Introduzione a R e RStudio

Paolo Bosetti (paolo.bosetti@unitn.it)

11/23/2021

Contenuti del corso

Contenuti

1. L'ambiente RStudio, 0.5h *(RIntro.Rmd)*
2. Il linguaggio R e richiami di statistica, 1.5h *(RIntro.Rmd)*
3. Statistica base in R, 5h *(statistics.Rmd)*
4. Modelli di regressione lineare e lineare generalizzata, 3h *(reglin.Rmd)*
5. Serie temporali e modelli ARIMA, 4h *(ARIMA.Rmd)*
6. *Tidyverse*, 4h *(tidy.Rmd)*
7. Mappe e GIS, 3h *(maps.Rmd)*
- **TOTALE: 21 h**

Note

- Queste slide coprono solo la parte introduttiva ad R (2.–3.)
- Il resto è disponibile come notebook

Questa presentazione è realizzata in RStudio e sarà disponibile con il resto del materiale su github: https://github.com/pbosetti/tsm-stat.

Contenuti del corso

Link utili

- GNU-R: https://r-projct.org
- CRAN: https://cran.r-project.org
- RStudio: https://rstudio.com
- Tidyverse: https://tidyverse.org
- Cheat sheet: https://rstudio.com/resources/cheatsheets/
- Materiale corso: https://github.com/pbosetti/tsm-stat

L'ambiente RStudio

Ambiente

- Installazione: prima R, poi RStudio
- RStudio lavora su cartelle o (meglio) **progetti** (`.Rproj`)
- Un progetto contiene anche impostazioni specifiche e comuni ai file nella cartella
- Una **sessione** di RStudio può operare su un unico progetto
- Si possono aprire più sessioni contemporaneamente

Attività

- Editing di script `.R` e notebook `.Rmd`
- Esecuzione del codice e gestione dell'ambiente dati
- Plotting
- Gestione file di progetto
- Generazione di report (in LaTeX, HTML, RTF, ...)
- Tracciamento del codice (Git)
- Gestione delle librerie (estensioni di linguaggio)

Il linguaggio R

- R è un linguaggio ad alto livello, declarativo, interpretato, a sintassi C-like
- R è sia un linguaggio, sia un interprete
- R è un *dynamically typed language*
- R è nato come versione GNU open source di S, un linguaggio proprietario per analisi statistiche
- RStudio è una IDE proprietaria (ma free) per R

Assegnazioni

```
a <- 1
# ma anche
b = 2
# tuttavia si preferisce la notazione a freccia,
# perché funziona anche così:
3 -> c
# per visualizzare il valore di una variabile:
c
```

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

```
# in un colpo solo:
(d <- "stringa")
```

```
## [1] "stringa"
```

Tipi, o classi native

- R ha 6+1 tipi o *classi* native
  - character: `"a"`, `"string"`, `'my text'`
  - numeric: `1`, `3.1415`
  - integer: `1L`
  - logical: `TRUE`, `FALSE` (oppure `T` e `F`)
  - complex: `1+4i`
  - function: una *funzione*
  - (raw: sequenza di bit)
- Ogni istanza è intrinsecamente un vettore
- Uno scalare è semplicemente un vettore di lunghezza 1

Valori speciali

- Sono definiti i seguenti valori speciali:
  - `NA`: valore mancante
  - `NULL`: niente
  - `Inf`: Infinito
  - `NaN`: Not a Number (esempio `0/0`)

Coercizione

- Quando si mescolano tipi differenti, ad es. in un vettore, R li trasforma in un tipo comune:

```
c(1L, 7, "2")
```

```
## [1] "1" "7" "2"
```

```
c(T, 0)
```

```
## [1] 1 0
```

```
as.numeric(c("a", "1"))
```

```
## Warning: NAs introduced by coercion
## [1] NA  1
```

```
as.character(c(1, 1.7))
```

```
## [1] "1"   "1.7"
```

Vettori

```
# Si costruiscono con l'operatore/funzione c():
v1 <- c(10, 2, 7.5, 3)
# oppure con una sequenza:
v2 <- 1:10
# anche con passo specificato:
v3 <- seq(1, 10, 0.5)
# Le funzioni si chiamano con le parentesi tonde,
# separando argomenti con ,
```

Introspezione

- Funzioni utili per ispezionare gli oggetti:
  - `class()`: classe (alto livello)
  - `typeof()`: tipo (basso livello)
  - `length()`: lunghezza vettore
  - `attributes()`: metadati

Matrici

- Si costruiscono con la funzione `matrix()`

```
(m1 <- matrix(1:10, 2, 5))
```

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

- la funzione `array()` costruisce matrici *n*-dimensionali

Una matrice è un vettore con attributo dim

```
attr(m1, "dim")
```

```
## [1] 2 5
```

```
v <- 1:4
attr(v, "dim") <- c(2,2) # equivale a dim(m) <- c(2,2)
v
```

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

Fattori

- Una classe aggiuntiva (non base) ma molto comune è `factor`
- Rappresenta variabili categoriche (ordinate o non)

```
(vf <- factor(LETTERS[1:5], ordered=T))
```

```
## [1] A B C D E
## Levels: A < B < C < D < E
```

```
class(vf)
```

```
## [1] "ordered" "factor"
```

```
typeof(vf)
```

```
## [1] "integer"
```

```
vf[1] < vf[3]
```

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

Vettori

```
# Le variabili sono nativamente dei vettori.
# Gli scalari sono solo vettori di dimensione 1
length(a)
```

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

```
length(v1)
```

```
## [1] 4
```

```
# le funzioni agiscono quindi sempre su vettori:
a * 2
```

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

```
v3 + 2
```

```
##  [1]  3.0  3.5  4.0  4.5  5.0  5.5  6.0  6.5  7.0  7.5  8.0
## [16] 10.5 11.0 11.5 12.0
```

Indicizzazione

- La sintassi di indicizzazione di R è molto flessibile e potente
- si usano sempre le parentesi quadre `[r,c]`, la **base è 1**
- se un indice manca, significa "tutte le righe|colonne"

```
v1[3]
```

```
## [1] 7.5
```

```
m1[1,1]
```

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

```
m1[2,]
```

```
## [1]  2  4  6  8 10
```

```
m1[,]
```

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

Indicizzazione

- Un indice può essere anche un vettore di posizioni o un vettore di valori booleani

```
v1[c(2,4,1)]
```

```
## [1]  2  3 10
```

```
v2[v2 %% 2 == 0]
```

```
## [1]  2  4  6  8 10
```

```
v2 %% 2 == 0 # operatore modulo (resto)
```

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

Nota

- `TRUE` e `FALSE` possono essere abbreviati in `T` e `F`

Funzioni

- Le funzioni sono *first class objects*, cioè sono variabili come altre
- possono essere assegnate a variabili e passate a funzioni

```
my_fun <- function(x) x^2
my_fun(1:5)
```

```
## [1]  1  4  9 16 25
```

```
your_fun <- my_fun
your_fun(6)
```

```
## [1] 36
```

```
my_apply <- function(x, f) f(x)
my_apply(10, my_fun)
```

```
## [1] 100
```

Funzioni freccia (*replacement functions*)

- Abbiamo visto cose come `dim(v) <- c(2,3)`: come si dichiarano?

```
`pwr<-` <- function(obj, value) obj ** value
a <- 2
pwr(a) <- 10
a
```

```
## [1] 1024
```

- L'ultimo argomento **deve** chiamarsi `value` e rappresenta la rhs dell'assegnazione!

Funzioni

- Se la definizione richiede più righe, si usa un **blocco** tra `{}`
- Ogni funzione ritorna **sempre** l'ultima espressione valutata
- Oppure esplicitamente mediante `return()`

Controllo di flusso

- `if(cond) expr`
- `if(cond) cons.expr  else  alt.expr`
- `for(var in seq) expr`
- `while(cond) expr`
- `repeat expr`
- `break`
- `next`

Argomenti delle funzioni

- Gli argomenti possono essere indicati per posizione o per nome
- Gli argomenti nominati possono comparire in qualsiasi ordine
- Gli argomenti possono avere un default, in tal caso sono opzionali

```
f <- function(x, y, n=10, test=F) {
  ifelse(test, 0, x^y + n)
}
f(2, 10)
```

```
## [1] 1034
```

```
f(test=F, y=10, x=2)
```

```
## [1] 1034
```

```
f(test=T)
```

```
## [1] 0
```

Differenza tra <- e =

- L'operatore = è valido solo al *top-level*
- L'operatore <- è valido ovunque, anche come argomento di funzione:

```
system.time(m <- mean(1:1E6))
```

```
##    user  system elapsed
##   0.006   0.000   0.006
```

```
m
```

```
## [1] 500000.5
```

Dataframe

- In R più che matrici si usano `dataframe`
- Si tratta di tabelle organizzate per colonne, internamente omogenee ma potenzialmente di tipi differenti

```
df <- data.frame(A=1:10, B=letters[1:10])
head(df)
```

```
##    A B
## 1  1 a
## 2  2 b
## 3  3 c
## 4  4 d
## 5  5 e
## 6  6 f
```

Dataframe

- Un dataframe può essere indicizzato come una matrice (due indici)
- Oppure selezionando una colonna con la notazione $

```
df[2,2]
```

```
## [1] "b"
```

```
df$B[2]
```

```
## [1] "b"
```

```
# anche in assegnazione
df$C <- LETTERS[1:10]
head(df, 3)
```

```
##   A B C
## 1 1 a A
## 2 2 b B
## 3 3 c C
```

Algoritmi di uso comune

- Ordinamento: `sort`, `rev`, `order`
- Campionamento: `sample`, `expand.grid`
- Aggregazione: `by`, `aggregate`
- Mappatura: `apply`, `lapply`, `sapply`
- Tabelle di contingenza: `table`

Ordinamento di vettori

```
v <- runif(5, 1, 10)
sort(v)
```

```
## [1] 1.309062 3.022222 7.131492 7.588892 7.679215
```

```
rev(sort(v))
```

```
## [1] 7.679215 7.588892 7.131492 3.022222 1.309062
```

```
sort(v, decreasing = T)
```

```
## [1] 7.679215 7.588892 7.131492 3.022222 1.309062
```

Ordinamento di dataframe

```
df <- data.frame(A=1:5, B=runif(5))
df[order(df$B),]
```

```
##   A         B
## 3 3 0.1072859
## 2 2 0.2323719
## 5 5 0.4628263
## 1 1 0.7475166
## 4 4 0.8675042
```

Campionamento

```
sample(1:10) # con reinserimento
```

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

```
sample(1:10, replace = T) # senza reinserimento
```

```
##  [1]  3  5  5 10  2  3  9 10  1  1
```

```
sample(1:10, size = 5)
```

```
## [1] 6 5 3 8 7
```

```
sample(10) # generazione interi casuali senza rpetizione
```

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

Griglie

```
(df <- expand.grid(A=1:2, B=c("-", "+")))
```

```
##   A B
## 1 1 -
## 2 2 -
## 3 1 +
## 4 2 +
```

Aggregazione

```
by(df$A, INDICES = df$B, FUN=sum)
```

```
## df$B: -
## [1] 3
## ------------------------------------------------------------
## df$B: +
## [1] 3
```

```
aggregate(A~B, data = df, FUN = sum)
```

```
##   B A
## 1 - 3
## 2 + 3
```

Mappatura

- apply applica una funzione ai margini di una matrice o array

```
(m <- matrix(sample(6), 2, 3))
```

```
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    6    2    1
## [2,]    3    5    4
```

```
apply(m, 1, sum)
```

```
## [1]  9 12
```

```
apply(m, 2, sum)
```

```
## [1] 9 7 5
```

Mappatura

- `lapply` applica una funzione agli elementi di un vettore e ritorna una lista

```
v <- 1:10
head(lapply(v, sqrt), n = 2)
```

```
## [[1]]
## [1] 1
##
## [[2]]
## [1] 1.414214
```

Mappatura

- `sapply` applica una funzione agli elementi di un vettore e ritorna un vettore

```
v <- 1:5
names(v) <- paste0("sqrt(",v,")")
sapply(v, sqrt)
```

```
##  sqrt(1)  sqrt(2)  sqrt(3)  sqrt(4)  sqrt(5)
## 1.000000 1.414214 1.732051 2.000000 2.236068
```

Tabelle di contingenza

```
head(airquality, n = 3)
```

```
##   Ozone Solar.R Wind Temp Month Day
## 1    41     190  7.4   67     5   1
## 2    36     118  8.0   72     5   2
## 3    12     149 12.6   74     5   3
```

```
with(airquality, table(OzHi = Ozone > 80, Month,
                       useNA = "ifany"))
```

```
##        Month
## OzHi     5  6  7  8  9
##   FALSE 25  9 20 19 27
##   TRUE   1  0  6  7  2
##   <NA>   5 21  5  5  1
```

Tabelle di contingenza

- È anche utile `tapply()`:
- **NOTA**: `with()` serve per risparmiarsi di scrivere `airquality$Ozone`.

```
round(with(airquality,
           tapply(Ozone, Month, mean, na.rm=T)), 1)
```

```
##    5    6    7    8    9
## 23.6 29.4 59.1 60.0 31.4
```

```
# O anche:
aggregate(Ozone~Month, data=airquality, FUN=mean, ra.rm=T)
```

```
##   Month    Ozone
## 1     5 23.61538
## 2     6 29.44444
## 3     7 59.11538
## 4     8 59.96154
## 5     9 31.44828
```

Tidyverse

Assieme a RStudio è emersa una *new wave* di librerie R che modificano radicalmente l'approccio. Vanno sotto il nome collettivo di `tidyverse`

- `ggplot2`: grafici
- `purrr`: programmazione funzionale
- `dplyr`: manipolazione dati
- `stringr`: manipolazione stringhe
- `tibble`: data frame migliorati
- `readr`: importazione dati
- `tidyr`: preparazione dati
- `lubridate`: manipolazione date

Tidyverse

L'approccio `tidyverse` ha alcune caratteristiche comuni:

- dati in formato **tidy** (un'osservazione per riga, un osservando per colonna)
- composizione di funzioni con + (`ggplot(...) + geom_line()`)
- notazione prefissa con %>% (`a %>% str()` invece di `str(a)`)

È utile consultare i cheat sheet:
https://www.rstudio.com/resources/cheatsheets/

Plot

- I principali comandi di plot sono:
  - `plot`: interfaccia generica
  - `lines`: plotta una serie come linea, accetta l'opzione `add=T`
  - `points`: plotta una serie come punti, accetta l'opzione `add=T`
  - `curve`: plotta una funzione di `x`, accetta l'opzione `add=T`
  - `abline`: plotta una linea retta
  - `hist`: istogramma
  - `boxplot`: ditto

Statistica descrittiva

Stimatori

- Media campionaria: `mean(x, na.rm=F)`
- Varianza campionaria: `var(x, na.rm=F)`
- Deviazione standard: `sd(x, na.rm=F)`
- Mediana: `median(x, na.rm=F)`
- Moda: `mode(x, na.rm=F)`
- Covarianza: `cov(x, y, na.rm=F)`
- Correlazione: `cor(x, y, na.rm=F)` $=: \mathrm{cov}(\mathrm{x}, \mathrm{y})/(\sigma_{\mathrm{x}}\sigma_{\mathrm{y}})$

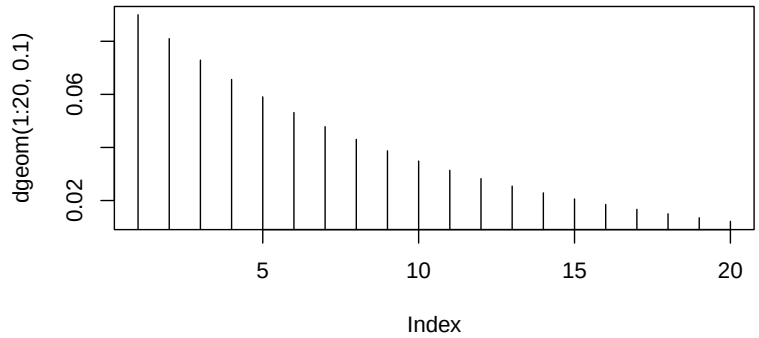
Distribuzioni

- In R, le funzioni relative alle distribuzioni sono 4 per ciascuna distribuzione:
  - generazione di numeri casuali, prefisso `r`
  - densità di probabilità (PDF), prefisso `d`
  - probabilità cumulata (CDF), prefisso `p`
  - quantile (CDF^{-1}), prefisso `q`
- Ai prefissi vanno aggiunti i nomi delle distribuzioni: `unif`, `norm`, `t`, `f`, `chisq`, `pois`, `binom`, `geom`, `gamma`, `weibull`, ...
- Ad esempio:
  - `rnorm(n, 0, 1)` genera `n` campioni normali standard $N(0, 1)$
  - `pt(t, n)` calcola la CDF del valore `t` da una distribuzione t_n
  - `qf(p, n1, n2)` calcola il quantile per la probabilità `p` su una $\chi^2_{n_1,n_2}$

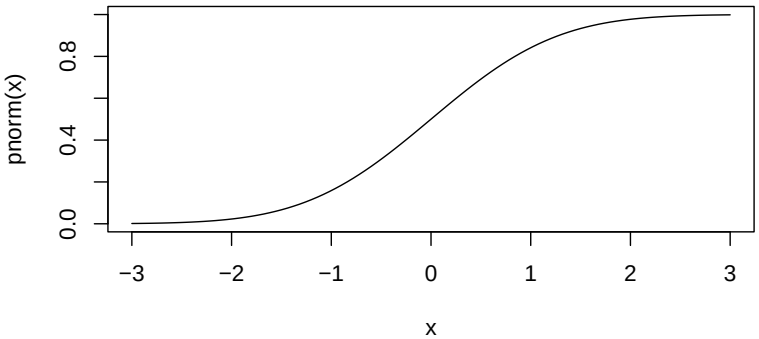
Statistica descrittiva

Esempio

```
plot(dgeom(1:20, 0.1), typ="h")
```

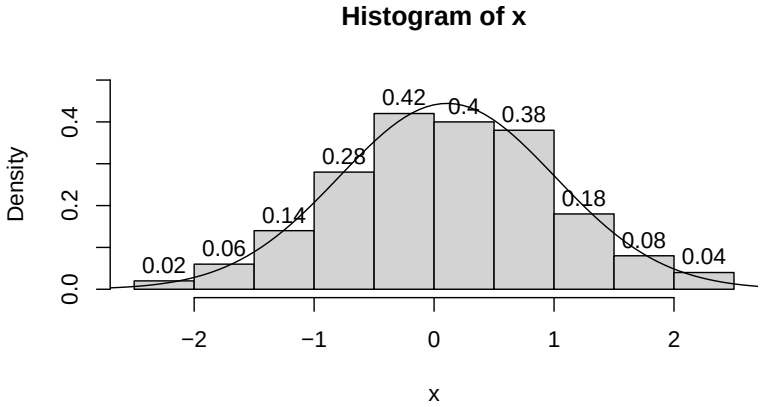



```
curve(pnorm(x), xlim=c(-3, 3))
```



Esempio

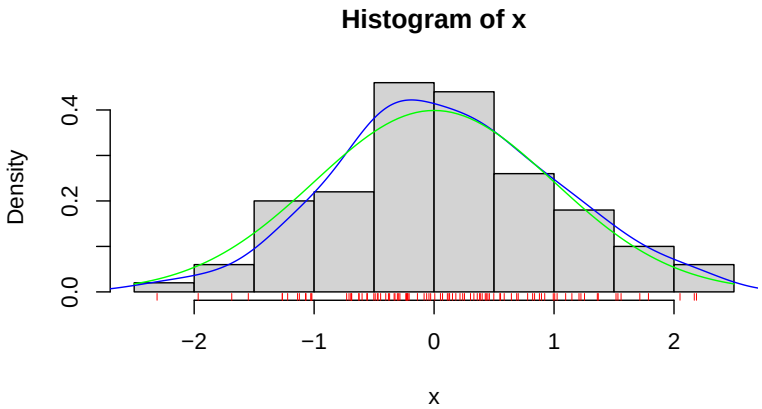
```
set.seed(1)
x <- rnorm(100)
m <- mean(x); s <- sd(x)
hist(x, prob=T, ylim=c(0, 0.5), labels=T)
curve(dnorm(x, mean=m, sd=s), xlim=c(-3, 3), add=T)
```



Statistica descrittiva

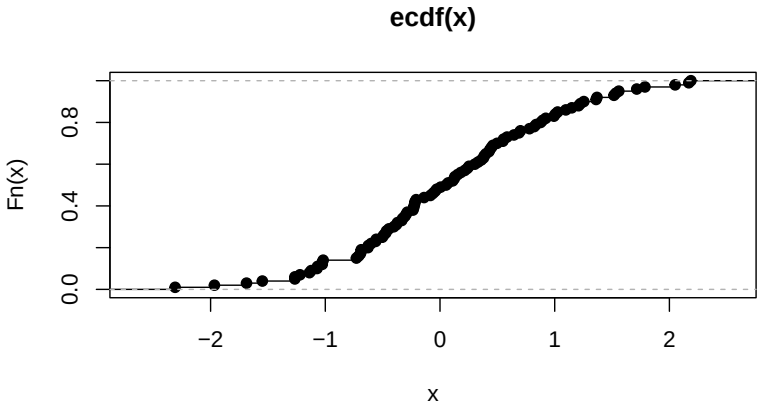
Kernel density estimate (KDE)

```
set.seed(123)
x <- rnorm(100)
hist(x, prob=T)
rug(x, col="red")
lines(density(x), col="blue")
curve(dnorm(x), add=T, col="green")
```



Kernel density estimate (KDE)

```
plot(ecdf(x))
```



Statistica inferenziale

Test di ipotesi

- Un *test statistico* prevede sempre una coppia di ipotesi
- L'ipotesi nulla H_0 è sempre l'ipotesi di non-significatività
- L'ipotesi alternativa H_1 suppone che un effetto sia statisticamente significativo, cioè maggiore della varianza tipica del sistema

$$H_0 : \quad \mu_1 = \mu_2$$
$$H_1 : \quad \mu_1 \neq \mu_2$$

Matrice di confusione

H_0	Accettata	Rifiutata
Vera	OK	Errore Tipo I
Falsa	Errore Tipo II	OK

Probabilità di errore

- α è la probabilità di rifiutare H_0 quando H_0 è vera (tipo-I)
- β è la probabilità di accettare H_0 quando H_0 è falsa (tipo-II)
- $P = 1 - \beta$ è la **potenza** di un test

Se fosse un allarme anti-intrusione:

- α è la probabilità di falso allarme
- β è la probabilità di un mancato allarme
- P è l'affidabilità del sistema (probabilità che suoni quando deve)

Esempio zero

- Abbiamo due campioni y_1 e y_2 di n_1 e n_2 osservazioni
- Le due medie campionarie $\bar{y}_1$ e $\bar{y}_2$ sono sufficientemente simili da chiederci se vengano dalla stessa popolazione o no
- Nel primo caso, il valore atteso della popolazione del primo campione è uguale al valore atteso della popolazione del secondo: $H_0 : \mu_1 = \mu_2$
- Nel secondo caso invece $H_1 : \mu_1 \neq \mu_2$
- Questo problema corrisponde all'originale formulazione del test di Student di William Gosset, detto *Student*

Test di Student, o T-test

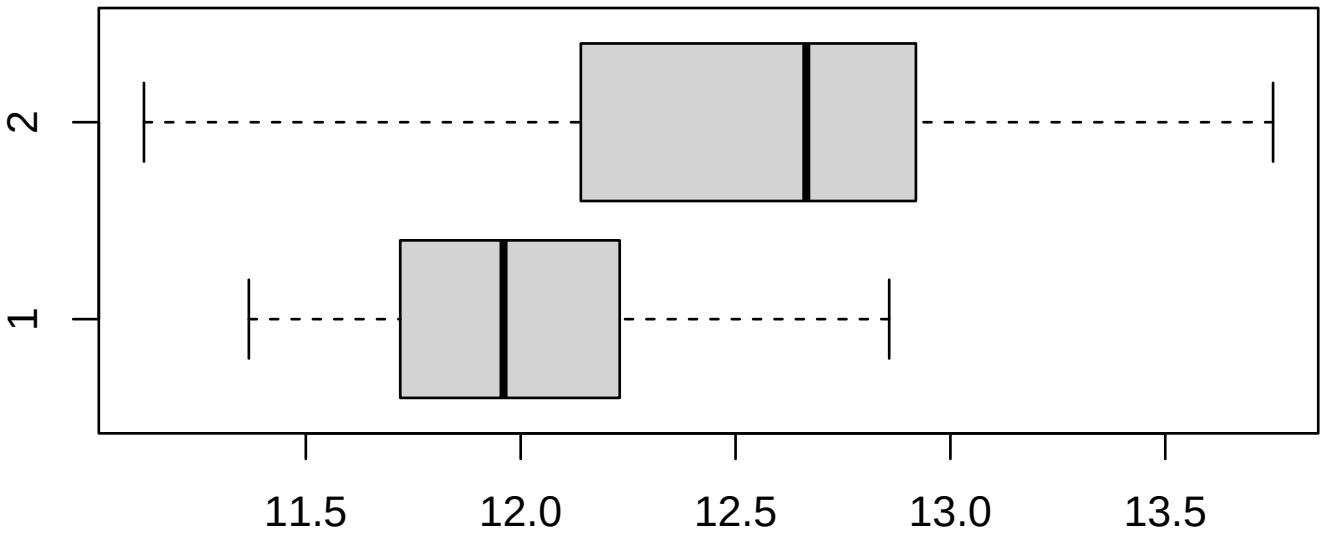
- Risulta che:

$$t_0 = \frac{\bar{y}_1 - \bar{y}_2}{S_p \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}} \sim t_{n_1+n_2-1}, \text{ dove } S_p = \frac{(n_1 - 1)S_1 + (n_2 - 1)S_2}{n_1 + n_2 - 2}$$

- dato che conosciamo la distribuzione di t_0, possiamo calcolare la probabilità di riscontrare un valore uguale o superiore a t_0
- tanto più bassa è tale probabilità, detta p-value, tanto più è forte H_1
- il p-value corrisponde alla probabilità di un errore di tipo-I, α

T-test in R

```
set.seed(123)
y1 <- rnorm(10, 12, 0.5); y2 <- rnorm(12, 12.5, 0.7)
boxplot(y1, y2, horizontal=T)
```



T-test in R

- per prima cosa si verifica l'**omoschedasticità**:

```
(vt <- var.test(y1, y2))
```

```
##
##  F test to compare two variances
##
## data:  y1 and y2
## F = 0.4531, num df = 9, denom df = 11, p-value = 0.2446
## alternative hypothesis: true ratio of variances is not equa
## 95 percent confidence interval:
##  0.1262847 1.7725487
## sample estimates:
## ratio of variances
##          0.4530969
```

T-test in R

- Poi si effettua il T-test appropriato:

```
t.test(y1, y2, var.equal=(vt$p.value>0.05))
```

```
##
##  Two Sample t-test
##
## data:  y1 and y2
## t = -1.9339, df = 20, p-value = 0.0674
## alternative hypothesis: true difference in means is not equ
## 95 percent confidence interval:
##  -1.05880157  0.04004476
## sample estimates:
## mean of x mean of y
##  12.03731  12.54669
```

Osservazione

- In R, alcune funzioni possono ritornare degli *oggetti*
- Un oggetto raggruppa uno o più *attributi*, visualizzabili col comando `names()` e accessibili con la notazione `$`:

```
names(vt)
```

```
## [1] "statistic"   "parameter"   "p.value"     "conf.int"
## [6] "null.value"  "alternative" "method"      "data.name"
```

```
vt$p.value
```

```
## [1] 0.2446474
```