

Prova scritta di Metodi Informatici per la Biologia

DATA:

NOME:

COGNOME:

MATRICOLA:

Di seguito sono elencate, per le diverse parti del Corso, alcune domande con 4 possibili relative risposte, delle quali UNA SOLA è vera. Ciascuno studente dovrà scegliere, per ogni domanda, UNA SOLA possibile risposta, barrando il quadrato corrispondente nella colonna a destra.

Parte Generale:

1) Perchè la RAM si chiama così (Random Access Memory)?:

- La velocità di accesso alle singole celle varia a caso
- I dati sono inseriti al suo interno in maniera disordinata
- Il tempo necessario per accedere ad una cella è lo stesso, indipendentemente dalla posizione della cella nella sequenza
- Nessuna delle precedenti risposte

2) Un algoritmo è:

- Una successione di operazioni elementari che possono essere eseguite da un calcolatore
- Una informazione da elaborare rappresentata in un formato che consenta al programma di operare su di essa
- Una descrizione grafica della logica del programma
- Nessuna delle precedenti risposte

3) Definiamo effettiva per un esecutore la soluzione di un problema quando:

- L'esecutore è in grado di interpretare la descrizione di tale soluzione e associare ad essa le azioni che deve compiere per eseguirla
- L'esecutore è in grado di compiere tali azioni completandone l'esecuzione in un tempo infinito
- Due soggetti giudicano come effettiva la stessa soluzione di un problema ma poi compiono azioni che producono risultati differenti
- Nessuna delle precedenti risposte

4) La CPU:

- è composta dai soli registri
- è composta da una Unità di controllo, una Unità aritmetico logica e dai registri
- è un componente unico non composto da sottoparti
- comprende le periferiche

5) Il processo di sviluppo di un programma è organizzato in:

- Formalizzazione -> Programmazione -> Analisi -> Traduzione
- Programmazione -> Analisi -> Formalizzazione -> Traduzione
- Traduzione -> Analisi -> Formalizzazione -> Programmazione
- Analisi -> Traduzione -> Formalizzazione -> Programmazione

6) Perché una descrizione formale di una soluzione sia un algoritmo devono essere soddisfatti i /il seguenti/e requisiti/o:

- Finitezza

- Generalità

- Non ambiguità

- Tutti e tre i precedenti

R Reference Card 2.0

Operators

`<-` Left assignment, binary
`->` Right assignment, binary
`=` Left assignment, but not recommended
`<->` Left assignment in outer lexical scope; not for beginners
`$` List subset, binary
`-` Minus, can be unary or binary
`+` Plus, can be unary or binary
`~` Tilde, used for model formulae
`:` Sequence, binary (in model formulae: interaction)
`::` Refer to function in a package, i.e., `pkg::function`; usually not needed
`*` Multiplication, binary
`/` Division, binary
`^` Exponentiation, binary
`%x%` Special binary operators, x can be replaced by any valid name
`%%` Modulus, binary
`%/%` Integer divide, binary
`%*%` Matrix product, binary
`%o0%` Outer product, binary
`%ox%` Kronecker product, binary
`%in%` Matching operator, binary (in model formulae: nesting)
`summary(x)` generic function to give a "summary" of x, often a statistical one
`str(x)` display the internal structure of an R object
`ls()` show objects in the search path; specify `pat="pat"` to search on a pattern
`ls.str()` str for each variable in the search path
`dir()` show files in the current directory
`methods(x)` shows S3 methods of x
`methods(class=x)` lists all the methods to handle objects of class x
`findFn()` searches a database of help packages for functions and returns a `data.frame (sos)`

Getting help and info

?topic same as above; special chars need quotes: for example `?&&'`
`help(topic)` documentation on topic
`help.search("topic")` search the help system; same as `?topic`
`apropos("topic")` the names of all objects in the search list matching the regular expression
`"topic"`
`help.start()` start the HTML version of help

`summary(x)` generic function to give a "summary" of x, often a statistical one
`str(x)` display the internal structure of an R object
`ls()` show objects in the search path; specify `pat="pat"` to search on a pattern
`ls.str()` str for each variable in the search path
`dir()` show files in the current directory
`methods(x)` shows S3 methods of x
`methods(class=x)` lists all the methods to handle objects of class x
`findFn()` searches a database of help packages for functions and returns a `data.frame (sos)`

Other R References

CRAN task views are summaries of R resources for task domains at: cran.r-project.org/web/views
 Can be accessed via `ctv` package
R FAQ: cran.r-project.org/doc/FAQ/R-FAQ.html
R Functions for Regression Analysis, by Vito Ricci: cran.r-project.org/doc/contrib/Ricci-refcard-regression.pdf

R Functions for Time Series Analysis, by Vito Ricci: cran.r-project.org/doc/contrib/Ricci-refcard-ts.pdf
R Reference Card for Data Mining, by Yanchang Zhao: www.rdatamining.com/docs/R-refcard-data-mining.pdf
R Reference Card, by Jonathan Baron: cran.r-project.org/doc/contrib/refcard/r.pdf

Indexing vectors

`x[n]` nth element
`x[-n]` all but the nth element
`x[1:n]` first n elements
`x[-(1:n)]` elements from n+1 to end
`x[c(1,4:2)]` specific elements
`x["name"]` element named "name"
`x[x > 3]` all elements greater than 3
`x[x > 3 & x < 5]` all elements between 3 and 5
`x[x %in% c("a","if")]` elements in the given set

Indexing lists

`x[n]` list with elements n
`x[[n]]` nth element of the list
`x[["name"]]` element named "name"
`x$name` as above (w. partial matching)

Indexing matrices

`x[i,j]` element at row i, column j
`x[i,]` row i
`x[,j]` column j
`x[c(1,3),]` columns 1 and 3
`x["name",]` row named "name"

Indexing matrices data frames (same as matrices plus the following)

`X[["name"]]` column named "name"
`x$name` as above (w. partial matching)

Input and output (I/O)

R data object I/O
`data(x)` loads specified data set; if no arg is given it lists all available data sets
`save(file,...)` saves the specified objects (...) in XDR platform-independent binary format
`save.image(file)` saves all objects
`load(file)` load datasets written with save

Packages

`install.packages("pkgs", lib)` download and install pkgs from repository (lib) or other external source
`update.packages` checks for new versions and offers to install
`library(pkg)` loads pkg, if pkg is omitted it lists packages
`detach("package:pkg")` removes pkg from memory

Database I/O

Useful packages: *DBI* interface between R and relational DBMS; *RJDBC* access to databases through the JDBC interface; *RMySQL* interface to MySQL database; *RODBC* ODBC database access; *ROracle* Oracle database interface driver; *Rpgsql* interface to PostgreSQL database; *RSQlite* SQLite interface for R

7) I Linguaggi Assembly:	
• Sono versioni binarie dei linguaggi hardware	<input type="checkbox"/>
• Sono versioni simboliche dei linguaggi hardware	<input type="checkbox"/>
• Sono linguaggi hardware	<input type="checkbox"/>
• Nessuna delle precedenti risposte	<input type="checkbox"/>
8) Il Firmware è:	
• Un software integrato direttamente in un componente elettronico	<input type="checkbox"/>
• Il marchio del produttore del personal computer	<input type="checkbox"/>
• Un programma modificabile dall'utente	<input type="checkbox"/>
• Un programma che gestisce la memoria	<input type="checkbox"/>
9) L'interprete dei dati è:	
• Un software di traduzione linguistica	<input type="checkbox"/>
• Un software che converte tra loro vari linguaggi di programmazione	<input type="checkbox"/>
• Un software che fa da tramite tra le periferiche di input e il processore	<input type="checkbox"/>
• Un componente hardware	<input type="checkbox"/>
10) La tecnica di programmazione:	
• E' legata ad uno specifico linguaggio	<input type="checkbox"/>
• Non è legata ad un linguaggio e si può abbinare a qualsiasi linguaggio	<input type="checkbox"/>
• Non è legata ad un linguaggio, anche se alcuni linguaggi sono ideali per essere abbinati ad una specifica tecnica di programmazione	<input type="checkbox"/>
• Nessuna delle precedenti risposte	<input type="checkbox"/>
11) Il Dithering è:	
• Un software per la dettatura	<input type="checkbox"/>
• Una tecnica per creare l'illusione della profondità di colore in immagini dotate di una tavolozza limitata	<input type="checkbox"/>
• Una tecnica per comprimere un'immagine senza (apparentemente) diminuirne la qualità	<input type="checkbox"/>
• Nessuna delle precedenti risposte	<input type="checkbox"/>
12) Nell'algebra di Boole, la seguente definizione: (3 E' UN NUMERO PARI) & (3 E' MINORE DI 2) è:	
• VERA	<input type="checkbox"/>
• FALSA	<input type="checkbox"/>
• Indeterminata	<input type="checkbox"/>
• assurda	<input type="checkbox"/>
13) Nell'algebra di Boole, la seguente definizione: (3 E' UN NUMERO DISPARI) (5 E' MINORE DI 4) è:	
• VERA	<input type="checkbox"/>
• FALSA	<input type="checkbox"/>
• Indeterminata	<input type="checkbox"/>
• assurda	<input type="checkbox"/>
14) Nell'algebra di Boole, l'UNIONE dell'Insieme N (Numeri interi) e dell'Insieme R (Numeri Reali) è:	
• Coincidente con l'Insieme N	<input type="checkbox"/>
• Insieme vuoto	<input type="checkbox"/>
• sottoinsieme R dei numeri Reali positivi	<input type="checkbox"/>
• Coincide con l'insieme R	<input type="checkbox"/>
15) Nell'ambito delle tecniche GIS, un BUFFER è:	
• Un'operazione che definisce una distanza costante rispetto all'entità di riferimento	<input type="checkbox"/>
• Un'operazione che definisce una linea creata sulla base di una distanza generalmente, ma non necessariamente, costante rispetto all'entità di riferimento	<input type="checkbox"/>
• Un'operazione che definisce un'entità areale creata sulla base di una distanza generalmente, ma non necessariamente, costante rispetto all'entità di riferimento	<input type="checkbox"/>
• Nessuna delle precedenti risposte	<input type="checkbox"/>

<p>Other file I/O</p> <pre>read.table(file), read.csv(file), read.delim("file"), read.fwf("file")</pre> <p>read a file using defaults sensible for a table/csv/delimited/fixed-width file and create a data frame from it.</p> <pre>write.table(x,file), write.csv(x,file)</pre> <p>converts x to a data frame</p> <p>txtStart and txtStop: saves a transcript of commands and/or output to a text file (<i>TeachingDemos</i>)</p> <pre>download.file(url) from internet</pre> <pre>url.show(url) remote input</pre> <pre>cat(..., file="", sep="") prints the arguments after coercing to character; sep is the character separator between arguments</pre> <pre>print(x, ...) prints its arguments; generic, meaning it can have different methods for different objects</pre> <pre>format(x,...) format an R object for pretty printing</pre> <pre>sink(file) output to file, until sink()</pre>	<p>Data conversion</p> <pre>as.array(x), as.character(x), as.data.frame(x), as.factor(x), as.logical(x), as.numeric(x),</pre> <p>convert type; for a complete list, use methods(as)</p> <p>Data information</p> <pre>is.na(x), is.null(x), is.nani(x); is.array(x), is.data.frame(x), is.numeric(x), is.complex(x), is.character(x); for a complete</pre> <p>list, use methods(is)</p> <p>x prints x</p> <p>head(x), tail(x) returns first or last parts of an object</p> <p>summary(x) generic function to give a summary</p> <p>str(x) display internal structure of the data</p> <p>length(x) number of elements in x</p> <p>dim(x) Retrieve or set the dimension of an object;</p> <pre>dim(x) <- c(3,2)</pre> <p>Clipboard I/O</p> <p>File connections of functions can also be used to read and write to the clipboard instead of a file</p> <p>Mac OS: x <- read.delim(pipe("pbpaste"))</p> <p>Windows: x <- read.delim("dipboard")</p> <p>See also read.clipboard (psych)</p>	<p>Data creation</p> <p>c(...) generic function to combine arguments with the default forming a vector; with recursive=TRUE descends through lists combining all elements into one vector</p> <p>from,to generates a sequence; ":" has operator priority; 1:4 + 1 is "2,3,4,5"</p> <p>seq(from,to) generates a sequence by= specifies increment; length= specifies desired length</p> <p>seq(along=x) generates 1, 2, ..., length(along); useful in for loops</p> <p>rep(x,times) replicate x times; use each to repeat "each" element of x each times; rep(c(1,2,3),2) is 1 2 3 1 2 3; rep(c(1,2,3),each=2) is 1 1 2 2 3 3</p> <p>data.frame(...) create a data frame of the named or unnamed arguments data.frame (y=1:4, ch=c("a","B","C","d"), n=10); shorter vectors are recycled to the length of the longest</p> <p>list(...) create a list of the named or unnamed arguments; list(a=c(1,2),b="hi", c=3);</p> <p>Data selection and manipulation</p> <pre>which,max(x), which,min(x) returns the index of the greatest/smallest element of x</pre> <pre>rev(x) reverses the elements of x</pre> <pre>sort(x) sorts the elements of x in increasing order; to sort in decreasing order: rev(sort(x))</pre> <p>cut(x,breaks) divides x into intervals (factors); breaks is the number of cut intervals or a vector of cut points</p> <p>match(x,y) returns a vector of the same length as x with the elements of x that are in y (NA otherwise)</p> <p>which(x == a) returns a vector of the indices of x if the comparison operation is true (TRUE), in this example the values of i for which x[i] == a (the argument of this function must be a variable of mode logical)</p> <p>choose(n,k) computes the combinations of k events among n repetitions = n!/(n - k)!k!</p> <p>na.omit(x) suppresses the observations with missing data (NA)</p> <p>na.fail(x) returns an error message if x contains at least one NA</p> <p>complete.cases(x) returns only observations (rows) with no NA</p> <p>unique(x) if x is a vector or a data frame, returns a similar object but with the duplicates suppressed</p> <p>table(x) returns a table with the numbers of the different values of x (typically for integers or factors)</p> <p>split(x,f) divides vector x into the groups based on f</p> <p>subset(x,...) returns a selection of x with respect to criteria (...); typically comparisons: x\$V1 < 10; if x is a data frame, the option select gives variables to be kept (or dropped, using a minus)</p> <p>sample(x, size) resample randomly and without replacement size elements in the vector x, for sample with replacement use: replace = TRUE</p> <p>sweep(x, margin, stats) transforms an array by sweeping out a summary statistic</p> <p>prop.table(x,margin) table entries as fraction of marginal table</p> <p>xtabs(a ~ b,data=x) a contingency table from cross-classifying factors</p> <p>replace(x, list, values) replace elements of x listed in index with values</p>
<p>16) In ambiente R, la seguente funzione:</p> <pre>Csum <- function(vseries){</pre>		

```

csum=0
for(i in 1:length(vseries)) csum=csum+vseries[i]
return(csum)
}

```

serve a:

- Calcolare la lunghezza di un vettore numerico
- Calcolare la somma di tutti gli elementi di un vettore numerico
- Calcolare la somma di alcuni elementi (specificati dall'utente) di un vettore numerico
- Nessuna delle precedenti

17) Nell'ambito delle tecniche GIS, una QUERY è:

- l'uso di operatori elementari in sequenza allo scopo di risolvere problemi spaziali complessi
- la sovrapposizione di due o più strati informativi (layer)
- L'operazione di estrazione di informazioni sia spaziali che alfanumeriche da un GIS
- Un attributo dei dati

18) In cartografia, la Proiezione è:

- Il metodo per sovrapporre due o più strati informativi (layer)
- Il sistema di riferimento dei dati
- Una tecnica di compressione dei dati
- Il procedimento mediante il quale si passa dalla superficie sferica della Terra ad una superficie bidimensionale

19) Un automa cellulare è:

- è un modello matematico usato per descrivere l'evoluzione di sistemi complessi discreti, studiati in teoria della computazione, matematica, fisica e biologia
- Un individuo virtuale di un modello
- La rappresentazione matematica di una cellula vivente
- Un software di analisi dei dati

20) Quale tra i seguenti word processor appartiene alla filosofia WYSIWYM (What You See Is What You Mean):

- Microsoft Word
- Notepad
- Adobe Acrobat
- Latex

Data reshaping	Math	Matrices
<code>merge(a,b)</code> merge two data frames by common col or row names	Many math functions have a logical parameter <code>na.rm=FALSE</code> to specify missing data removal.	<code>t(x)</code> transpose <code>diag(x)</code> diagonal %/*% matrix multiplication
<code>stack(x,...)</code> transform data available as separate cols in a data frame or list into a single col	<code>sin,cos,tan,asin,acos,atan,atan2,log,log10,exp</code>	<code>solve(a,b)</code> solves a %/*% $x = b$ for x solve(a) matrix inverse of a
<code>unstack(x,...)</code> inverse of <code>stack()</code>	<code>min(x), max(x)</code> min/max of elements of x	<code>rowsum(x), colsum(x)</code> sum of rows/cols for a matrix-like object (consider <code>rowMeans(x)</code> , <code>colMeans(x)</code>)
<code>rbind(...)</code> , <code>cbind(...)</code> combines supplied matrices, data frames, etc. by rows or cols	<code>rangef(x)</code> min and max elements of x	
<code>melt(data, id.vars, measure.vars)</code> changes an object into a suitable form for easy casting, (<code>reshape2</code> package)	<code>sum(x)</code> sum of elements of x	
<code>cast(data, formula, fun)</code> applies fun to melted data using formula (<code>reshape2</code> package)	<code>diff(x)</code> lagged and iterated differences of vector x	
<code>recast(data, formula)</code> melts and casts in a single step (<code>reshape2</code> package)	<code>prod(x)</code> product of the elements of x	
<code>round(x, n)</code> rounds the elements of x to n decimals	<code>round(x, n)</code>	
<code>log(x, base)</code> computes the logarithm of x	<code>log(x)</code>	
<code>scale(x)</code> centers and reduces the data; can center only (scale=FALSE) or reduce only (center=FALSE)	<code>center(x)</code>	Family of distribution functions, depending on first letter either provide: r(random sample), p(probability density), q(umulative probability density), or q(quantile):
<code>pmin(x,y...), pmax(x,y...)</code> parallel	<code>pmin(x)</code>	<code>rnorm(n, mean=0, sd=1)</code> Gaussian (normal)
minimum/maximum, returns a vector in which ith element is the min/max of $x[i], y[i], \dots$	<code>maximum(x)</code>	<code>rexp(n, rate=1)</code> exponential
<code>cumsum(x), cummin(x), cummax(x), cumprod(x)</code>	<code>cumsum(x)</code>	<code>rgamma(n, shape, scale=1)</code> gamma
a vector which ith element is the sum/min/max from $x[1:n]$ to $x[i]$	<code>cummin(x)</code>	<code>rpois(n, lambda)</code> Poisson
<code>union(x,y), intersect(x,y), setdiff(x,y), setequal(x,y), is.element(el, set)</code>	<code>setdiff(x,y)</code>	<code>rweibull(n, shape, scale=1)</code> Weibull
functions	<code>intersect(x,y)</code>	<code>recauchy(n, location=0, scale=1)</code> Cauchy
<code>Re(x)</code> real part of a complex number	<code>setequal(x,y)</code>	<code>rbeta(n, df1, df2)</code> Fisher-Snedecor (F)
<code>Im(x)</code> imaginary part	<code>setequal(x,y)</code>	<code>rchi2q(n, df)</code> Pearson
<code>Mod(x)</code> modulus; <code>abs(x)</code> is the same	<code>setequal(x,y)</code>	<code>rbinom(n, size, prob)</code> binomial
<code>Arg(x)</code> angle in radians of the complex number		<code>rgeom(n, prob)</code> geometric
<code>Conj(x)</code> complex conjugate		<code>rhyper(m, n, k)</code> hypergeometric
<code>convolve(x,y)</code> compute convolutions of sequences		<code>rlogis(n, location=0, scale=1)</code> logistic
<code>fft(x)</code> Fast Fourier Transform of an array		<code>rnorm(n, mean=0, sd=1)</code> lognormal
<code>mvfft(x)</code> FFT of each column of a matrix		<code>rbinom(n, size, prob)</code> negative binomial
<code>filter(x,filter)</code> applies linear filtering to a univariate time series or to each series separately of a multivariate time series		<code>runitif(n, min=0, max=1)</code> uniform
		<code>rwilcox(n, m, n)</code> , <code>rsignrank(n, m)</code> Wilcoxon
Applying functions repeatedly		
($m=$ matrix, $a=$ array, $l=$ list; $v=$ vector, $d=$ dataframe)		
<code>apply(x,index,fun)</code> input: m ; output: a or l ; applies function fun to rows/columns (index) of x		
<code>lapply(x,fun)</code> input l ; output l ; apply fun to each element of list x		
<code>sapply(x,fun)</code> input l ; output v ; user friendly wrapper for <code>lapply()</code> ; see also <code>replicate()</code>		
<code>tapply(x,index,fun)</code> input l ; output l ; applies fun to subsets of x , as grouped based on index		
<code>by(data,index,fun)</code> input df ; output is class “by”, wrapper for <code>tapply</code>		
<code>aggregate(x,by,fun)</code> input df ; output df ; applies fun to subsets of x , as grouped based on index. Can use formula notation.		
<code>ave(data,by,fun = mean)</code> gets mean (or other fun) of subsets of x based on list(s) by		
plyr package functions have a consistent names:		
The first character is input data type, second is output. These may be <code>d(dataframe)</code> , <code>l(list)</code> , <code>a(array)</code> , or <code>_</code> (discard). Functions have two or three main arguments, depending on input:		
<code>a*ply(.data, .margins, .fun, ...)</code>		
<code>d*ply(.data, .variables, .fun, ...)</code>		
<code>l*ply(.data, .fun, ...)</code>		
Three commonly used functions with <code>ply</code> functions are <code>summarise()</code> , <code>mutate()</code> , and <code>transform()</code>		

Ambiente R: Problema

Descrivere all'interno del box sottostante, il procedimento in R per:

- 1) Generare una matrice di 10 righe e 5 colonne, contenente numeri a caso tra 1 e 100;
- 2) Calcolare la somma di ciascuna riga della matrice, in modo da ottenere un vettore di tali somme;
- 3) Trovare il valore massimo di tale vettore.

E' consigliato l'uso del prontuario dei comandi allegati. Qualsiasi procedimento descritto, purchè porti al risultato corretto, sarà considerato soddisfacente per ottenere una buona valitazione.
Sono ammessi commenti ai comandi elencati.