Linguistica Applicata

Esercitazione di R per linguisti

(A/A 2020-21)

Appello autunnale del 7 settembre 2021

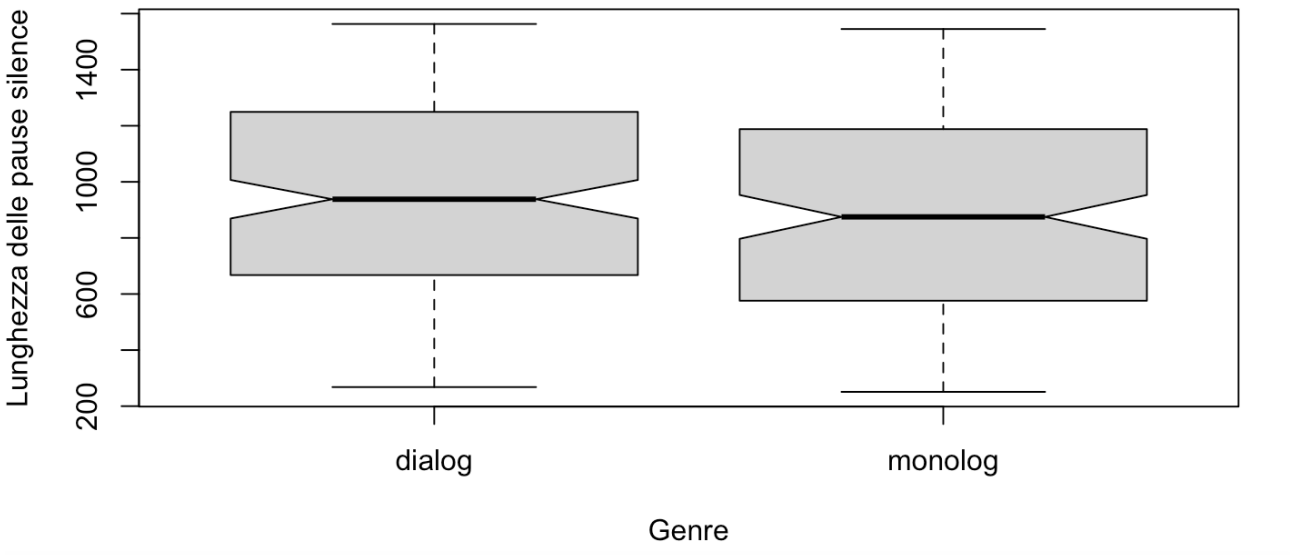
Esercizio 1

Caricate il file *esercizio_1.txt*, che contiene vari dati riguardanti la lunghezza di vari tipi di pause (FILLER) in testi appartenenti a generi diversi di parlato (GENRE):

```
df <- read.table("esercizio_1.txt", header = T, row.names = 1)
```

- rappresentate graficamente la distribuzione della lunghezza delle pause di tipo “silence” rispetto ai generi di parlato (GENRE)

```
boxplot(df$LENGTH[df$FILLER == "silence"] ~ df$GENRE[df$FILLER == "silence"], notch=T, xlab = "Genre", ylab = "Lunghezza delle pause silence")
```



- calcolate i valori di media, deviazione standard e range interquartile della lunghezza delle pause di tipo “silence” per i diversi generi di parlato

```
dialog <- df$LENGTH[df$GENRE == "dialog" & df$FILLER == "silence"]
monolog <- df$LENGTH[df$GENRE == "monolog" & df$FILLER == "silence"]

mean(dialog)
[1] 943.2849
sd(dialog)
```

[1] 353.511
IQR(dialog)
[1] 582

mean(monolog)
[1] 887.9281
sd(monolog)
[1] 380.1689
IQR(monolog)
[1] 612

- trasformate la lunghezza delle pause di tipo “silence” in z-score;

```
z.score <- (df[df$FILLER == "silence", "LENGTH"]/mean(df[df$FILLER == "silence", "LENGTH"]))/sd(df[df$FILLER == "silence", "LENGTH"])
```

- dimostrate se esiste una differenza statisticamente nella lunghezza delle pause di tipo “silence” nei diversi generi di parlato

Prima verifico se sono normalmente distribuite:
H0: La distribuzione del campione è normale.
p-value > 0.05 Normale | p-value < 0.05 Non normale

```
shapiro.test(monolog)

        Shapiro-Wilk normality test

data:  monolog
W = 0.95551, p-value = 8.176e-05
```
Non è normalmente distribuita

```
shapiro.test(dialog)

        Shapiro-Wilk normality test

data:  dialog
W = 0.96669, p-value = 0.0002825
```
Non è normalmente distribuita

Uso Test U di Wilcoxon

H0: La differenza nelle lunghezze delle pause dei due campioni non è significativa.
p-value > 0.05 Non significativa | p-value < 0.05 Significativa

```
wilcox.test(monolog,dialog)
```

Wilcoxon rank sum test with continuity correction

data: monolog and dialog

W = 12524, p-value = 0.1799

alternative hypothesis: true location shift is not equal to 0

Dal momento che il valore del p-value è maggiore di 0,05, la differenza nella lunghezza delle pause di tipo “silence” tra i due campioni non è significativa

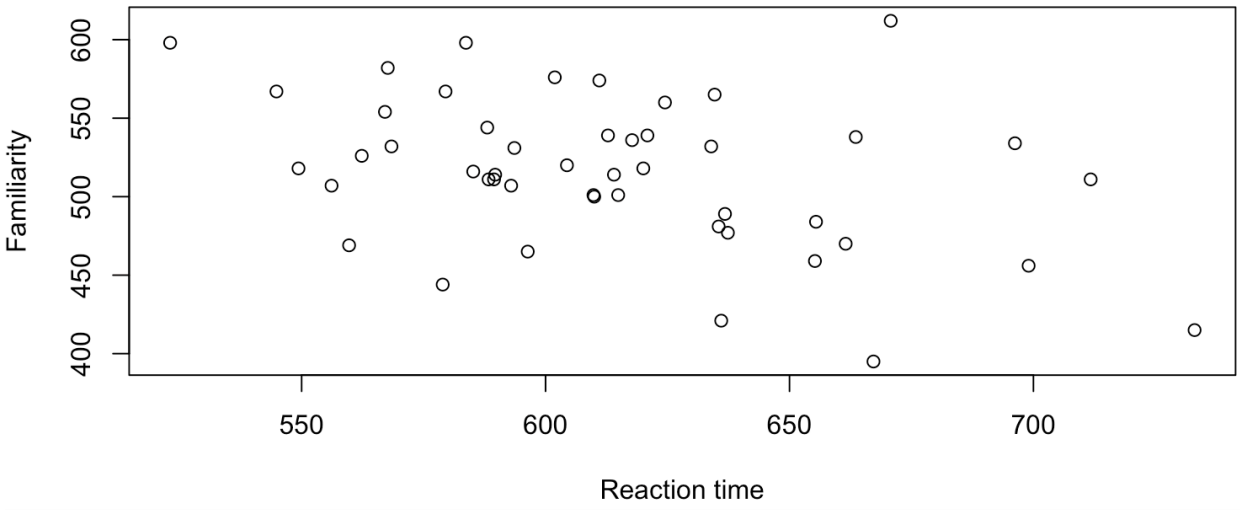
Esercizio 2
Caricate il file *esercizio_2.txt*, che contiene i tempi di reazioni per un insieme di parole inglesi:

```
df1 <- read.table("esercizio_2.txt", header = T)
```

- rappresentate graficamente la distribuzione delle due variabili REACTTIME e FAMILIARITY;

Sono entrambe numeriche, quindi:

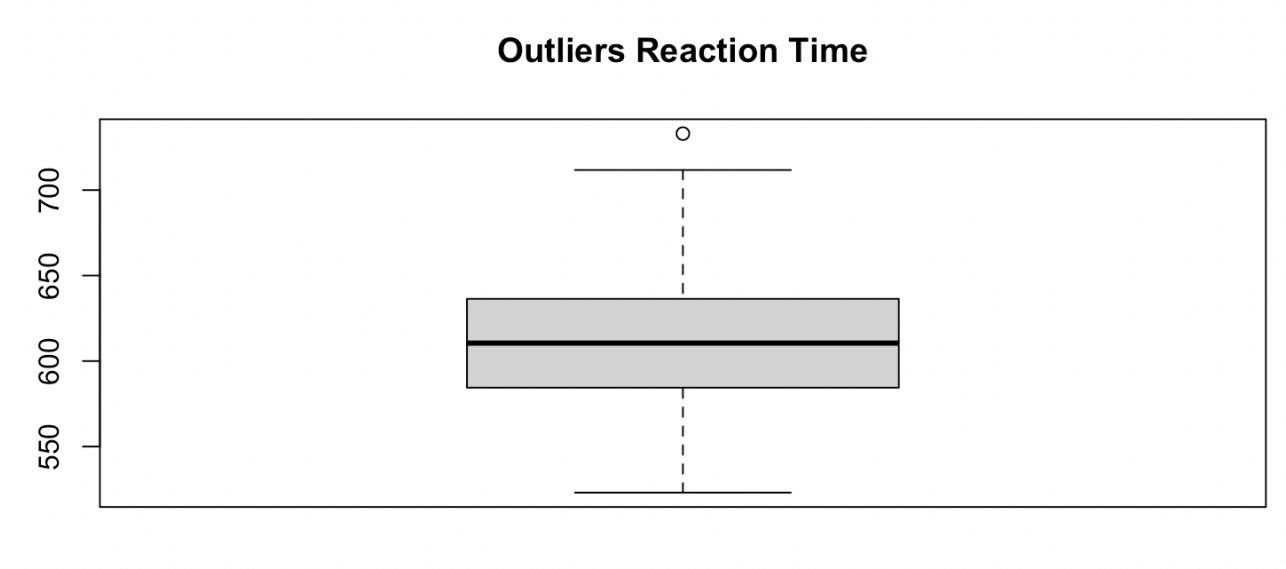
```
plot(df1$REACTTIME, df1$FAMILIARITY, xlab = "Reaction time", ylab = "Familiarity")
```



- indicate quali sono i valori outliers, se esistono, delle due variabili;

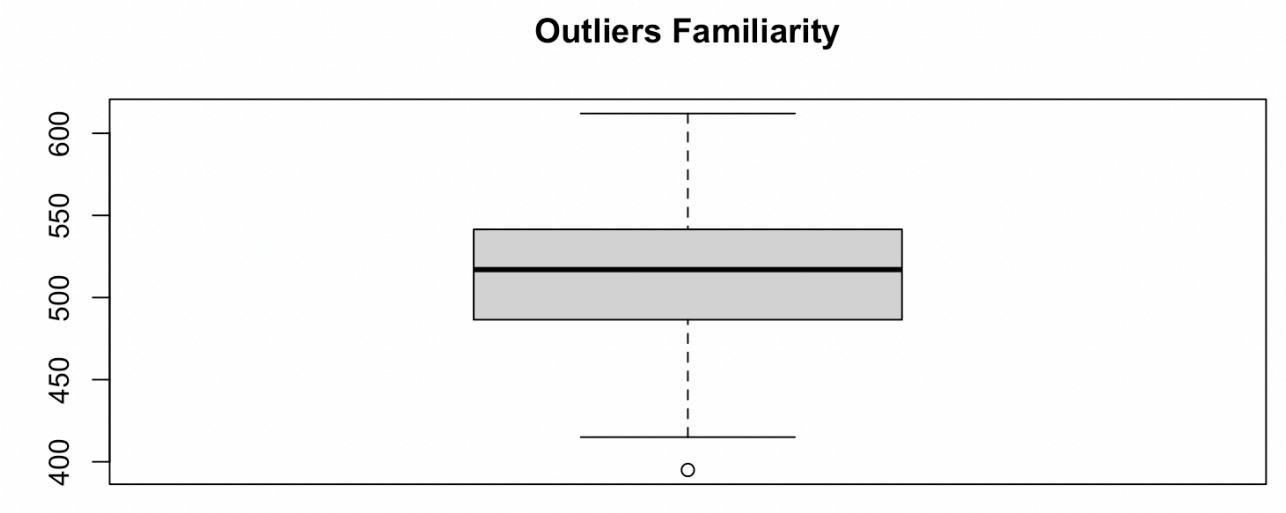
outliers reaction time:

```
boxplot(df1$REACTTIME, main = "Outliers Reaction Time")
```



boxplot.stats(df1$REACTTIME)
$stats
[1] 523.0493 584.4307 610.4993 636.3922 711.7317
$n
[1] 48
$conf
[1] 598.6492 622.3493
$out
[1] 733.0323 -> è il valore dell'outlier

Outliers familiarity:
boxplot(df1$FAMILIARITY, main = "Outliers Familiarity")



boxplot.stats(df1$FAMILIARITY)
$stats
[1] 415.0 486.5 517.0 541.5 612.0
$n
[1] 48
$conf
[1] 504.4571 529.5429

$out
[1] 395 -> è il valore dell'outlier

- dimostrate se le due variabili sono distribuite normalmente oppure no;

H0: La distribuzione del campione è normale.
p-value > 0.05 Normale | p-value < 0.05 Non normale

Distribuzione REACTTIME:
shapiro.test(df1$REACTTIME)

Shapiro-Wilk normality test

data: df1$REACTTIME
W = 0.97542, p-value = 0.4052
Valore di p-value maggiore di 0,05, quindi la distribuzione è normale

Distribuzione FAMILIARITY:
shapiro.test(df1$FAMILIARITY)

Shapiro-Wilk normality test

data: df1$FAMILIARITY
W = 0.98283, p-value = 0.6995
Valore di p-value maggior di 0,05, quindi la distribuzione è normale

- calcolate l'indice di correlazione e il coefficiente di determinazione per queste due variabili;

Dal momento che le due variabili sono normalmente distribuite, uso il metodo di Pearson per calcolare l'indice di correlazione:

```
cor(df1$REACTTIME, df1$FAMILIARITY, method = "pearson")
[1] -0.400589
```

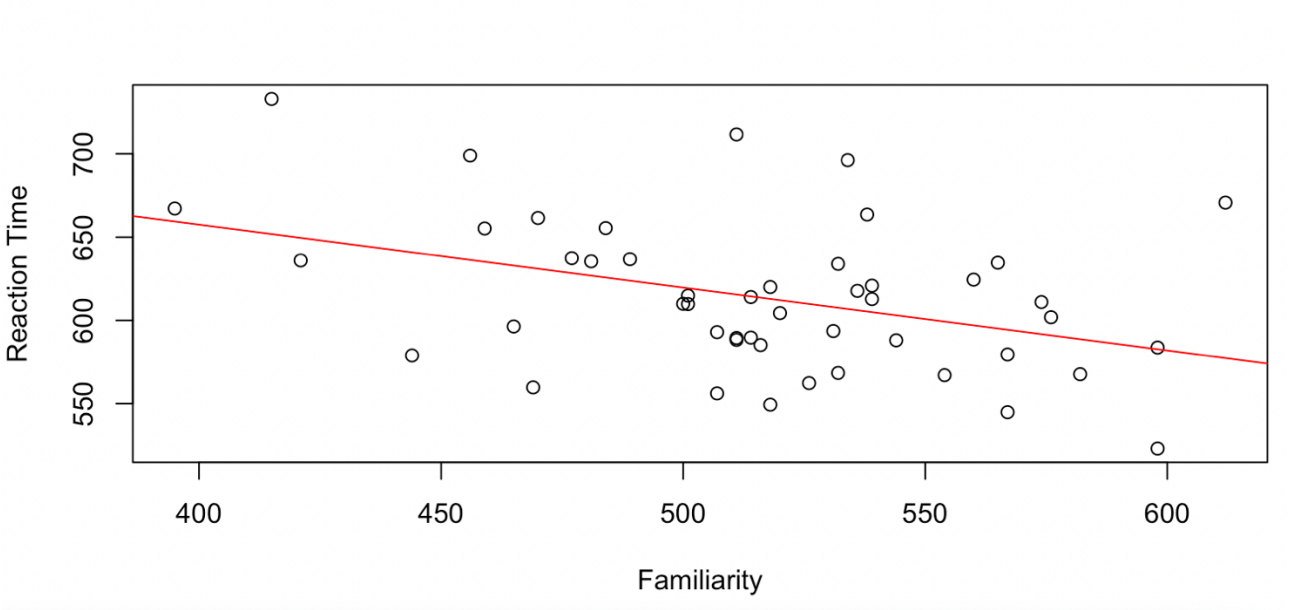
Coefficiente di determinazione:

```
model<- lm(df1$REACTTIME ~ df1$FAMILIARITY)
summary(model)["r.squared"]
$r.squared
[1] 0.1604716
```

- costruite la retta di regressione.

Riprendendo la variabile model del punto precedente:

```
plot(df1$FAMILIARITY, df1$REACTTIME, xlab= "Familiarity", ylab = "Reaction Time")
abline(model, col = "red")
```


Reaction Time
550
600
650
700
400
450
500
550
600
Familiarity