

# R per l'analisi statistica multivariata

Unità E: analisi descrittiva dei dati EMOGLOBINA

**Tommaso Rigon**

**Università Milano-Bicocca**



## Argomenti affrontati

- Varianza e scarto quadratico medio
- Altre misure di variabilità (campo di variazione, scarto interquartile, MAD)
- Esercizi **R** associati: [https://tommasorigon.github.io/introR/exe/es\\_2.html](https://tommasorigon.github.io/introR/exe/es_2.html)

# Descrizione del problema

- Siamo interessati a confrontare l'efficacia di due diverse metodologie, chiamate A e B, per la **misurazione dell'emoglobina** nel sangue.
- Si è creato in laboratorio del **sangue artificiale** contenente 15 grammi di emoglobina ogni  $100\text{cm}^3$ .
- Dal composito sono stati estratti in totale  $n = 360$  campioni.
- Di questi, in  $n_A = 180$  campioni l'emoglobina è stata misurata utilizzando la metodologia A mentre per i restanti  $n_B = 180$  campioni è stata usata la metodologia B.
- Alcuni dati sono riportati nella prossima slide. Le differenze tra le diverse misurazioni sono da attribuire in larga parte agli errori di misura delle due diverse metodologie.

# I dati grezzi (editor di testo)

```
"emoglobina", "Metodologia"  
14.98654, "A"  
15.14828, "A"  
15.15741, "A"  
14.78573, "A"  
15.00364, "A"  
15.06475, "A"  
14.99282, "A"  
14.92189, "A"  
14.93331, "A"  
14.94189, "A"  
15.22719, "A"  
14.64697, "A"  
14.85369, "A"  
15.35937, "A"
```

# Importazione dei dati emoglobina

- Come fatto in precedenza, anzitutto è necessario scaricare il file `emoglobina.csv` e salvarlo nel proprio computer.
- **Link al file:** <https://tommasorigon.github.io/introR/data/emoglobina.csv>.
- In alternativa, possiamo scaricare il file direttamente da internet nel modo seguente:

---

```
path <- "https://tommasorigon.github.io/introR/data/emoglobina.csv"
emoglobina <- read.table(path, header = TRUE, sep = ",", stringsAsFactors = TRUE)
```

```
str(emoglobina)
# 'data.frame':      360 obs. of  2 variables:
# $ emoglobina : num  15 15.1 15.2 14.8 15 ...
# $ Metodologia: Factor w/ 2 levels "A","B": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
```

---

- L'opzione `stringsAsFactors = TRUE`, implica che la variabile `Metodologia` viene codificata come factor e non come character.

# Operazioni preliminari

- In questo formato i dati sono **diffili da analizzare**, quantomeno senza usare le funzioni avanzate `*apply` così come gli strumenti del cosiddetto `tidyverse`.
- Pertanto, creiamo le due variabili `emo_A` ed `emo_B`, contenenti i valori di emoglobina per le due metodologie.

---

```
emo_A <- emoglobina$emoglobina[emoglobina$Metodologia == "A"] # Emoglobina gruppo A
emo_B <- emoglobina$emoglobina[emoglobina$Metodologia == "B"] # Emoglobina gruppo B
```

```
summary(emo_A)
```

```
#      Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
#  14.44   14.87   15.00   15.00   15.14   15.64
```

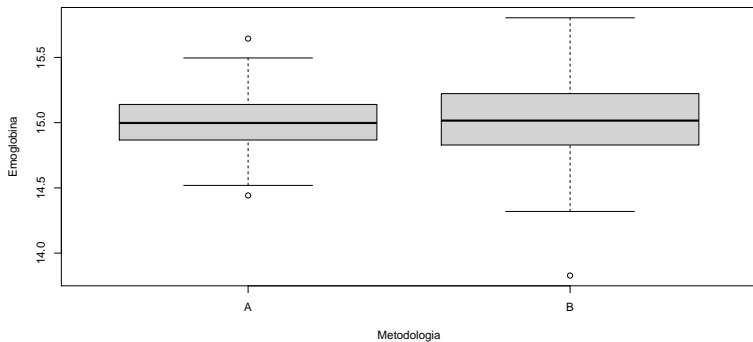
```
summary(emo_B)
```

```
#      Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
#  13.83   14.83   15.02   15.02   15.22   15.80
```

---

- Da queste prime analisi descrittive si evince che entrambe le metodologie sono, quantomeno in media, **ben calibrate**. Quale delle due è preferibile?

# Boxplot



```
boxplot(emoglobina$emoglobina ~ emoglobina$Metodologia,  
        ylab = "Emoglobina",  
        xlab = "Metodologia"  
)
```

# La varianza I

- Ricordiamo che la **varianza** dei dati  $x_1, \dots, x_n$  è pari a

$$\sigma^2 = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 = \left( \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i^2 \right) - \bar{x}^2.$$

- Possiamo quindi calcolare le varianze dei due gruppi “manualmente”:

---

```
mean((emo_A - mean(emo_A))^2) # Varianza del gruppo A
```

```
# [1] 0.0456162
```

```
mean((emo_B - mean(emo_B))^2) # Varianza del gruppo B
```

```
# [1] 0.09901038
```

```
mean(emo_A^2) - mean(emo_A)^2 # Varianza del gruppo A, formula alternativa
```

```
# [1] 0.0456162
```

```
mean(emo_B^2) - mean(emo_B)^2 # Varianza del gruppo B, formula alternativa
```

```
# [1] 0.09901038
```

---

- La metodologia B è quindi caratterizzata da una **variabilità** maggiore.



# La varianza II

- Per praticità, creiamo una **nuova funzione** chiamata `my_var` che calcola la **varianza** di un generico vettore `x`. Pertanto avremo:

---

```
my_var <- function(x) {  
  mean(x^2) - mean(x)^2  
}
```

```
my_var(emo_A)  
# [1] 0.0456162  
my_var(emo_B)  
# [1] 0.09901038
```

---

- In R è presente la funzione `var`, tuttavia questa calcola una **quantità** leggermente **diversa**, ovvero

$$\text{var}(x) = \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2,$$

ovvero lo **stimatore corretto** della varianza quando i dati provengono da una legge gaussiana. **Il motivo non è chiaro?** Verrà presto affrontato a Statistica 2!

- La differenza `my_var` e `var` è, in pratica, sostanzialmente **trascurabile** in questo caso, infatti:

---

```
var(emo_A)
# [1] 0.04587104
var(emo_B)
# [1] 0.09956351
```

---

- **Esercizio.** Si ottenga lo stesso output di `my_var` utilizzando la funzione `var`.

# Scarto quadratico medio

- Lo **scarto quadratico medio** è la radice quadrata della varianza, ovvero

$$\text{sqm}(x) = \sigma = \sqrt{\sigma^2}.$$

Creiamo quindi un'opportuna funzione **R** chiamata `my_sd` per il suo calcolo.

- Anche in questo caso, si faccia attenzione che il comando `sd` di **R** invece calcola il valore di

$$\text{sd}(x) = \sqrt{\frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}.$$

---

```
my_sd <- function(x) {  
  sqrt(my_var(x))  
}  
my_sd(emo_A)  
# [1] 0.2135795  
my_sd(emo_B)  
# [1] 0.3146591  
sd(emo_A)  
# [1] 0.2141753  
sd(emo_B)  
# [1] 0.3155369
```

---

# Scarto quadratico medio

- Il **campo di variazione** è la differenza tra minimo e massimo della distribuzione, ovvero

$$(\text{"Campo di variazione"}) = x_{(n)} - x_{(1)},$$

dove  $x_{(1)}$  e  $x_{(n)}$  rappresentano rispettivamente il minimo ed il massimo dei dati.

- Sebbene non esista una funzione specifica per il suo calcolo, possiamo usare i seguenti comandi

---

```
max(emo_A) - min(emo_A)
```

```
# [1] 1.20242
```

```
max(emo_B) - min(emo_B)
```

```
# [1] 1.97508
```

```
diff(range(emo_A))
```

```
# [1] 1.20242
```

```
diff(range(emo_B))
```

```
# [1] 1.97508
```

---

- **Esercizio.** Si definisca un'opportuna funzione **R** che calcola il **campo di variazione**.

# Scarto interquartile

- Lo **scarto interquartile** è la differenza tra il terzo ed il primo quartile, ovvero

$$(\text{"Scarto interquartile"}) = Q_{0.75} - Q_{0.25}.$$

- È molto più **resistente** della varianza in presenza di poche osservazioni estreme.
- La sua implementazione in **R** è la seguente:

---

```
interquartile_range <- function(x){  
  diff(quantile(x, probs = c(0.25, 0.75)))  
}
```

```
interquartile_range(emo_A)  
#      75%  
# 0.2699275  
interquartile_range(emo_B)  
#      75%  
# 0.3929925
```

---

# Mean absolute deviation

- L'indice di variabilità **MAD** (Median absolute deviation) è definito come segue

$$\text{MAD} = \text{Mediana}(|x_1 - \text{Me}_x|, \dots, |x_n - \text{Me}_x|), \quad \text{Me}_x = \text{Mediana}(x_1, \dots, x_n).$$

- Per il suo calcolo, creiamo una funzione appropriata:

---

```
MAD <- function(x) {  
  median(abs(x - median(x)))  
}
```

---

- Il MAD della variabili `emo_A` ed `emo_B` è quindi pari a

---

```
MAD(emo_A)  
# [1] 0.135795  
MAD(emo_B)  
# [1] 0.198025
```

---

# La funzione tapply I

- Esiste un metodo più **elegante** e **veloce** per ottenere questi risultati, basato sulla funzione `tapply`.
- La funzione `tapply(x, group, fun)` applica una certa funzione `fun` ad un insieme di dati `x`, per ciascun **gruppo** `group`.
- Per esempio, la media aritmetica di `emo_A` ed `emo_B` si ottiene come segue:

---

```
tapply(emoglobina$emoglobina, emoglobina$Metodologia, mean)
```

```
#      A      B  
# 15.00289 15.02171
```

```
with(emoglobina, tapply(emoglobina, Metodologia, mean)) # In maniera ancora più compatta
```

```
#      A      B  
# 15.00289 15.02171
```

---

# La funzione tapply II

- Pertanto, possiamo ottenere i vari indici di variabilità come segue:

---

```
tab <- rbind(with(emoglobina, tapply(emoglobina, Metodologia, my_var)),  
            with(emoglobina, tapply(emoglobina, Metodologia, my_sd)),  
            with(emoglobina, tapply(emoglobina, Metodologia, interquartile_range)),  
            with(emoglobina, tapply(emoglobina, Metodologia, MAD)))  
rownames(tab) <- c("Varianza", "Deviazione Standard", "Scarto interquartile", "MAD")  
tab
```

	A	B
# Varianza	0.0456162	0.09901038
# Deviazione Standard	0.2135795	0.31465915
# Scarto interquartile	0.2699275	0.39299250
# MAD	0.1357950	0.19802500

---

- Esercizio. Si provi ad usare la funzione aggregate per ottenere lo stesso risultato.



- La misura di asimmetria di uso più comune è il cosiddetto **indice di asimmetria** standardizzato di **Pearson**, definito come

$$\gamma = \frac{1}{\text{sqm}(x)^3} \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^3 = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \left( \frac{x_i - \bar{x}}{\sigma} \right)^3.$$

- **Esercizio.** Si crei una funzione opportuna per il suo calcolo.