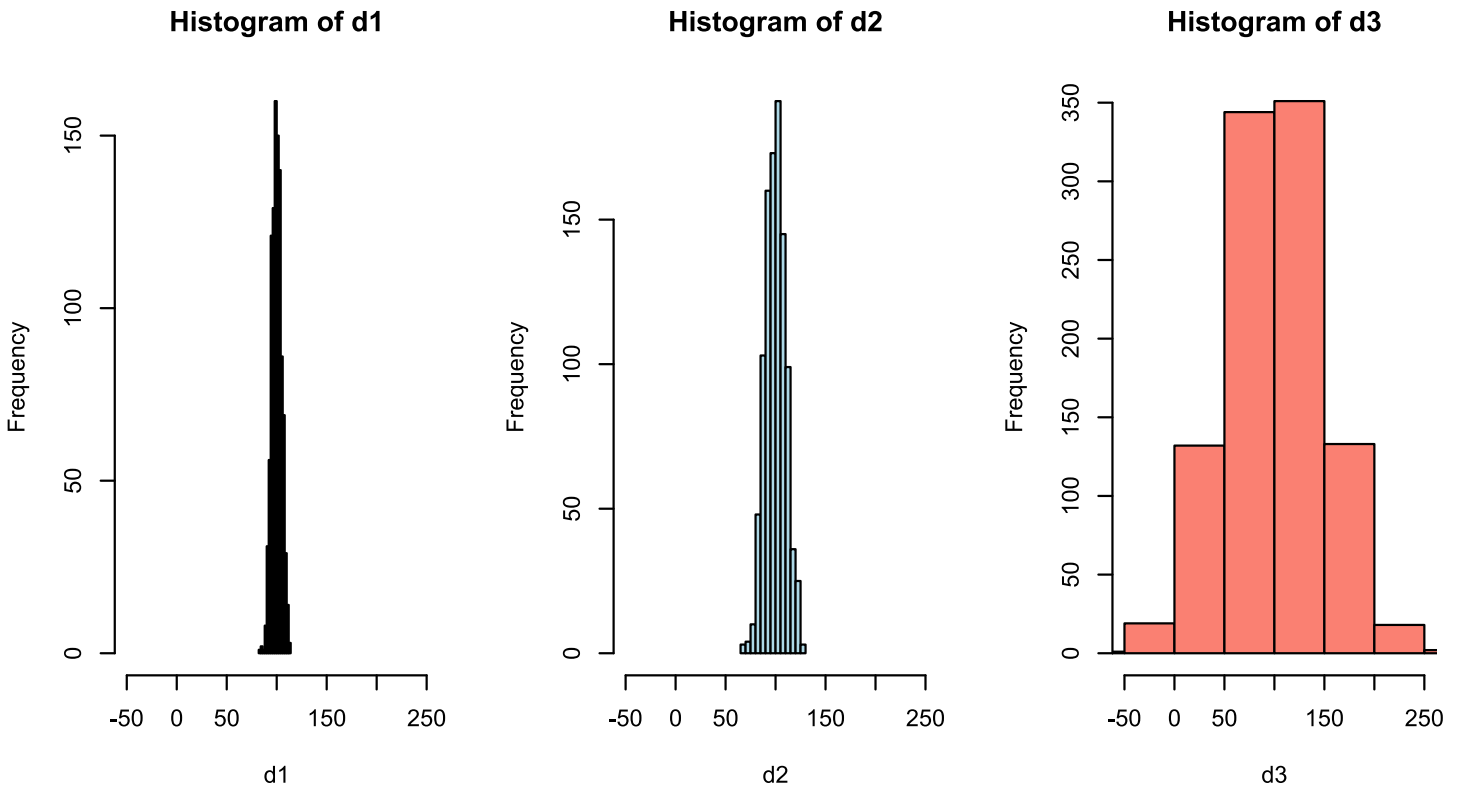
Ci sono tantissime distribuzioni implementate in R, e molte altre caricando specifici pacchetti. `t`, `norm`, `gamma`, `beta`, `poisson`, `exp`, `chisq`, `binom`, ...

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

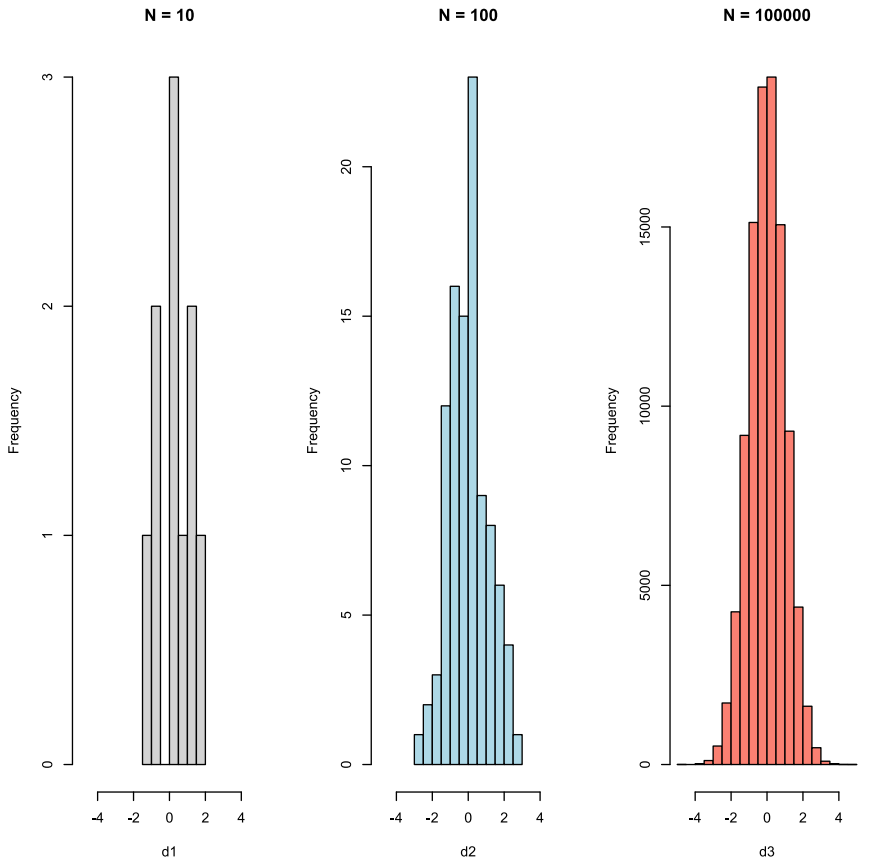
Distribuzione Normale - `rnorm`

```
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))
```



Distribuzione Normale - `rnorm`

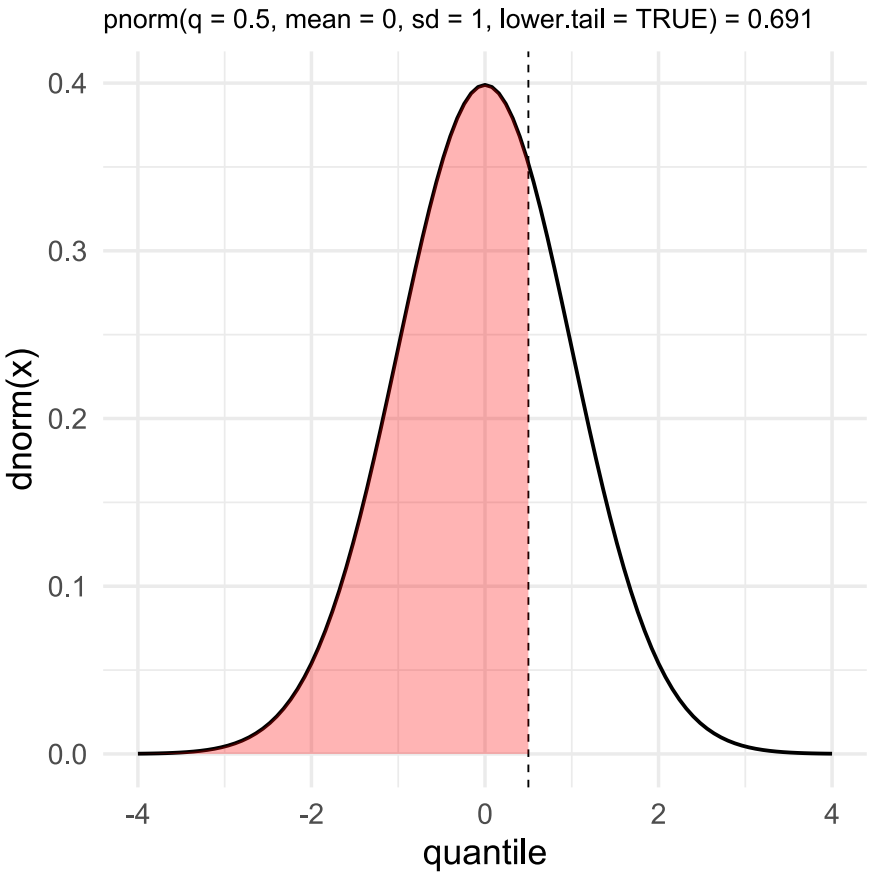
Il parametro critico di `rnorm` è la numerosità. Più osservazioni generiamo più la nostra distribuzione è precisa.



Distribuzione Normale - `pnorm`

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

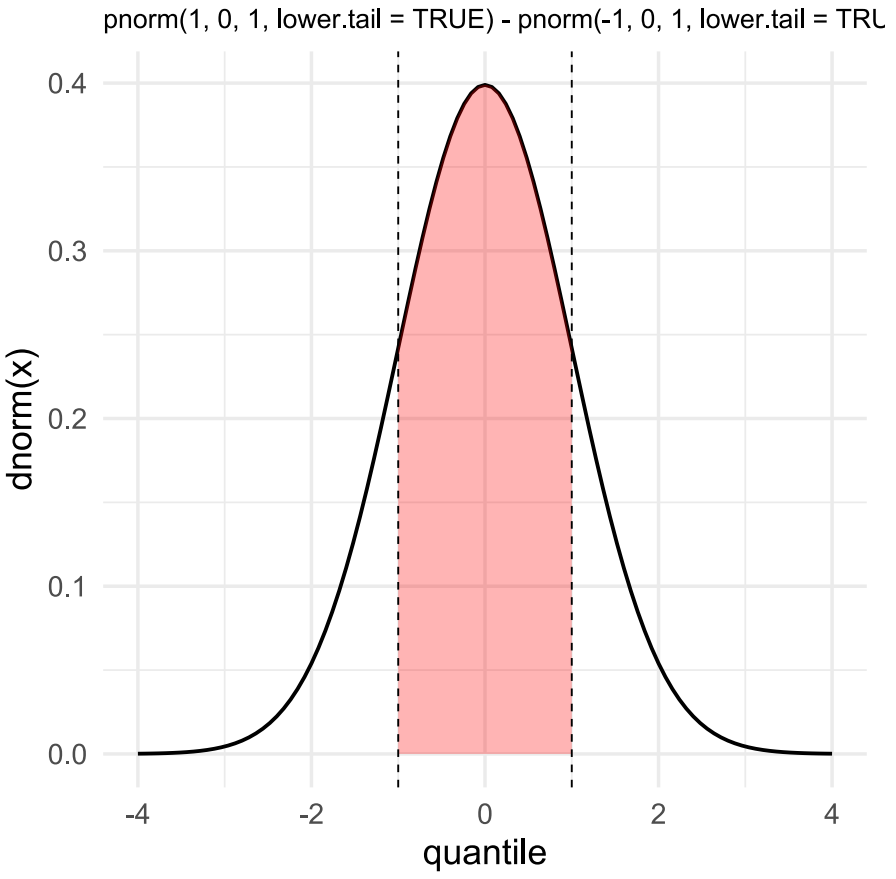
```
ggnorm(q = 0.5, mean = 0, sd = 1, lower.tail = TRUE) # pnorm(0.5, 0, 1, TRUE)
```



Distribuzione Normale - `pnorm`

Possiamo anche avere un'area delimitata da 2 quantili

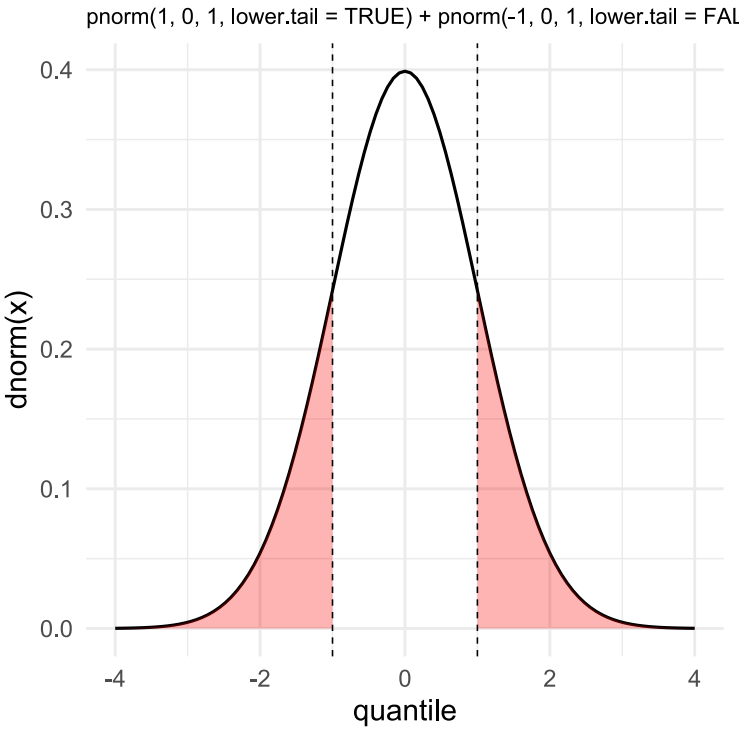
```
ggnorm(q = c(-1, 1), mean = 0, sd = 1) # pnorm(1, 0, 1) - pnorm(-1, 0, 1)
```



Distribuzione Normale - `pnorm`

Possiamo anche rappresentare il complementare

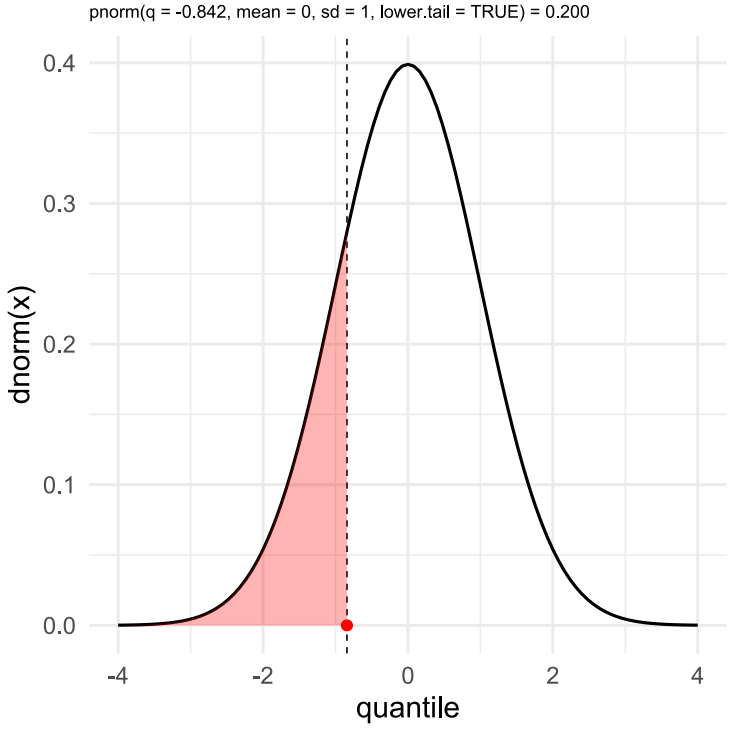
```
ggnorm(q = c(-1, 1), mean = 0, sd = 1, lower.tail = FALSE) # pnorm(-1, 0, 1, lower.tail = TRUE) + pnorm(1, 0, 1, lower.tail = FALSE)
```



Distribuzione Normale - `qnorm`

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

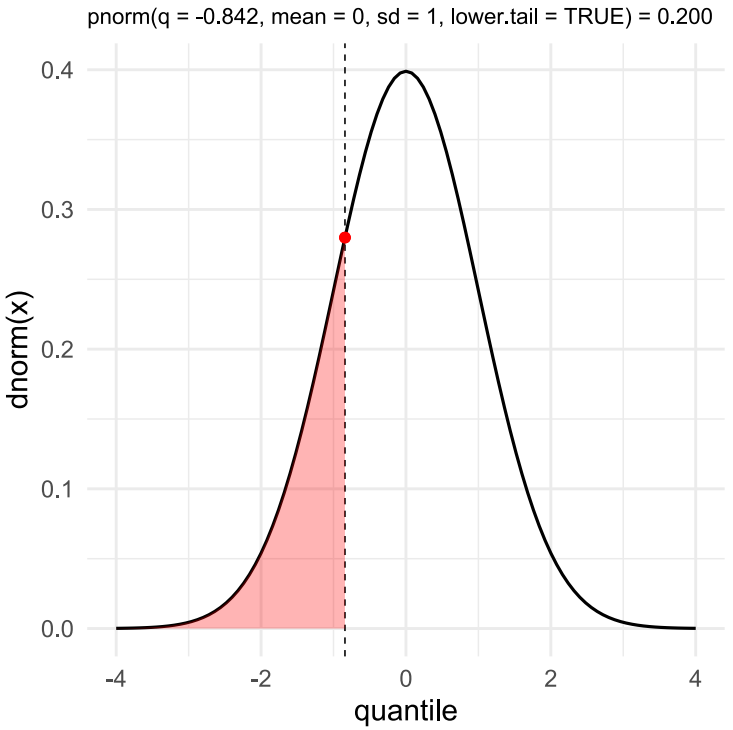
```
cumprob <- 0.2 # da -Inf a q
q <- round(qnorm(cumprob, 0, 1), 3)

ggnorm(q = q, mean = 0, sd = 1) +
  geom_point(x = q,
             y = 0,
             size = 3,
             color = "red") +
  theme(plot.title = element_text(size = 12))
```



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")
```



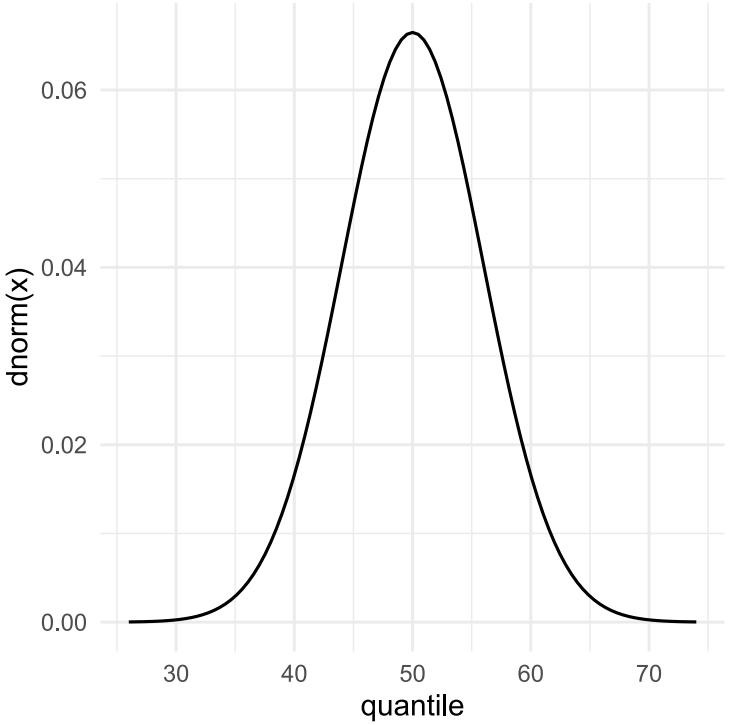
Esercizi 

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

```r
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
```

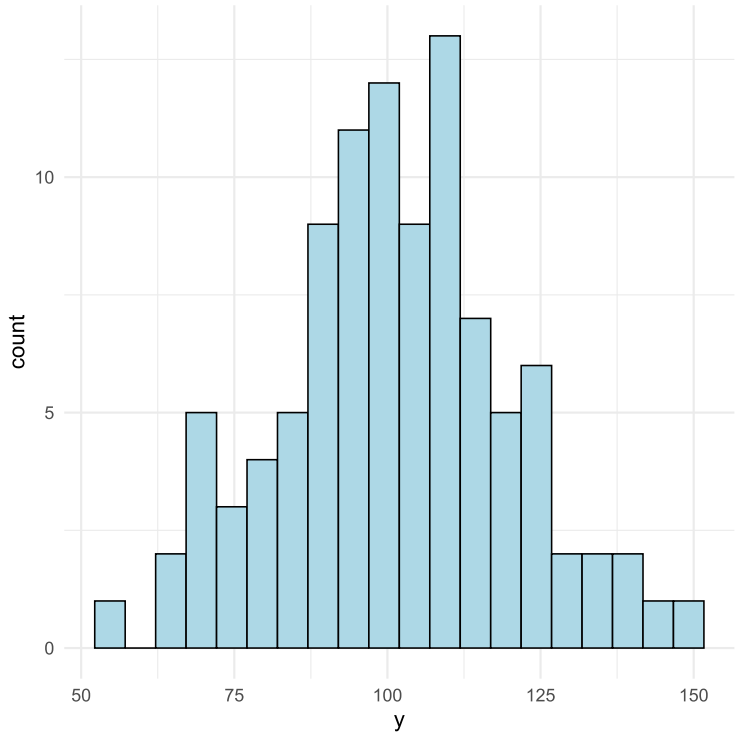
Punti Z

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 $\sigma = 20$:

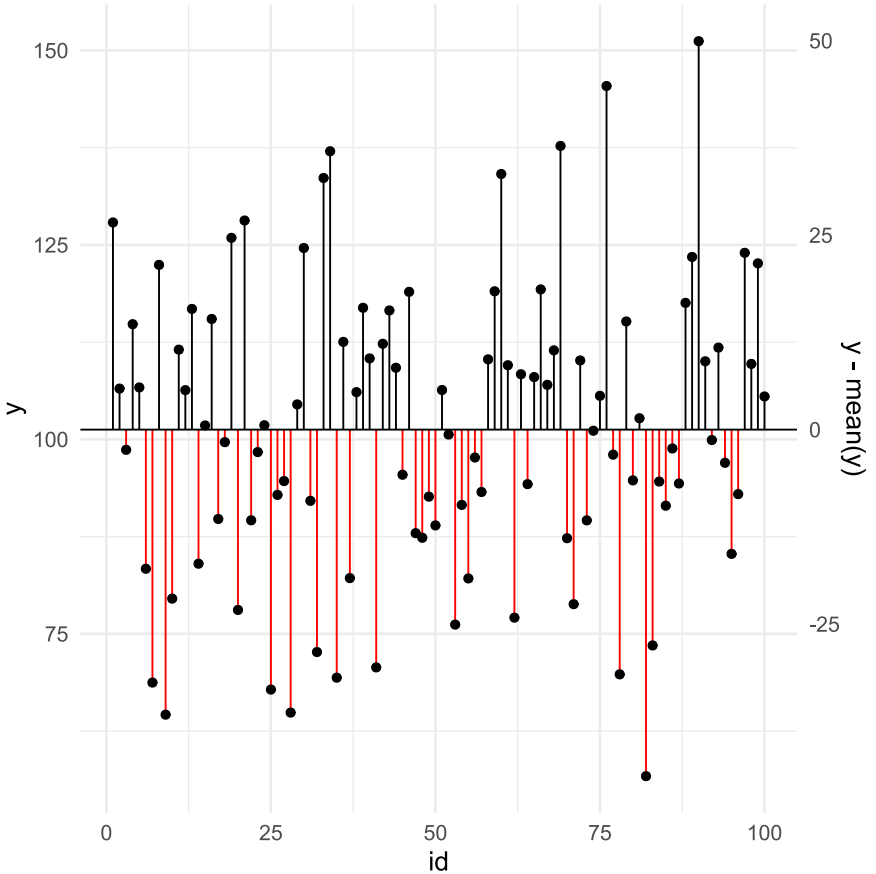
```
dat <- data.frame(y = rnorm(100, 100, 20))
```

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



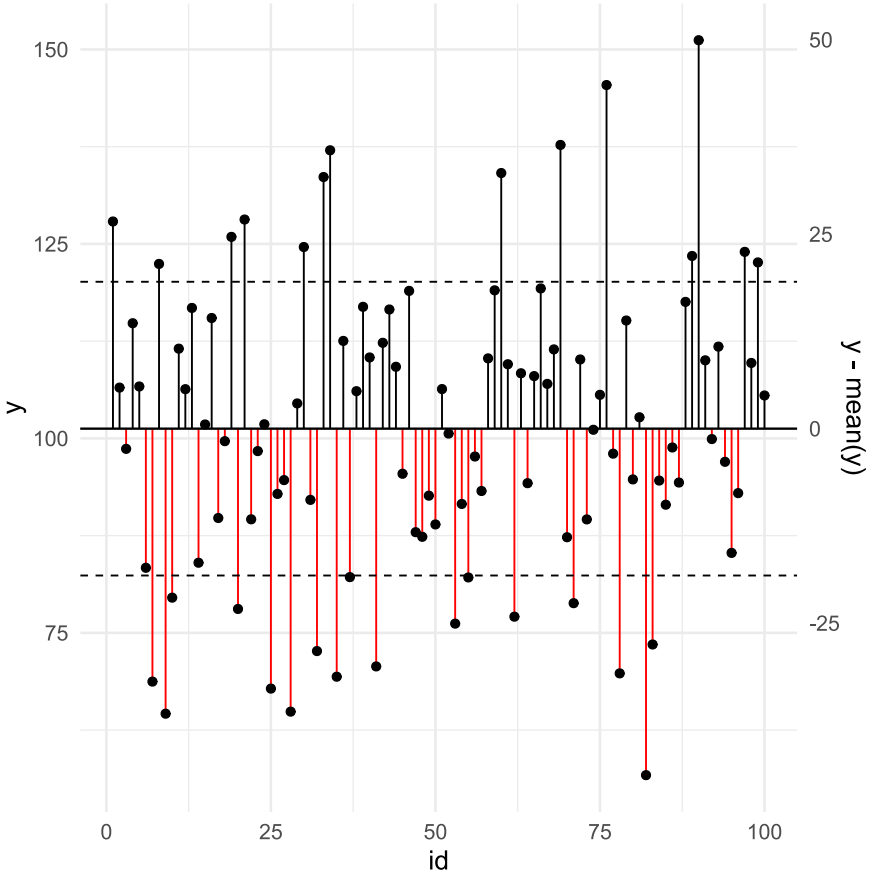
Punti Z

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:



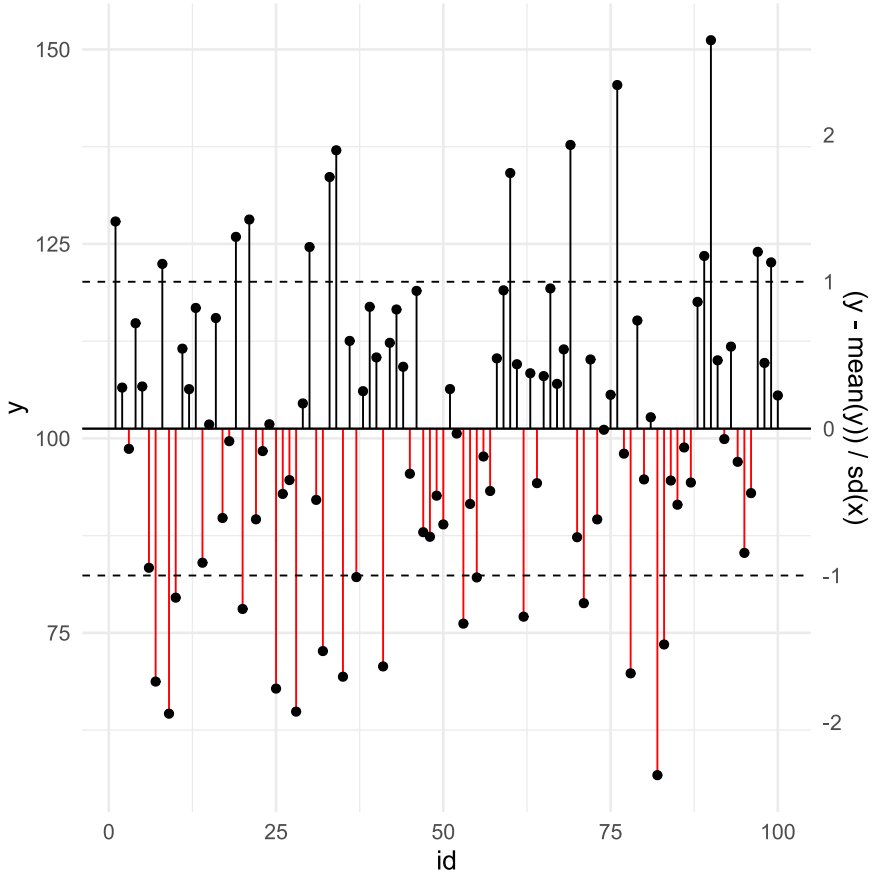
Punti Z

Poi calcoliamo e rappresentiamo la deviazione standard che è $\sigma = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^{N}(x_i - \mu_x)^2}{N}}$ (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  9.4289980
## 2   2  8.4562572
## 3   3 15.8339294
## 4   4  9.1959270
## 5   5 18.9922798
## 6   6  7.0944248
## 7   7  2.9285489
## 8   8 15.7825516
## 9   9 10.4567441
## 10 10  0.1251505
```

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
```

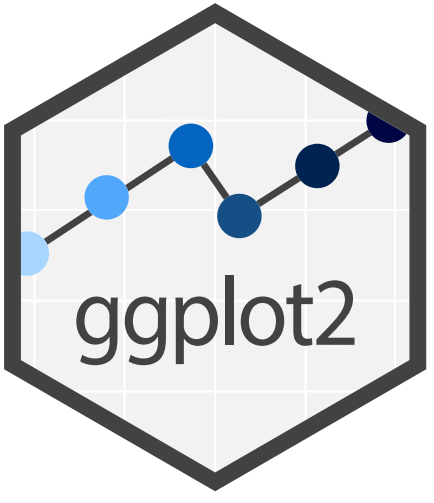
```
##  [1] -0.1427505 -0.3859357  1.4584824 -0.2010182  2.2480700 -0.7263938
##  [7] -1.7678628  1.4456379  0.1141860 -2.4687124
```

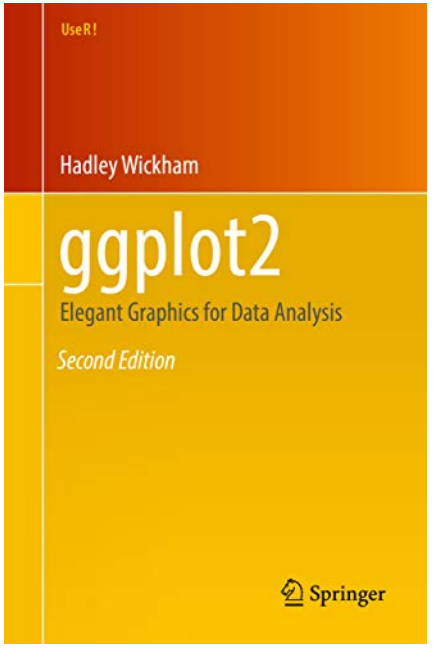
Come li interpretiamo?

ggplot2

ggplot2

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



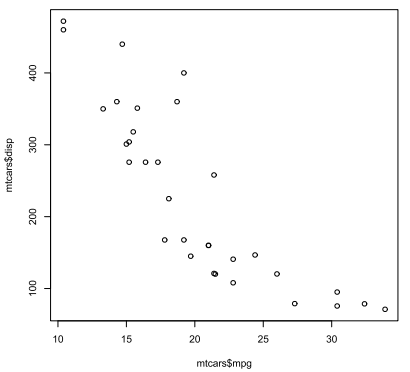


ggplot2

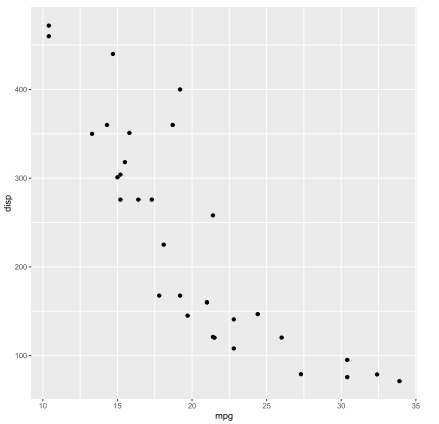
```
# install.package("ggplot2")
library(ggplot2)
```

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

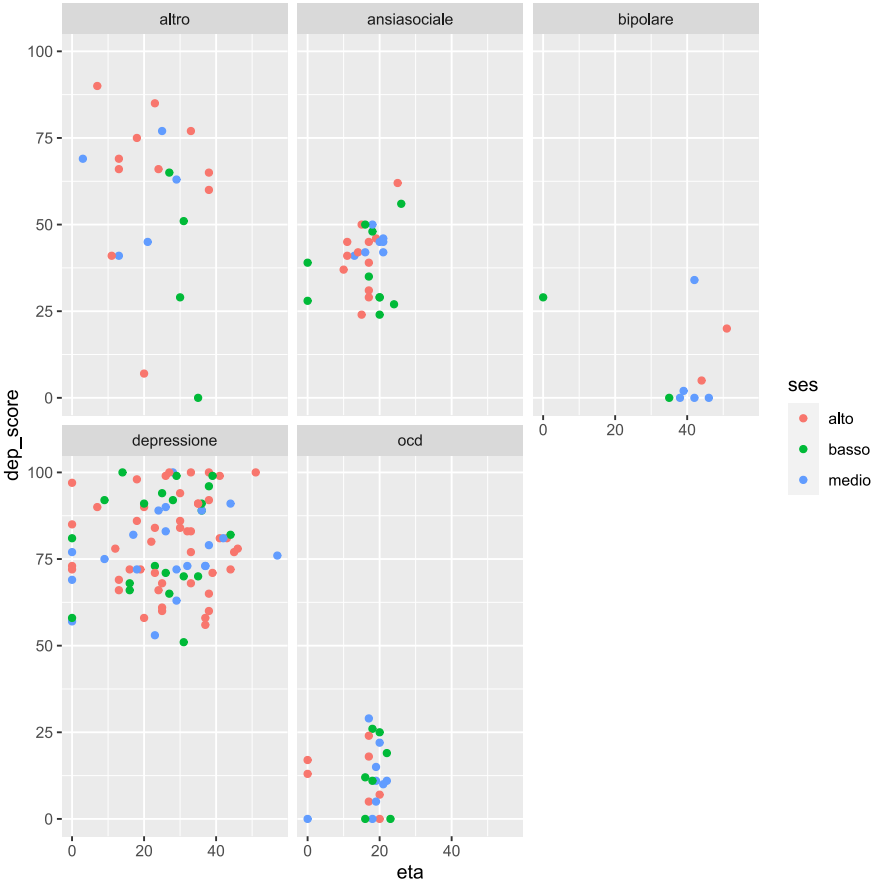
Ma la potenza di `ggplot` si vede nella semplicità nel creare grafici complessi. Prendiamo i dati della lezione precedente:

```
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`:

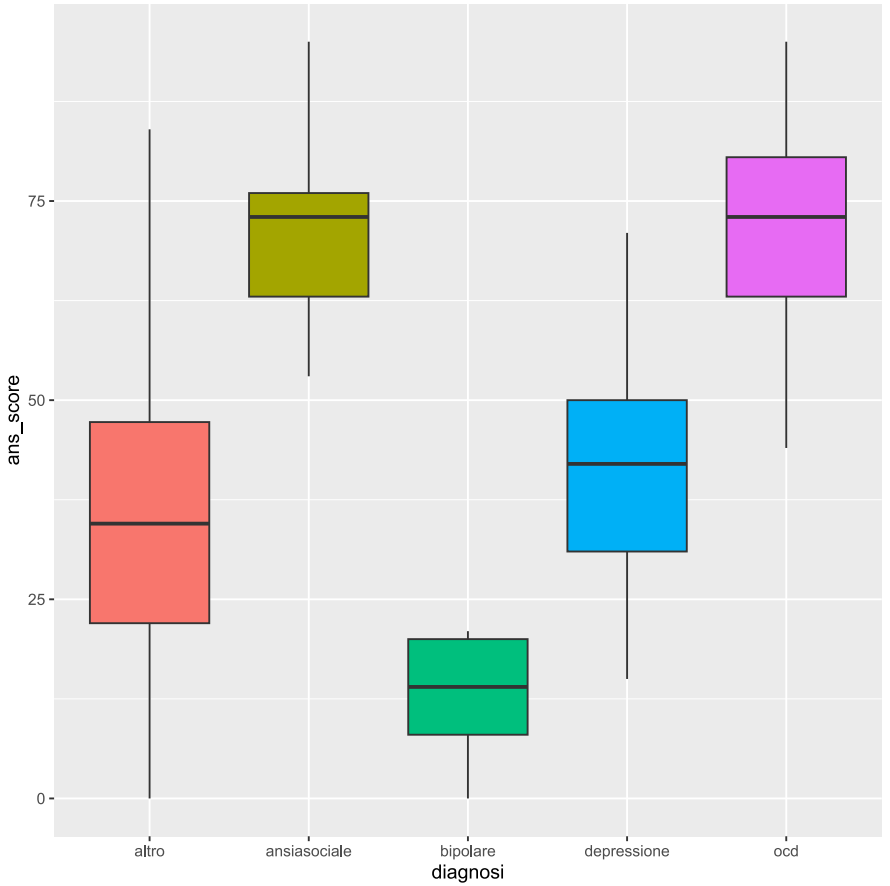
```
ggplot(dat, aes(x = eta, y = dep_score, color = ses)) +
  geom_point() +
  facet_wrap(~diagnosi)
```

ggplot2


altro
ansiasociale
bipolare
depressione
ocd
dep_score
eta
ses
alto
basso
medio
0
25
50
75
100
0
20
40

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