

Docente: **Matteo Re**

UNIVERSITÀ DEGLI
STUDI DI MILANO



Insegnamento: Informatica
A.A. 2015-2016 semestre II

C.d.I. **BIOTECNOLOGIA – curriculum farmaceutico**

Programmi e Funzioni in **R**

Matteo Re

mail: matteo.re@unimi.it

<http://homes.di.unimi.it/re>

DI - Dipartimento di Informatica

Università degli Studi di Milano

Programmi in R

Strutture dati + Algoritmi = Programmi

vettori
fattori
array
liste
...

Linguaggio R

- Strutture + Funzioni
- Classi + metodi

Modo di esecuzione dei programmi in R

- I programmi (sequenze di espressioni) possono essere eseguiti :
 - *Interattivamente*: ogni istruzione viene eseguita direttamente al prompt dei comandi
 - *Non interattivamente*: le espressioni sono lette da un file (tramite la funzione *source*) ed eseguite dall' interprete una ad una in sequenza.
- Usare un text editor (ad esempio *Notepad++*, scaricabile gratuitamente dalla rete)

Esempio di script R

```
# Functional classification of yeast genes using gene expression data
library(yeastCC);
library(e1071);
data(spYCCES);
source("yeastGO.R");

# data preparation
Yeast.specific.TAS <- Get.yeast.GO.specific.classes(evidence="TAS");
Yeast.general.TAS <- Get.yeast.GO.all.classes(Yeast.specific.TAS);
load("Yeast.general.classes.TAS.object");
l <- Count.examples.per.class(Yeast.general.classes.TAS);
cl1.genes <- Extract.class(Yeast.general.classes.TAS,"GO:0000902"); cl2.genes <- Extract.class(Yeast.general.classes.TAS,"GO:0006092");
paste("GO:0000902", ":", get.Term.Definition("GO:0000902")); paste("GO:0006092", ":", get.Term.Definition("GO:0006092"));
exprs.cl1 <- exprs(spYCCES)[as.character(cl1.genes$gene.names),]; exprs.cl2 <- exprs(spYCCES)[as.character(cl2.genes$gene.names),];
exprs.cl1[is.na(exprs.cl1)] <- 0; exprs.cl2[is.na(exprs.cl2)] <- 0;

# classification of yeast genes
n1.test<-round(nrow(exprs.cl1)/3); n1.train<-nrow(exprs.cl1)-n1.test;
n2.test<-round(nrow(exprs.cl2)/3); n2.train<-nrow(exprs.cl2)-n2.test;
Xtrain<-rbind(exprs.cl1[1:n1.train,],exprs.cl2[1:n2.train,]);
Xtest<-rbind(exprs.cl1[(n1.train+1):nrow(exprs.cl1),],exprs.cl2[(n2.train+1):nrow(exprs.cl2),]);
ytrain<-as.factor(c(rep(1,n1.train),rep(2,n2.train)));
ytest<-as.factor(c(rep(1,n1.test),rep(2,n2.test)));
model <- svm(as.matrix(Xtrain),ytrain,type="C-classification", kernel="linear", cost=1, gamma=1, degree=2, coef0=1);
prediction <- predict(model,Xtest);
conf.matrix <- table(prediction,ytest);
sensitivity <- conf.matrix[1,1]/(conf.matrix[1,1]+conf.matrix[2,1]);
specificity <- conf.matrix[2,2]/(conf.matrix[2,2]+conf.matrix[1,2]);
accuracy <- (conf.matrix[1,1] + conf.matrix[2,2])/length(ytest);
```

Funzioni

- Abbiamo già visto molti esempi di funzioni disponibili in R
- Le funzioni in R possono anche definirle gli utenti
- I programmi in R possono essere realizzati tramite funzioni

Funzioni: sintassi

La sintassi per scrivere una funzione è:

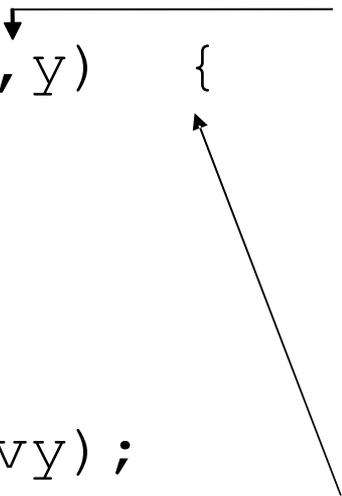
```
function (argomenti)  corpo_della_funzione
```

- `function` è una **parola chiave** di R
- `Argomenti` è una lista eventualmente vuota di *argomenti formali* separati da virgole:
`(arg1, arg2, ..., argN)`
- Un *argomento formale* può essere un simbolo o un'istruzione del tipo `'simbolo=espressione'`
- Il `corpo` può essere qualsiasi espressione valida in R. Spesso è costituito da un gruppo di espressioni racchiuso fra parentesi graffe

Funzioni: esempi (1)

```
# Funzione per il calcolo della statistica di Golub  
# x,y : vettori di cui si vuole calcolare la statistica di golub  
# La funzione ritorna il valore della statistica di Golub
```

```
golub <- function(x, y) {  
  mx <- mean(x);  
  my <- mean(y);  
  vx <- sd(x);  
  vy <- sd(y);  
  g <- (mx-my) / (vx+vy);  
  return(g);  
}
```



argomenti

La sequenza di istruzioni del corpo della funzione deve essere racchiusa fra parentesi quadre

Funzioni: esempi (2)

Utilizzo della funzione di Golub:

- La funzione `golub` è memorizzata nel file “`golub.R`” (ma potrebbe essere memorizzata in un file con nome diverso)

- Caricamento in memoria della funzione. Due possibilità:

1. `< source("golub.R")`

2. Dal menu File/Source R code ...

- Chiamata della funzione:

```
> x<-runif(5) # primo argomento della funzione
```

```
> x
```

```
[1] 0.6826218 0.9587295 0.4718516 0.8284525 0.2080131
```

```
> y<-runif(5) # secondo argomento della funzione
```

```
> y
```

```
[1] 0.6966353 0.0964740 0.4310154 0.1467449 0.2801970
```

```
> golub(x,y) # chiamata della funzione
```

```
[1] 0.5553528
```

Argomenti formali e attuali

x e y sono *argomenti formali*:

```
> golub <- function(x, y) { ... }
```

Tali valori vengono sostituiti dagli *argomenti attuali* quando la funzione è chiamata:

```
< d1 >- runif(5)
```

```
< d2 >- runif(5)
```

$d1$ e $d2$ sono gli argomenti attuali che sostituiscono i formali e vengono effettivamente utilizzati all'interno della funzione:

```
< golub(d1, d2)
```

```
[1] 0.2218095
```

```
> d3 <- 1:5
```

```
< golub(d1, d3)
```

```
[1] -1.325527
```

Gli argomenti sono passati per valore

Le modifiche agli argomenti effettuate nel corpo delle funzioni non hanno effetto all' esterno delle funzioni stesse:

```
> fun1 <- function(x) { x <- x*2 }  
> y<-4  
< fun1 (y)  
> y  
[1] 4
```

In altre parole i valori degli argomenti attuali sono modificabili all' interno della funzione stessa, ma non hanno alcun effetto sulla variabile dell' ambiente chiamante.

Nell' esempio precedente la copia di x locale alla funzione viene modificata, ma non viene modificato il valore della variabile Y passata come argomento attuale alla funzione `fun1`

Modalità di assegnamento degli argomenti: assegnamento posizionale

Tramite questa modalità gli argomenti sono assegnati **in base alla loro posizione** nella lista degli argomenti:

```
> fun1 <- function (x, y, z, w) {}  
< fun1(1, 2, 3, 4)
```

L' argomento attuale 1 viene assegnato a x , 2 a y , 3 a z e 4 a w .

Altro esempio:

```
> sub <- function (x, y) {x-y}  
> sub(3, 2) # x<-3 e y<-2  
[1] 1  
> sub(2, 3) # x<-2 e y<-3  
[1] -1
```

Modalità di assegnamento degli argomenti: assegnamento per nome

Tramite questa modalità gli argomenti sono assegnati **in base alla loro nome** nella lista degli argomenti:

```
> fun1 <- function (x, y, z, w) {}  
< fun1(x=1, y=2, z=3, w=4)
```

L' argomento attuale 1 viene assegnato a x , 2 a y , 3 a z e 4 a w .

Quando gli argomenti sono assegnati **per nome** non è necessario rispettare l'ordine degli argomenti:

```
fun1(y=2, w=4, z=3, x=1) ≡ fun1(x=1, y=2, z=3, w=4)
```

Ad esempio:

```
> sub <- function (x, y) {x-y}  
> sub(x=3, y=2) # x<-3 e y<-2  
[1] 1  
> sub(y=2, x=3) # x<-3 e y<-2  
[1] 1
```

Valori di default per gli argomenti

E' possibile stabilire valori predefiniti per tutti o per parte degli argomenti: tali valori vengono assunti dalle variabili a meno che non vengano esplicitamente modificati nella chiamata della funzione.

Esempio:

valori di default

```
> fun4 <- function (x, y, z=2, w=1) {x+y+z+w}
```

```
> fun4(1,2) # x<-1, y<-2, z<-2, w<-1
```

```
[1] 6
```

```
> fun4(1,2,5) # x<-1, y<-2, z<-5, w<-1
```

```
[1] 9
```

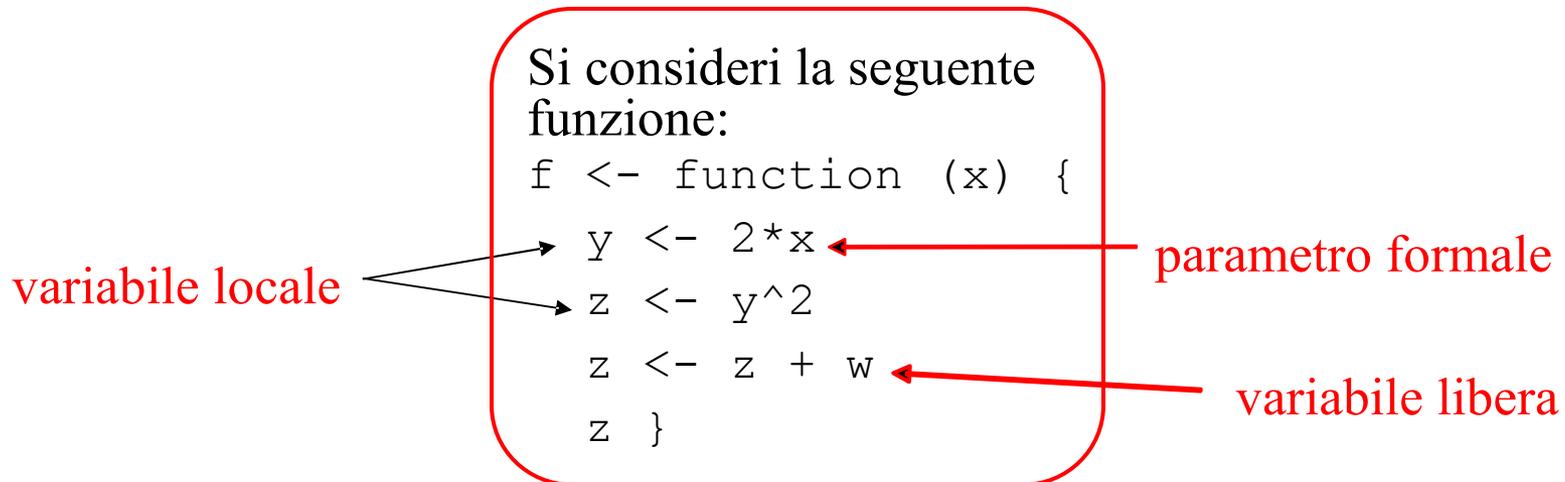
```
> fun4(1) # y non ha valore di default !
```

```
Error in fun4(1) : Argument "y" is missing, with no  
default
```

Parametri formali, variabili locali e variabili libere

Le variabili che non sono nè parametri formali e nè variabili locali sono chiamate **variabili libere**.

Il binding delle variabili libere viene risolto cercando la variabile nell'ambiente in cui la funzione è stata creata:



```
< f) 3 (  
Error in f(3) : Object "w" not found  
> w <- 3  
< f) 3 (  
[1] 39
```

L'operatore di “superassegnamento”

- Il passaggio dei parametri alle funzioni avviene per valore.
- Tramite l'operatore di superassegnamento '`<<-`' è però possibile modificare il valore della variabile nell'ambiente di livello superiore

```
f <- function (x)
{
  y <- x/2;
  z <- y^2;
  x <<- z-1;
}
```

superassegnamento



`x <<- z-1;`

Quando la funzione `f` viene chiamata il valore della variabile `x` viene modificato:

```
< x=1; f(x)
> x
[1] -0.75
```

Se la variabile `x` non viene trovata nell'ambiente top-level, `x` viene creata e le viene assegnato il valore calcolato dalla funzione:

```
< rm(x); f(1)
> x
[1] -0.75
```

Programmazione modulare

Le funzioni R possono richiamare altre funzioni, permettendo in tal modo di strutturare i programmi in modo “gerarchico”:

```
# funzioni di "secondo livello" chiamate dalla funzioni
# P1 e P2
S1 <- function (x) {... }
S2 <- function () {... }
S3 <- function () {... }

# funzioni di primo livello" chiamate dalla funzione
# principale
P1 <- function (x) { S1(x); S3(); }
P2 <- function (x) { S2(); S1(x); ... }

# funzione principale del programma R
MainProgram <- function(x,y,z) {P1(x); P2(y); P1(z) ... }
```

Main program

P1

S1

S3

P2

S2

S1

...

Programmazione top-down

- La programmazione modulare consente di affrontare i problemi “dall’ alto al basso” (approccio *top-down*), cercando cioè di partire dal problema principale definito come una funzione (MainProgram nell’ esempio precedente) con determinati ingressi (dati del problema che si vuole risolvere) ed uscite (risposte/soluzioni al problema)
- Dal problema principale si cerca poi di individuare un insieme di sottoproblemi tramite cui sia possibile risolvere il problema principale; i sottoproblemi sono risolti tramite le funzioni P1 e P2.
- A loro volta i sottoproblemi P1 e P2 si possono essere scomposti in sotto-sottoproblemi (implementati tramite le funzioni S1, S2, S3)
- Il processo di scomposizione dei problemi “dall’ alto al basso” può proseguire ancora o arrestarsi a seconda della tipologia del problema.
- In generale tale approccio non è lineare, ma richiede raffinamenti successivi
- R consente anche altri tipi di approcci al design del software (ad es: approccio bottom-up, object-oriented)

Esercizi (I)

1. Scrivere una funzione *compute.mean.var* che, avendo come argomento una lista di vettori numerici, calcoli la media e la varianza per ciascun elemento della lista.
2. Scrivere una funzione *find.stop.codon* che, ricevuto come argomento un vettore di “triplette” del codice genetico ritorni un messaggio “codon di stop trovato” o “codon di stop non trovato” a seconda che una delle triplette “UAA”, “UAG” o “UGA” sia presente o meno nel vettore di ingresso.
3. Scrivere una funzione *find.codon* che, ricevuto in ingresso un vettore di “triplette” del codice genetico ed una tripletta codon arbitraria, stampi sullo schermo un messaggio di codon trovato e la sua posizione, o un messaggio di codon non trovato.
In caso però’ incontri prima un codon di stop deve stampare un messaggio di stop codon trovato, la sua posizione e terminare.

Esercizi (II)

4. Scrivere una funzione *analyze_string* che ricevuto in ingresso una stringa arbitraria calcoli la frequenza dei simboli componenti la stringa stessa
5. Scrivere una funzione che calcoli i numeri di Fibonacci
6. Scrivere un programma *analyze* che calcoli alcune semplici statistiche relative a 5 diverse tipologie di analisi. In particolare *analyze* deve:
 1. Leggere da un file una matrice con un numero arbitrario di righe (ogni riga rappresenta un campione) e con 5 colonne che rappresentano dati numerici relativi a 5 diverse analisi.
 2. Trasformi la matrice in un data frame con variabili *var1, var2, ..., var5*.
 3. Memorizzi il data frame in un file
 4. Per ogni variabile calcoli media, deviazione standard.
 5. Stampi sullo schermo i valori relativi a media e deviazione standard per ogni variabile
7. Scrivere una funzione *CalcCovCor* che calcoli le matrici di covarianza e di correlazione fra n variabili i cui valori siano generati casualmente. La funzione deve permettere di specificare il numero delle realizzazioni (campioni) generati casualmente ed il tipo di generazione (secondo la distribuzione uniforme o gaussiana). Le matrici vanno poi memorizzate in 2 diversi file (i cui nomi devono essere specificati dall'utente).