Grundlagen der Datenanalyse mit R
(R 1)
Sommersemester 2013

und

Statistik und Simulation mit R
(R 2)
Wintersemester 2013/2014

Dr. Gerrit Eichner
Mathematisches Institut der
Justus-Liebig-Universität Gießen
Arndtstr. 2, D-35392 Gießen, Tel.: 0641/99-32104
E-Mail: gerrit.eichner@math.uni-giessen.de
URL: http://www.uni-giessen.de/cms/eichner

Inhaltsverzeichnis

1 Einführung **1**
1.1 Was ist **R**, woher kommt es und wo gibt es Informationen darüber? 1
1.2 Vor dem Start eines Projektes mit **R** (unter Microsoft-Windows) 2
1.3 Aufruf von **R** unter Microsoft-Windows 3
1.4 Eingabe und Ausführung von **R**-Befehlen 3
1.5 Benutzerdefinierte Objekte: Zulässige Namen, speichern und löschen 6
1.5.1 Die “command history” 7
1.5.2 Demos 7
1.5.3 Die Online-Hilfe 7
1.5.4 Beenden von **R** 9
1.6 **R**s “graphical user interface” unter Microsoft-Windows 9
1.7 Installation von Zusatzpaketen 12
1.8 Einführungsliteratur 12

2 Datenobjekte: Strukturen, Attribute, elementare Operationen **14**
2.1 Konzeptionelle Grundlagen 14
2.1.1 Atomare Strukturen/Vektoren 14
2.1.2 Rekursive Strukturen/Vektoren 15
2.1.3 Weitere Objekttypen und Attribute 15
2.1.4 Das Attribut „Klasse“ (“`class`”) 15
2.2 `numeric`-Vektoren: Erzeugung und elementare Operationen 15
2.2.1 Beispiele regelmäßiger Zahlenfolgen: `seq()` und `rep()` 16
2.2.2 Elementare Vektoroperationen 18
2.3 Arithmetik und Funktionen für `numeric`-Vektoren 19
2.3.1 Elementweise Vektoroperationen: Rechnen, runden, formatieren 20
2.3.2 Zusammenfassende und sequenzielle Vektoroperationen: Summen, Produkte, Extrema 21
2.3.3 “Summary statistics” (`summary()` etc.) 22
2.3.4 Mathematische Funktionen 23
2.4 `logical`-Vektoren und logische Operatoren 24
2.4.1 Elementweise logische Operationen 24
2.4.2 Zusammenfassende logische Operationen 26
2.5 `character`-Vektoren und elementare Operationen 27
2.5.1 Zusammensetzen von Zeichenketten: `paste()` 27
2.5.2 Benennung und „Entnennung“ von Vektorelementen: `names()` & `unname()` 28
2.5.3 Weiter Operationen: `strsplit()`, `nchar()`, `substring()`, `abbreviate()` & Co. 28
2.6 Indizierung und Modifikation von Vektorelementen: `[ ]` 30
2.6.1 Indexvektoren 30
2.6.2 Zwei spezielle Indizierungsfunktionen: `head()` und `tail()` 31
2.6.3 Indizierte Zuweisungen 31
2.7 Faktoren und geordnete Faktoren: Definition und Verwendung 32
2.7.1 Erzeugung von Faktoren (`factor()`, `gl()`) und Levelabfrage (`levels()`) . 33
2.7.2 Änderung der Levelsortierung (`relevel()` & (`reorder()`), Zusammenfassung von Levels (`leve`
2.7.3 Erzeugung von geordneten Faktoren: `ordered()`, `gl()` 34
2.7.4 Änderung der Levelordnung, Zusammenfassung von Levels, Löschen unnötiger Levels bei geord
2.7.5 Klassierung numerischer Werte und Erzeugung geordneter Faktoren: `cut()` 35
2.7.6 Tabellierung von Faktoren und Faktorkombinationen: `table()` 36
2.7.7 Aufteilung gemäß Faktor(en)gruppen, faktor(en)gruppierte Funktionsanwendungen: `split()`, `t`
2.8 Matrizen: Erzeugung, Indizierung, Modifikation und Operationen 38
2.8.1 Grundlegendes zu Arrays 38
2.8.2 Erzeugung von Matrizen: `matrix()` 38

2.8.3 Be-/Entnennung von Spalten und Zeilen: dimnames(), colnames(), rownames(), unname() 39
2.8.4 Erweiterung um Spalten oder Zeilen: cbind(), rbind() 40
2.8.5 Matrixdimensionen und Indizierung von Elementen: dim(), [], head() & tail() 40
2.8.6 Einige spezielle Matrizen: diag(), col() & row(), lower.tri() & upper.tri() 42
2.8.7 Ein paar wichtige Operationen der Matrixalgebra 43
2.8.8 Effiziente Berechnung von Zeilen- bzw. Spaltensummen oder -mittelwerten (auch gruppiert): c
2.8.9 Spaltenweise Standardabweichungen sowie Kovarianz und Korrelation zwischen Spalten: sd() s
2.8.10 Zeilen-/Spaltenweise Anwendung von Operationen:textttapply(), sweep(), scale() 44
2.8.11 Erzeugung spezieller Matrizen mit Hilfe von outer() 45
2.9 Listen: Konstruktion, Indizierung und Verwendung 46
2.9.1 Erzeugung und Indizierung: list(), [[ ]], head() bzw. tail() 46
2.9.2 Benennung von Listenelementen und ihre Indizierung: names() und $ . . 47
2.9.3 Komponentenweise Anwendung von Operationen: lapply(), sapply() & Co. 48
2.10 Data Frames: Eine Klasse „zwischen“ Matrizen und Listen 49
2.10.1 Indizierung: [ ], $, head() und tail() sowie subset() 49
2.10.2 Erzeugung: data.frame(), expand.grid() 50
2.10.3 Zeilen-/Spaltennamen: dimnames(), row.names(), case.names(), col.names(), names() 52
2.10.4 “Summary statistics” und Struktur eines Data Frames: summary() und str() 52
2.10.5 Komponentenweise Anwendung von Operationen: lapply(), sapply() . . 53
2.10.6 Anwendung von Operationen auf Faktor(en)gruppierte Zeilen: by() . . . 53
2.10.7 „Organisatorisches“ zu Data Frames und dem Objektesuchpfad: attach(), detach() und sea
2.10.8 Nützliche Transformationen: stack(), reshape(), merge(), das Paket reshape 57
2.11 Abfrage und Konversion der Objektklasse, Abfrage von NA, NaN, Inf, NULL 57

3 Import und Export von Daten bzw. ihre Ausgabe am Bildschirm 60
3.1 Import aus einer Datei: scan(), read.table() & Co. 60
3.1.1 Die Funktion scan() 60
3.1.2 Die Beispieldaten “SMSA” 63
3.1.3 Die Funktion read.table() und ihre Verwandten 64
3.2 Bildschirmausgabe und ihre Formatierung: print(), cat() & Helferinnen 67
3.3 Export in eine Datei: sink(), write(), write.table() 68
3.4 Dateiausgabe im TEX-, HTML- oder “Open-Document”-Format 69

4 Elementare explorative Grafiken 70
4.1 Grafikausgabe am Bildschirm und in Dateien 70
4.2 Explorative Grafiken für univariate Daten 70
4.2.1 Diskrete Häufigkeitsverteilungen: Balken-, Flächen-, Kreisdiagramme, Dot Charts 71
4.2.2 Metrische Verteilungen: Histogramme, Kern-Dichteschätzer, “stem-and-leaf”-Diagramme, Boxp
4.2.3 Zur Theorie und Interpretation von Boxplots und Q-Q-Plots 78
4.3 Explorative Grafiken für multivariate Daten 80
4.3.1 Bivariate diskrete Häufigkeitsverteilungen: Mosaikplots 80
4.3.2 Multivariate metrische Verteilungen: Streudiagramme 81
4.3.3 Trivariat metrische Daten: Bedingte Streudiagramme (“co-plots”) 84
4.3.4 Weitere Möglichkeiten und Hilfsmittel: stars(), symbols() 86

5 Wahrscheinlichkeitsverteilungen und Pseudo-Zufallszahlen 87
5.1 Die „eingebauten“ Verteilungen 87
5.2 Bemerkungen zu Pseudo-Zufallszahlen in **R** 89

6 Programmieren in R **90**
6.1 Definition neuer Funktionen: Ein Beispiel 90
6.2 Syntax der Funktionsdefinition 91
6.3 Verfügbarkeit einer Funktion und ihrer lokalen Objekte 91
6.4 Rückgabewert einer Funktion 92
6.5 Spezifizierung von Funktionsargumenten 92
6.5.1 Argumente mit default-Werten 93
6.5.2 Variable Argumentezahl: Das „Dreipunkteargument“ 93
6.5.3 Zuordung von Aktual- zu Formalparametern beim Funktionsaufruf 94
6.5.4 Nützliches für den Zugriff auf Argumentelisten und Argumente sowie auf den Quellcode existie
6.6 Kontrollstrukturen: Bedingte Anweisungen, Schleifen, Wiederholungen 97

7 Weiteres zur elementaren Grafik **100**
7.1 Grafikausgabe 100
7.2 Elementare Zeichenfunktionen: `plot()`, `points()`, `lines()` & Co. 100
7.3 Die Layoutfunktion `par()` und Grafikparameter für `plot()`, `par()` et al. 102
7.4 Achsen, Überschriften, Untertitel und Legenden 104
7.5 Einige (auch mathematisch) nützliche Plotfunktionen 106
7.5.1 Stetige Funktionen: `curve()` 106
7.5.2 Geschlossener Polygonzug: `polygon()` 106
7.5.3 Beliebige Treppenfunktionen: `plot()` in Verbindung mit `stepfun()` . . . 107
7.5.4 Die empirische Verteilungsfunktion: `plot()` in Verbindung mit `ecdf()` . . 108
7.5.5 „Fehlerbalken“: `errbar()` im Package `Hmisc` 108
7.5.6 Mehrere Polygonzüge „auf einmal“: `matplot()` 108
7.6 Interaktion mit Plots 109

8 Zur para- und nicht-parametrischen Inferenzstatistik in Ein- und Zweistichprobenproblemen
8.1 Auffrischung des Konzepts statistischer Tests 111
8.1.1 Motivation anhand eines Beispiels 111
8.1.2 Null- & Alternativhypothese, Fehler 1. & 2. Art 111
8.1.3 Konstruktion eines Hypothesentests im Normalverteilungsmodell 113
8.1.4 Der p-Wert 115
8.2 Konfidenzintervalle für die Parameter der Normalverteilung 117
8.2.1 Der Erwartungswert μ 117
8.2.2 Die Varianz σ^2 119
8.2.3 Zur Fallzahlschätzung für Konfidenzintervalle mit vorgegebener „Präzision“ 119
8.3 Eine Hilfsfunktion für die explorative Datenanalyse 120
8.4 Ein Einstichproben-Lokationsproblem 122
8.4.1 Der Einstichproben-t-Test 122
8.4.2 Wilcoxons Vorzeichen-Rangsummentest 124
8.4.3 Wilcoxons Vorzeichentest 127
8.5 Zweistichproben-Lokations- und Skalenprobleme 127
8.5.1 Der Zweistichproben-F-Test für der Vergleich zweier Varianzen 127
8.5.2 Der Zweistichproben-t-Test bei unbekannten, aber gleichen Varianzen . . 129
8.5.3 Die Welch-Modifikation des Zweistichproben-t-Tests 130
8.5.4 Wilcoxons Rangsummentest (Mann-Whitney U-Test) 131
8.6 Das Zweistichproben-Lokationsproblem für verbundene Stichproben 134
8.6.1 Die Zweistichproben-t-Tests bei verbundenen Stichproben 135
8.6.2 Wilcoxons Vorzeichen-Rangsummentest für verbundene Stichproben . . . 137
8.7 Tests auf Unabhängigkeit 139
8.7.1 Der Pearsonsche Korrelationskoeffizient 141
8.7.2 Der Spearmansche Rangkorrelationskoeffizient 142

8.7.3 Der Kendallsche Rangkorrelationskoeffizient 143
8.8 Die einfache lineare Regression 147
8.9 Die Formelversionen der Funktionen für die Zweistichprobentests 149
8.10 Zu Tests für Quotienten von Erwartungswerten der Normalverteilung 151
8.11 Zu Verfahren zur p-Wert-Adjustierung bei multiplen Tests 151
8.12 Testgüte und Fallzahlschätzung für Lokationsprobleme 152
8.12.1 Der zweiseitige Einstichproben-Gaußtest 152
8.12.1.1 Herleitung der Gütefunktion 152
8.12.1.2 Interpretation und Veranschaulichung der Gütefunktion 153
8.12.1.3 Verwendungen für die Gütefunktion 155
8.12.1.4 Das Problem der unbekannten Varianz 156
8.12.2 Der zweiseitige Einstichproben-t-Test 157
8.12.2.1 Herleitung der Gütefunktion 157
8.12.2.2 Verwendung der Gütefunktion 158
8.12.3 Der einseitige Einstichproben-t-Test 160
8.12.3.1 Gütefunktion: Herleitung, Eigenschaften und Veranschaulichung 160
8.12.3.2 Verwendung der Gütefunktion 161
8.12.4 Die Zweistichproben-t-Tests 162
8.12.4.1 Zwei verbundene Stichproben 162
8.12.4.2 Zwei unverbundene Stichproben 164

9 Zur Inferenzstatistik und Parameterschätzung für Nominaldaten 166
9.1 Bernoulli-Experimente mit `sample()` 166
9.2 Einstichprobenprobleme im Binomialmodell 167
9.2.1 Der exakte Test für die Auftrittswahrscheinlichkeit p: `binom.test()` . . . 167
9.2.2 Der approximative Test für p: `prop.test()` 168
9.2.3 Konfidenzintervalle für p 169
9.2.4 Hinweis zur Fallzahlschätzung für Konfidenzintervalle für p 171
9.3 Mehrstichprobentests im Binomialmodell 172
9.3.1 Zur Theorie der approximativen k-Stichproben-Binomialtests (Pearsons X^2-Tests)172
9.3.2 Zur Implementation der k-Stichproben-Binomialtests: `prop.test()` . . . 174
9.3.2.1 Der Fall $k = 2$ Stichproben 174
9.3.2.2 Der Fall $k \geq 3$ Stichproben 175
9.4 Testgüte und Fallzahlschätzung im Binomialmodell 176
9.4.1 Einseitiger und zweiseitiger Einstichprobentest 176
9.4.2 Einseitiger und zweiseitiger Zweistichprobentest: `power.prop.test()` . . 177
9.5 Tests im Multinomialmodell 179
9.5.1 Multinomial-Experimente mit `sample()` 179
9.5.2 Der approximative χ^2-Test im Multinomialmodell: `chisq.test()` 180
9.6 Kontingenztafeln 181
9.6.1 χ^2-Test auf Unabhängigkeit zweier Faktoren und auf Homogenität 181
9.6.1.1 Zum Fall der Unabhängigkeit 182
9.6.1.2 Zum Fall der Homogenität 183
9.6.1.3 Der approximative χ^2-Test auf Unabhängigkeit und der approximative χ^2-Test auf H
9.6.2 Fishers Exakter Test auf Unabhängigkeit zweier Faktoren 187
9.6.2.1 Die Implementation durch `fisher.test()` 188
9.6.2.2 Der Spezialfall der (2×2)-Tafel: Die Odds Ratio 189
9.6.3 Kontingenztafeln für $k \geq 2$ Faktoren und ihre Darstellung: `xtabs()` & `ftable()`192
9.6.3.1 Der Fall bereits registrierter absoluter Häufigkeiten 192
9.6.3.2 Der Fall explizit aufgeführter Levelkombinationen 195

Literatur 197

1 Einführung

1.1 Was ist R, woher kommt es und wo gibt es Informationen darüber?

R ist eine nicht-kommerzielle „Umgebung“ für die Bearbeitung, grafische Darstellung und (in der Hauptsache statistische) Analyse von Daten. Es besteht aus einer Programmiersprache (die interpretiert und nicht kompiliert wird) und einer Laufzeitumgebung (unter anderem mit Grafik, einem “Debugger”, Zugriff auf gewisse Systemfunktionen und der Möglichkeit, Programmskripte auszuführen). **R** bietet eine flexible Grafikumgebung für die explorative Datenanalyse und eine Vielzahl klassischer sowie moderner statistischer und numerischer Verfahren für die Datenanalyse und Modellierung. Viele sind in die “base distribution” (Grundausstattung) von **R**, kurz “base **R**”, integriert, aber zahlreiche weitere stehen in aktuell (April 2013) über 4430 von NutzerInnen beigesteuerten, sogenannten “(add-on-)packages” zur Verfügung, die bedarfsweise sehr leicht zusätzlich zu installieren sind. Außerdem können benutzereigene, problemspezifische Funktionen einfach und effektiv programmiert werden.

Die offizielle Homepage des **R**-Projektes ist `http://www.r-project.org`. Sie ist die Quelle aktuellster Informationen sowie zahlreicher weiterführender Links, von denen einige im Folgenden noch genannt werden, wie zum Beispiel zu Manualen, Büchern und den – sehr empfehlenswerten – “Frequently Asked Questions”, kurz FAQs. (Siehe auf jener Homepage in der Rubrik “Documentation” die Punkte “Manuals”, “Books” und “FAQs”.) Die Software **R** selbst wird unter `http://cran.r-project.org` sowohl für verschiedene Unix-„Derivate“, für Microsoft-Windows als auch für Mac OS X bereitgehalten. Außerdem ist dort hinter “Contributed” ein Link zu noch mehr von Nutzern beigesteuerten Manualen und Tutorien. Sehr nützlich sind auch die unter dem Link “Task Views” zu großen Themen zusammengestellten so genannten “CRAN Task Views” (bisher 31 an der Zahl). Sie können einen strukturierten und kommentierten, themenspezifischen ersten Überblick verschaffen über einen Teil der oben bereits erwähnten hohen Anzahl an Zusatzpaketen und liefern ein Werkzeug für die automatische Installation aller zu den jeweiligen Themen gehörenden Pakete.

Weitere evtl. sehr interessante Informationsquellen:

- Es existiert ein Wiki unter `http://rwiki.sciviews.org` mit vielen Hilfeseiten zu **R**-spezifischen Themen und Problemen.
- Auf der Seite “Stack Overflow” (die zum “Stack Exchange”-Netzwerk von “free, community-driven Q & A sites” gehört und eine solche für “professional and enthusiast programmers” ist) sind unter dem “tag” R derzeit mehr als 27500 (!) **R**-spezifische Fragen und Antworten gesammelt, zu denen man via `http://stackoverflow.com/questions/tagged/r` direkt gelangt. Sie sind dort noch feiner kategorisierbar.
- Bei `http://gallery.r-enthusiasts.com/` befindet sich die “R Graph Gallery” zahlreicher, mit **R** angefertigter, exzellenter Grafiken (samt ihres **R**-Codes), die nach verschiedenen Kriterien durchsuch- und sortierbar sind.
- `http://journal.r-project.org` ist die Web-Site der offiziellen, referierten Zeitschrift des **R**-Projektes für “statistical computing”.
- Die hoch aktive E-Mail-Liste **R-help** ist ein hervorragendes Medium, um Diskussionen über und Lösungen für Probleme mitzubekommen bzw. selbst Fragen zu stellen (auch wenn der Umgangston gelegentlich etwas rauh ist). Zugang zu dieser Liste ist über den Link “Mailings Lists” auf der o. g. Homepage des **R**-Projektes möglich, oder aber direkt via `http://stat.ethz.ch/mailman/listinfo/r-help`. Wer sie nicht abonnieren, aber trotzdem (gelegentlich) nutzen will, kann z. B. über Gmane auf sie wie auf eine Newsgroup (über verschiedene Arten von Schnittstellen) zugreifen und dort auch Fragen aufgeben (“posten”); der direkte Link ist `http://dir.gmane.org/gmane.comp.lang.r.general`, wo man dann eine Zugriffsart auswählen kann.

Etwas zur Geschichte: Mitte bis Ende der 1970er Jahre wurde in den AT&T Bell Laboratorien (heute Lucent Technologies, Inc.) die „Statistik-Sprache“ **S** entwickelt, um eine interaktive Umgebung für die Datenanalyse zu schaffen. 1991 erschien eine Implementation von **S**, für die heute die Bezeichnung “S engine 3” (kurz S3) in Gebrauch ist. 1998 wurde eine völlig neu konzipierte “S engine 4” (kurz S4) veröffentlicht. Für ausführlichere historische Informationen siehe `http://en.wikipedia.org/wiki/S_programming_language`.

Ab 1988 ist unter dem Namen S-PLUS eine kommerzielle (und binäre sowie nicht gerade billige) Version von **S** mit massenhaft zusätzlichen Funktionen entwickelt bzw. implementiert worden. Seit 2007 existiert S-PLUS in der Version 8 (basierend auf S4) mit mehreren 1000 implementierten Statistik- und anderen Funktionen (siehe hierzu `http://en.wikipedia.org/wiki/S-PLUS`).

R ist ebenfalls eine Implementation der Sprache **S** (quasi ein „Dialekt“) und entstand ab 1993. Sie ist kostenlose, “open source” Software mit einem GNU-ähnlichen Urheberrecht und ist offizieller Bestandteil des GNU-Projektes „GNU-S“. **R** ähnelt „äußerlich“ sehr stark **S** und „innerlich“ (= semantisch) der Sprache “Scheme”. Faktisch gibt es derzeit also drei Implementationen von **S**: Die alte “S engine 3”, die neue “S engine 4” und **R**.

Im Jahr 2000 wurde die **R**-Version 1.0.0 und im Jahr 2004 Version 2.0.0 veröffentlicht; inzwischen ist – nach der Version 2.15.3 – ganz aktuell (3. April 2013) Version 3.0.0 erschienen. Etwa jedes Frühjahr gibt es (bzw. gab es zumindest bisher) ein “upgrade” von x.y.z auf x.y+1.z und während des folgenden Jahres ein bis drei kleinere, jeweils von x.y.z auf x.y.z+1.

R-Code wird prinzipiell über eine Kommandozeilenschnittstelle eingegeben und ausgeführt. Allerdings gibt es inzwischen mehrere grafische Benutzerschnittstellen (“graphical user interfaces” = GUIs), Editoren und ganze integrierte Entwicklungsumgebungen (“integrated development environments” = IDEs), die **R** unterstützen (siehe auch am Ende von Abschnitt 1.6). Unter `http://en.wikipedia.org/wiki/R_programming_language` sind umfangreiche weitere Daten und Fakten verfügbar.

1.2 Vor dem Start eines Projektes mit R (unter Microsoft-Windows)

Empfehlung: Vor dem Beginn der eigentlichen Arbeit an einem konkreten Projekt sollten Sie sich dafür ein eigenes (Arbeits-)Verzeichnis anlegen und dafür sorgen, dass alle mit dem Projekt zusammenhängenden Dateien darin gespeichert sind bzw. werden, auch die von **R** automatisch generierten. (Dies hat nichts mit **R** direkt zu tun, dient lediglich der eigenen Übersicht, der Vereinfachung der Arbeit und wird „außerhalb“ von **R** gemacht.) Damit dies geschieht, können Sie sich wie folgt eine Verknüpfung zu **R** in jenes Arbeitsverzeichnis legen und diese geeignet konfigurieren:

Nach der (erfolgreichen) Installation von **R** befindet sich üblicherweise ein **R**-Icon (genauer eine Verknüpfung zu **R**) auf dem Windows-Desktop, für das sich beim Anklicken mit der rechten Maustaste ein Menü öffnet. Darin wird (u. a.) „Verknüpfung erstellen“ angeboten, was Sie auswählen. Eine evtl. auftauchende Frage nach dem Erstellen einer solchen auf dem Desktop bejahen Sie, um genau das zu erreichen. Das sodann auf dem Desktop neu erstellte, zweite **R**-Icon verschieben Sie in das zuvor angelegte Arbeitsverzeichnis. Hier wird dieses Icon mit der rechten Maustaste angeklickt, um in dem erscheinenden Menü unter dem Reiter „Verknüpfung“ das Feld „Ausführen in“ modifizieren zu können, denn dorthinein muss der *vollständige* Pfad zum Arbeitsverzeichnis kopiert werden, den Sie sich (wohl am einfachsten) aus der Adressleiste des Windows-Explorers – durch geschicktes Anklicken derselbigen – holen.

Wie **R** veranlasst wird, in ein gewünschtes Arbeitsverzeichnis zu wechseln, *ohne* dass darin bereits eine Verknüpfung angelegt worden ist, wird auf Seite 11 in Abschnitt 1.6 beschrieben.

1.3 Aufruf von R unter Microsoft-Windows

Starten Sie **R** mit Hilfe des jeweiligen **R**-Icons in Ihrem Arbeitverzeichnis (oder finden Sie **R** in Windows' Start-Menü und wechseln Sie wie in Abschnitt 1.6 beschrieben in das gewünschte Arbeitsverzeichnis). Das – Windows-spezifische! – **R**-GUI (= "graphical user interface") öffnet sich in einem eigenen Fenster, worin in einem Kommandozeilen-(Teil-)Fenster namens "**R** Console" eine Begrüßungsmeldung ausgegeben wird, die *sehr* nützliche Hinweise darüber enthält, wie man an Informationen über und Hilfe für **R** kommt und wie man es zitiert. Darunter wird der **R**-Prompt „>" dargestellt, der anzeigt, dass **R** ordnungsgemäß gestartet ist und nun **R**-Befehle eingegeben werden können (siehe Abb. 1).

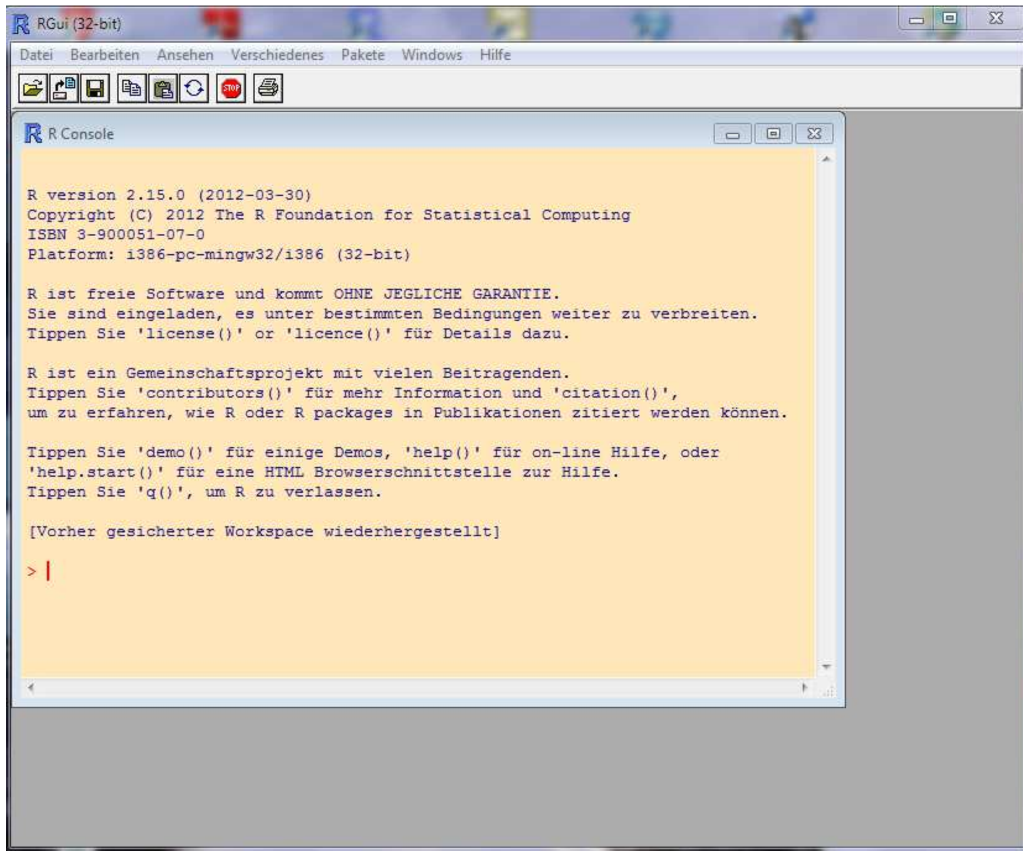


Abbildung 1: Das **R**-GUI (in seiner Voreinstellung) unter Windows mit der **R**-Console und ihrer Begrüßungsmeldung wie es im Wesentlichen auch für die aktuellste Version von **R** aussieht.

1.4 Eingabe und Ausführung von R-Befehlen

S und damit **R** sind funktionale, objektorientierte Sprachen, in der alles sogenannte *Objekte* sind. Dabei werden Groß- und Kleinschreibung beachtet, d. h., `A` und `a` bezeichnen zwei *verschiedene* Objekte. Jeder Befehl (ist selbst ein Objekt und) besteht – vereinfacht dargestellt – entweder aus einem Ausdruck ("expression") oder einer Zuweisungsanweisung ("assignment"), die jeweils sofort nach deren Eingabe am **R**-Prompt und ihrem Abschluss durch die Return-Taste ausgeführt werden. (Es handelt sich bei **R** um einen Interpreter, d. h., die Eingaben müssen nicht erst kompiliert, sprich in Maschinensprache übersetzt werden; dies geschieht automatisch nach dem Tippen der Return-Taste, falls sie syntaktisch korrekt und vollständig waren.)

Ausdrücke: Ist ein Befehl ein Ausdruck, so wird dieser ausgewertet, das Resultat am Bildschirm ausgedruckt und vergessen. Beispielsweise liefert die Eingabe von `17 + 2` (gefolgt vom Druck der Return-Taste) folgendes:

```
> 17 + 2
[1] 19
```

(Hierbei deutet `[1]` vor der Ausgabe an, dass die Antwort von **R** mit dem ersten Element eines – hier nur einelementigen – Vektors beginnt. Dazu später mehr.)

Zuweisungsanweisungen: Eine Zuweisungsanweisung, gekennzeichnet durch den Zuweisungsoperator `<-`, der aus den zwei Zeichen `<` und `-` ohne Leerzeichen dazwischen (!) besteht, wertet den auf der rechten Seite von `<-` stehenden Ausdruck aus und weist den Resultatwert dem Objekt links von `<-` zu. (Das Resultat wird nicht automatisch ausgegeben.) Zum Beispiel:

```
> x <- 119 + 2
```

Die Eingabe des Objektnamens, der selbst ein Ausdruck ist, veranlasst die Auswertung desselben und liefert als Antwort den „Wert" des Objektes (hier eben eine Zahl):

```
> x
[1] 121
```

Will man also eine Zuweisung durchführen und ihr Ergebnis gleich prüfen, kann das wie eben gezeigt geschehen. Dieses zweischrittige Vorgehen (erst Zuweisung und dann Auswertung des erzeugten Objektes) kann abgekürzt werden, indem die Zuweisungsanweisung in runde Klammern `( )` gepackt wird. Sie erzwingen, dass nach der Ausführung des „Inneren" der Klammern das Ergebnis dieser Ausführung, also das entstandene Objekt ausgewertet wird:

```
> (x <- 170 + 2)
[1] 172
```

Mehrere Befehle, Kommentare: Mehrere Befehle können zeilenweise, also durch einen Zeilenumbruch mittels Return-Taste getrennt, eingegeben werden oder gemeinsam in einer Zeile durch einen Strichpunkt (;) getrennt. Befindet sich irgendwo in der Zeile das Zeichen `#` (das Doppelkreuz), so wird jeglicher Text rechts davon bis zum Ende dieser Zeile als Kommentar aufgefasst und ignoriert. Im folgenden Beispiel stehen zwei Zuweisungsanweisungen (worin der arithmetische Divisionsoperator `/` und die **R**-Funktion `sqrt()` zur Berechnung der Quadratwurzel verwendet werden) und ein Kommentar in einer Zeile:

```
> (kehrwert <- 1/x);    (wurzel <- sqrt( x))   # Ignorierter Kommentar.
[1] 0.005813953
[1] 13.11488
```

Die Auswertung (von syntaktisch korrekten und vollständigen Ausdrücken) beginnt immer erst nach einer Eingabe von Return und verläuft dann stets sequenziell. Hier wurde also zunächst `kehrwert` erzeugt, dann ausgewertet und schließlich ausgegeben, sodann wurde `wurzel` erzeugt sowie ebenfalls ausgewertet und ausgegeben.

Befehlsfortsetzungsprompt: Ist ein Befehl nach Eingabe von Return oder am Ende der Zeile syntaktisch noch nicht vollständig, so liefert **R** einen „Befehlsfortsetzungsprompt", nämlich das Zeichen `+`, und erwartet weitere Eingaben in der nächsten Zeile. Dies geschieht so lange bis der Befehl syntaktisch korrekt abgeschlossen ist:

```
> sqrt( pi * x^2       # Die schliessende Klammer fehlt! Das "+" kommt von R.
+ )                    # Hier wird sie "nachgeliefert" und ...
[1] 304.8621
```

. . . der nun syntaktisch korrekte Ausdruck ausgewertet.

Objektnamenvervollständigung: In vielen Systemen ist eine nützliche (halb-)automatische Objektnamenvervollständigung am **R**-Prompt möglich, die mit der Tabulator-Taste erzielt wird und sowohl eingebaute als auch benutzereigene Objekte einbezieht. Beispiel: In unserer laufenden Sitzung nach der Erzeugung des Objektes `kehrwert` (in der Mitte von Seite 4) liefert das Eintippen von

```
> keh
```

gefolgt vom Druck der Tabulator-Taste die Vervollständigung der Eingabe zu `kehrwert`, da `keh` den gesamten Objektnamen schon eindeutig bestimmt. Bei Mehrdeutigkeiten passiert beim einmaligen Druck der Tabulator-Taste nichts, aber ihr *zweimaliger* Druck liefert eine Auswahl der zur Zeichenkette passenden Objektnamen. Beispiel:

```
> ke
```

gefolgt vom *zweimaligen* Druck der Tabulator-Taste bringt (hier)

```
kehrwert   kernapply  kernel
```

als Erwiderung, an der man erkennt, dass die bisherige Zeichenkette für Eindeutigkeit nicht ausreicht. Jetzt kann durch das nahtlose Eintippen weiterer Buchstaben und die erneute Verwendung der Tabulator-Taste gezielt komplettiert werden.

Ausführung von R-Skripten: Umfangreicheren **R**-Code, wie er sich schnell bei etwas aufwändigeren Auswertungen oder für Simulationen ergibt, wird man häufig in einer Textdatei als **R**-Skript (= **R**-Programm) speichern. Seine vollständige Ausführung lässt sich am **R**-Prompt durch die Funktion `source()` komfortabel erzielen. Ihr Argument muss der Dateiname des Skripts in Anführungszeichen sein bzw. der Dateiname samt Pfad, wenn sich die Datei nicht im aktuellen Arbeitsverzeichnis befindet. Zum Beispiel versucht

```
> source( "Simulation")
```

den Inhalt der Datei „`Simulation`“ aus dem aktuellen Arbeitsverzeichnis (unsichtbar) einzulesen und ihn als (hoffentlich fehlerfreien) **R**-Code auszuführen, während

```
> source( "Analysen2008/Versuch_007")
```

dasselbe mit der Datei „`Versuch_007`“ aus dem Unterverzeichnis „`Analysen2008`“ des aktuellen Arbeitsverzeichnisses macht. (Falls Sie nicht wissen, welches das aktuelle Arbeitsverzeichnis ist und welche Dateien sich darin befinden, bekommen Sie es z. B. mit `getwd()` genannt bzw. mit `dir()` oder `list.files()` seinen Inhalt widergegeben. Allerdings könnte auch hier nach der Eingabe von, z. B., `source( "Analysen2008/Ver` durch den *zweimaligen* Druck der Tabulator-Taste eine (halb-)automatische Dateinamenvervollständigung aktiviert werden!)

Dringende Empfehlung zur Lesbarkeit von R-Code: Zur Bewahrung oder Steigerung der Lesbarkeit von umfangreicherem **R**-Code sollten *unbedingt* Leerzeichen und Zeilenumbrüche geeignet verwendet werden! Hier als Beispiel ein Stück **R**-Code, wie man ihn *auf keinen Fall* produzieren sollte:

```
ifelse(x<z,W$Sub[v],A/(tau*(exp((omega-x)/(2*tau))+exp(-(omega-x)/(2*tau)))^2))
```

Und hier derselbe Code, der durch die Verwendung von Leerzeichen, Zeilenumbrüchen und Kommentaren deutlich besser lesbar geworden ist:

```
ifelse( x < z, W$Sub[ v],
        A / ( tau * (exp( (omega - x) / (2*tau) ) +
                     exp(-(omega - x) / (2*tau) )  )^2
            ) # Ende des Nenners von A / (....)
      ) # Ende von ifelse( ....)
```

Die Suche nach unvermeidlich auftretenden Programmierfehlern wird dadurch sehr erleichtert.

1.5 Benutzerdefinierte Objekte: Zulässige Namen, speichern und löschen

Alle benutzerdefinierten Objekte (Variablen, Datenstrukturen und Funktionen) werden von **R** während der laufenden Sitzung gespeichert. Ihre Gesamtheit wird "workspace" genannt. Eine Auflistung der Namen der aktuell im workspace vorhandenen Objekte erhält man durch den Befehl

```
> objects()
```

Dasselbe erreicht man mit dem kürzeren Aufruf `ls()`. (Zusätzliche Informationen über die Struktur der Objekte liefert `ls.str()`.)

Zulässige Objektnamen bestehen aus Kombinationen von Klein- und Großbuchstaben, Ziffern und „`.`“ sowie „`_`“, wobei sie mit einem Buchstaben oder „`.`“ beginnen müssen. In letzterem Fall darf das zweite Namenszeichen keine Ziffer sein und diese Objekte werden „unsichtbar“ gespeichert, was heißt, dass sie beim Aufruf von `objects()` oder `ls()` nicht automatisch angezeigt werden. Memo: Groß-/Kleinschreibung wird beachtet! Beispiele: `p1`, `P1`, `P.1`, `Bloodpool.Info.2008`, `IntensitaetsKurven`, `Skalierte_IntensitaetsKurven`

Es empfiehlt sich zur Verbesserung der Code-Lesbarkeit durchaus, lange und aussagefähige Objektnamen zu verwenden, womit übrigens auch das in der folgenden Warnung beschriebene Problem vermieden werden kann.

Warnung vor Maskierung: Objekte im benutzereigenen workspace haben i. d. R. Priorität über **R**-spezifische Objekte mit demselben Namen! Das bedeutet, dass **R** die ursprüngliche Definition möglicherweise nicht mehr zur Verfügung hat und stattdessen die neue, benutzereigene zu verwenden versucht. Man sagt, die benutzereigenen Objekte „maskieren“ die **R**-spezifischen. Dies kann Ursache für (zunächst seltsam erscheinende) Warn- oder Fehlermeldungen oder – schlimmer – augenscheinlich korrektes Verhalten sein, welches aber unerkannt (!) falsche Resultate liefert.

Vermeiden Sie daher Objektnamen wie z. B. `c`, `s`, `t`, `C`, `T`, `F`, `matrix`, `glm`, `lm`, `range`, `tree`, `mean`, `var`, `sin`, `cos`, `log`, `exp` und `names`. Sollten seltsame Fehler(-meldungen) auftreten, kann es hilfreich sein, sich den workspace mit `objects()` oder `ls()` anzusehen, gegebenenfalls einzelne, verdächtig benannt erscheinende Objekte zu löschen und dann einen neuen Versuch zu starten. Ob ein Objektname bereits vergeben ist und ein Zugriffskonflikt oder eine Maskierung drohen würde, können Sie vor seiner ersten Verwendung z. B. dadurch überprüfen, dass Sie ihn einfach am **R**-Prompt eingeben und auszuwerten versuchen lassen.

Gelöscht werden Objekte durch die Funktion `rm()` (wie "remove"). Sie benötigt als Argumente die durch Komma getrennten Namen der zu löschenden Objekte:

```
> rm( a, x, Otto, Werte.neu)
```

löscht die Objekte mit den Namen `a`, `x`, `Otto` und `Werte.neu`, egal ob es Variablen, Datenstrukturen oder Funktionen sind.

Eine Löschung *aller* benutzerdefinierten Objekte auf einen Schlag erzielt man mit dem Befehl

```
> rm( list = objects())     # Radikale Variante: Loescht (fast) alles!
```

der aber natürlich mit Vorsicht anzuwenden ist. Ebenfalls vollständig „vergessen" werden die in der aktuellen Sitzung zum workspace *neu hinzugekommenen* Objekte und die an im workspace bereits existierenden Objekten durchgeführten Änderungen, wenn man beim Verlassen von **R** die Frage "`Save workspace image? [y/n/c]`" mit `n` beantwortet (siehe auch §1.5.4, Seite 9). Also Vorsicht hierbei!

Eine permanente Speicherung der benutzerdefinierten Objekte des workspaces wird beim Verlassen von **R** durch die Antwort `y` auf die obige Frage erreicht. Sie führt dazu, dass alle Objekte des momentanen workspaces in einer Datei namens `.RData` im aktuellen Arbeitsverzeichnis gespeichert werden. Wie man sie in der nächsten **R**-Session „zurückholt" und weitere Details werden in §1.5.4 beschrieben.

1.5.1 Die "command history"

R protokolliert die eingegebenen Befehle mit und speichert sie in einer Datei namens `.RHistory` im aktuellen Arbeitsverzeichnis, wenn beim Verlassen von **R** der workspace gespeichert wird. Am **R**-Prompt kann man mit Hilfe der Cursor-Steuertasten (= Pfeiltasten) in dieser "command history" umherwandern, um so frühere Kommandos „zurückzuholen", sie zu editieren, falls gewünscht, und sie durch Tippen von Return (an jeder beliebigen Stelle im zurückgeholten Kommando) erneut ausführen zu lassen.

1.5.2 Demos

Um sich einen ersten Einblick in die Fähigkeiten von **R** zu verschaffen, steht eine Sammlung von halbautomatisch ablaufenden Beispielen („Demos") zur Verfügung, die mit Hilfe der Funktion `demo()` gestartet werden können. Der Aufruf von `demo()` ohne Angabe eines Arguments liefert eine Übersicht über die (in der Basisversion) verfügbaren Demos. Die Angabe des Demo-Namens als Argument von `demo()` startet die genannte Demo. Beispiel:

```
> demo( graphics)
```

startet eine Beispielesammlung zur Demonstration von **R**sGrafikfähigkeiten. Beendet wird sie durch Eintippen von `q` (ohne Klammern).

1.5.3 Die Online-Hilfe

R hat eine eingebaute Online-Dokumentation. Sie ist in den meisten Installationen per Voreinstellung ein HTML-basiertes Hilfesystem, das bei einer Anfrage den jeweils voreingestellten Web-Browser startet, falls er noch nicht läuft, und die angeforderte Hilfeseite darin in einem neuen „Tab" darstellt. Die Hilfe wird objektspezifisch mit `help(....)` aufgerufen, wobei anstelle von „`....`" der Name eines Objektes, sprich einer Funktion, eines Datensatzes oder etwas anderem steht, worüber man Informationen haben will. Zum Beispiel liefert

```
> help( mean)
```

ausführliche Informationen über die (eingebaute) Funktion `mean()`. Die Kurzform `?mean` liefert dasselbe wie `help( mean)`. (Ohne Argument, also durch `help()`, erhält man übrigens Hilfe zur Funktion `help()` selbst.)

Durchaus hilfreich in diesem Zusammenhang kann die stichwortbasierte Suche mittels der Funktion `help.search()` sein. Sie erlaubt auf verschiedene Arten die Angabe von (auch vagen)

„Textmustern“ oder „Schlüsselwörten“, nach denen in **R**s Hilfeseiten – an gewissen Stellen – gesucht werden soll, falls man den exakten Objektnamen nicht (mehr) oder noch nicht weiß.

Sicher *sehr* hilfreich und absolut empfehlenswert, da oft sehr lehrreich, sind die Beispiele, die eine jede Hilfeseite (so man sie gefunden hat) an ihrem Ende im Abschnitt “Examples” üblicherweise bereithält. Sie sind mit der Funktion `example()` automatisch ausführbar, wenn man ihr als Argument den Namen des interessierenden Objektes übergibt, also z. B. für die Funktion `mean()` durch `example( mean)`.

Allgemein wird die Startseite von **R**s Online-Hilfesystem aufgerufen mit

```
> help.start()
```

Dies sollte den jeweils voreingestellten Web-Browser starten, falls er noch nicht läuft, und – nach wenigen Sekunden – darin die in Abb. 2 zu sehende Seite anzeigen. Wird ein anderer als der voreingestellte Browser bevorzugt, kann seine Verwendung durch

```
> help.start( browser = "....")
```

erzwungen werden (falls er installiert ist), wobei anstelle von `....` der Name des Browser-Programmes stehen muss.

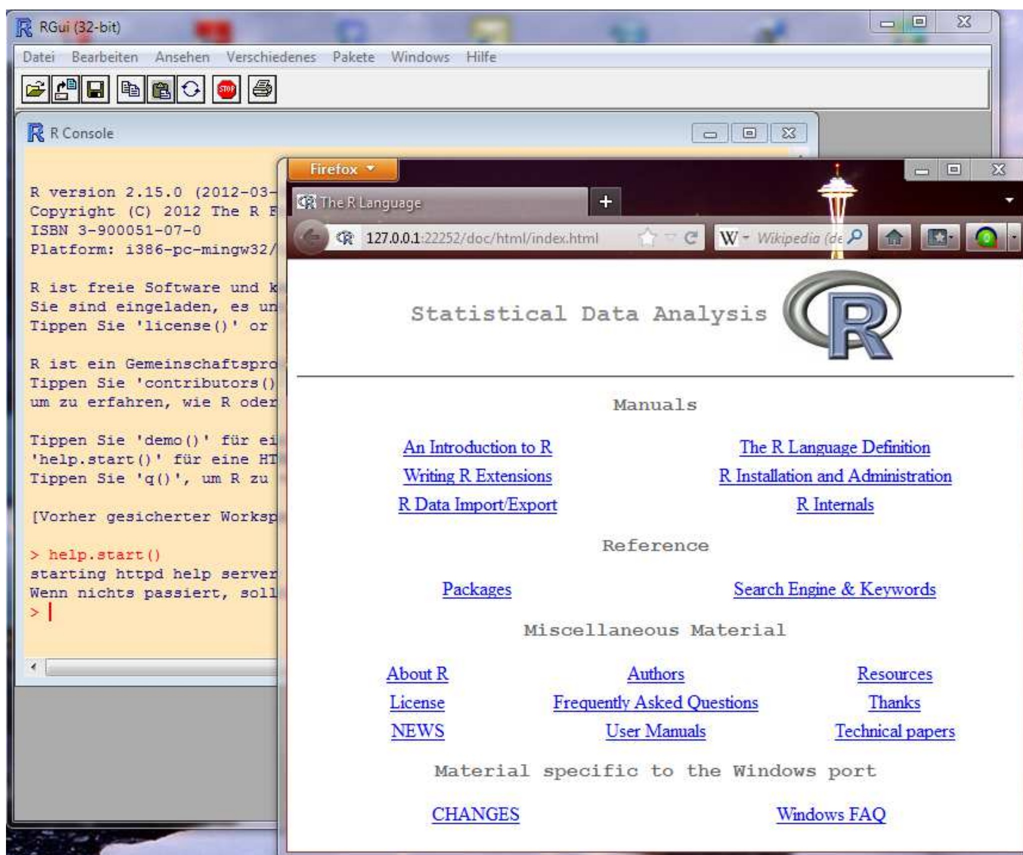


Abbildung 2: Startseite von **R**sBrowser-basierter Online-Hilfe.

Empfehlungen:

1. Hinter dem Link An Introduction to R (in der Startseite der Online-Hilfe in Abb. 2 links unterhalb von `Manuals` zu sehen) steckt eine gute, HTML-basierte, grundlegende Einführung in die Arbeit mit **R** einschließlich einer Beispielsitzung in ihrem Appendix A.

2. Search Engine & Keywords unterhalb von `Reference` führt zu einer nützlichen Suchmaschine für die Online-Hilfeseiten, die die Suche nach “keywords”, Funktionsnamen, Datennamen und Text in den Überschriften jener Hilfeseiten erlaubt. Im Fall einer erfolgreichen Suche wird eine Liste von Links zu den betreffenden Hilfeseiten gezeigt, auf denen umfangreiche Informationen zu finden sind.

3. Unter Frequently Asked Questions (FAQs) unterhalb von `Miscellaneous Material` sind die Antworten auf einige der typischen Fragen, die den neuen “useR” und die neue “useRin” plagen könnten, zu finden und Lösungen für gewisse Probleme angedeutet.

1.5.4 Beenden von R

Um **R** zu beenden, tippen Sie am Prompt `q()` ein (dabei die leeren Klammern nicht vergessen!):

```
> q()
```

Bevor **R** wirklich beendet wird, werden Sie hier *stets* gefragt, ob die Daten, genauer: die Objekte dieser Sitzung gespeichert werden sollen. Sie können `y`(es), `n`(o) oder `c`(ancel) eingeben, um die Daten (vor dem Verlassen von **R**) permanent speichern zu lassen bzw. um **R** zu verlassen, ohne sie zu speichern, bzw. um die Beendigung von **R** abzubrechen (und sofort zu **R** zurückzukehren). Die permanente Speicherung der Objekte des aktuellen workspaces geschieht in der Datei `.RData` des aktuellen Arbeitsverzeichnisses (das Sie im Fall, dass Sie nicht mehr wissen, „wo Sie sind“, mit `getwd()` abfragen können; vgl. Seite 5).

Jener workspace und damit die vormals gespeicherten Objekte können beim nächsten Start von **R** aus dieser Datei `.RData` rekonstruiert und wieder zur Verfügung gestellt werden. Dies geschieht im gewünschten Arbeitsverzeichnis entweder automatisch, indem man **R** durch einen Doppelklick auf das dortige Icon der Datei `.RData` startet (falls `.RData`-Dateien mit **R** verknüpft sind, was bei einer ordnungsgemäßen Windows-Installation automatisch der Fall sein sollte), oder durch durch einen Doppelklick auf die entsprechend angelegte Verknüpfung, oder schließlich „von Hand“, indem man eine „irgendwo und irgendwie“ gestartete **R**-Session veranlasst (z. B. mit Hilfe des **R**-GUIs wie im folgenden Abschnitt 1.6 beschrieben), das gewünschte Verzeichnis als das aktuelle Arbeitsverzeichnis zu wählen und den vormaligen workspace wieder einzulesen.

1.6 Rs “graphical user interface” unter Microsoft-Windows

Es folgt eine rudimentäre Beschreibung einiger Funktionen des Windows-spezifischen und selbst sehr rudimentären **R**-GUIs.

Das **GUI-Menü** (zu sehen am oberen Rand links in Abb. 1 oder Abb. 3) enthält sechs Themen (von „Datei“ bis „Hilfe“), von denen die folgenden drei für die neue “use**R**in” und den neuen “use**R**” wichtig oder interessant sind:

1. „Datei“: Offeriert einen einfachen (Skript-)Editor, erlaubt etwas Datei-Management und bietet das Speichern und Wiederherstellen ehemaliger **R**-Sitzungen (bestehend aus ihrem workspace und ihrer command history).

2. „Bearbeiten“: Bietet Möglichkeiten, **R**-Code, der im Editor eingetippt worden ist, ausführen zu lassen.

3. „Hilfe“: Enthält mehrere Punkte zur Hilfe und zu Hintergrundinformationen.

Etwas detailliertere Erläuterungen folgen:

Rs Skripteditor: Zu finden im R-GUI unter „Datei“ → „Neues Skript“ oder „Öffne Skript ...“ (wie in Abb. 3 angedeutet). Ein zweites (Teil-)Fenster mit dem Titel „**R** Editor“ öffnet sich (rechts in Abb. 3). Das GUI-Menü-Thema “Windows” bietet übrigens Möglichkeiten, die Teilfenster innerhalb des GUIs schnell anzuordnen.

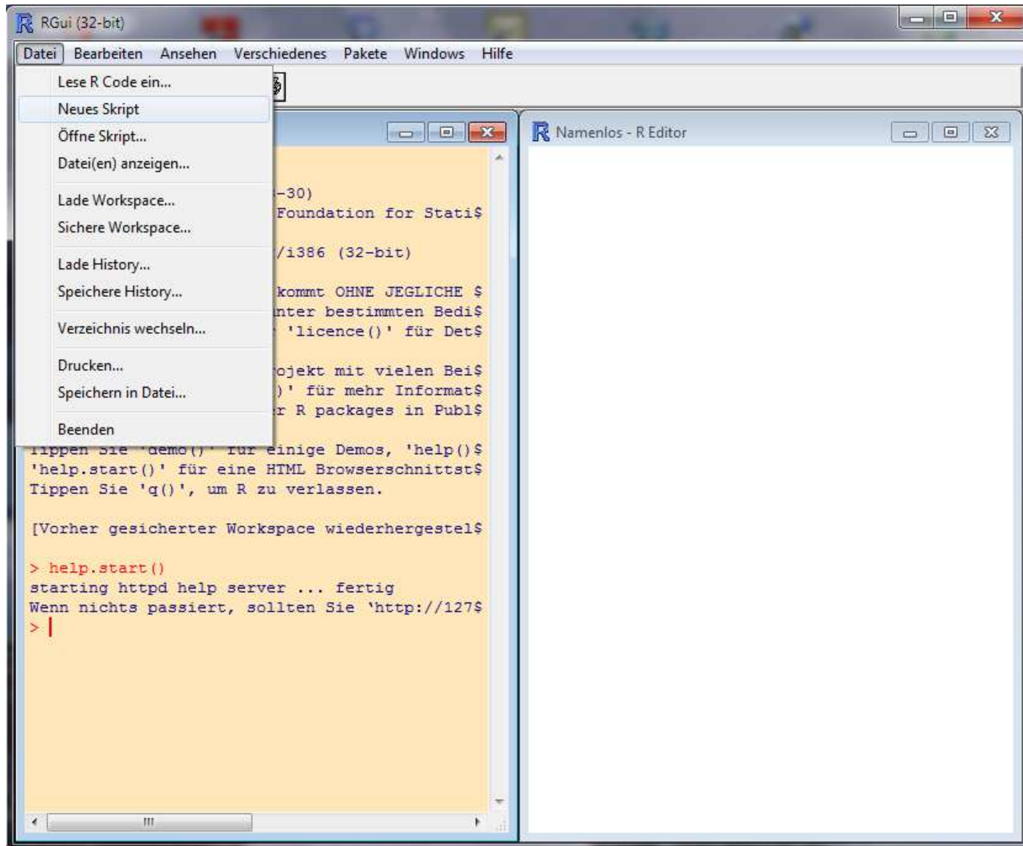


Abbildung 3: Aufruf des **R**-Editors mit einem neuen, also leeren Skript.

Der **R**-Editor kann verwendet werden für die Entwicklung und das Abspeichern von **R**-Code (zusammen mit Kommentaren), der später wieder genutzt oder weiterentwickelt werden soll. Editiert wird darin wie in jedem primitiven Texteditor. Die übliche, einfache Funktionalität steht zur Verfügung: “Copy, cut & paste” mit Hilfe der Tastatur oder der Maus, Ctrl-Z bzw. Strg-Z als Rückgängig-Aktion etc. (Dies und anderes ist auch im GUI-Menü-Thema „Bearbeiten“ zu finden.)

Das **Ausführen von R-Code**, der im **R**-Editor steht, kann auf mindestens vier (zum Teil nur geringfügig) verschiedene Methoden erreicht werden (beachte dazu Abb. 4 und siehe auch das GUI-Menü-Thema „Bearbeiten“):

1. Markiere den Code(-Ausschnitt), der ausgeführt werden soll, z. B. mit dem Cursor, und verwende den üblichen “copy & paste”-Mechanismus, um ihn an den Prompt der **R**-Console zu „transportieren“. Dort wird er sofort ausgeführt. (Nicht zu empfehlen, da mühselig!)

2. Wenn eine ganze, aber einzelne Zeile des Codes ausgeführt werden soll, platziere den Cursor in eben jener Zeile des Editors und tippe Ctrl-R bzw. Strg-R oder klicke auf das *dann vorhandene* dritte Icon von links unter dem GUI-Menü (siehe die Icons oben in Abb. 4, worin der **R**-Editor das aktive Fenster ist, und vergleiche sie mit denen oben in Abb. 2, in der die **R**-Console das aktive Fenster ist).

3. Soll ein umfangreicherer Teil an Code ausgeführt werden, markiere ihn im Editor wie in Abb. 4 rechts zu sehen und tippe Ctrl-R bzw. Strg-R oder nutze das in Punkt 2 erwähnte Icon.

4. `source( ....)`, wie auf Seite 5 in Abschnitt 1.4 beschrieben, funktioniert natürlich auch hier, wenn der aktuelle Inhalt des **R**-Editors bereits in einer Datei abgespeichert wurde und deren Dateiname (nötigenfalls inklusive vollständiger Pfadangabe) als Argument an `source()` übergeben wird. Dies führt i. d. R. sogar zu einer schnelleren Code-Ausführung als die obigen Varianten.

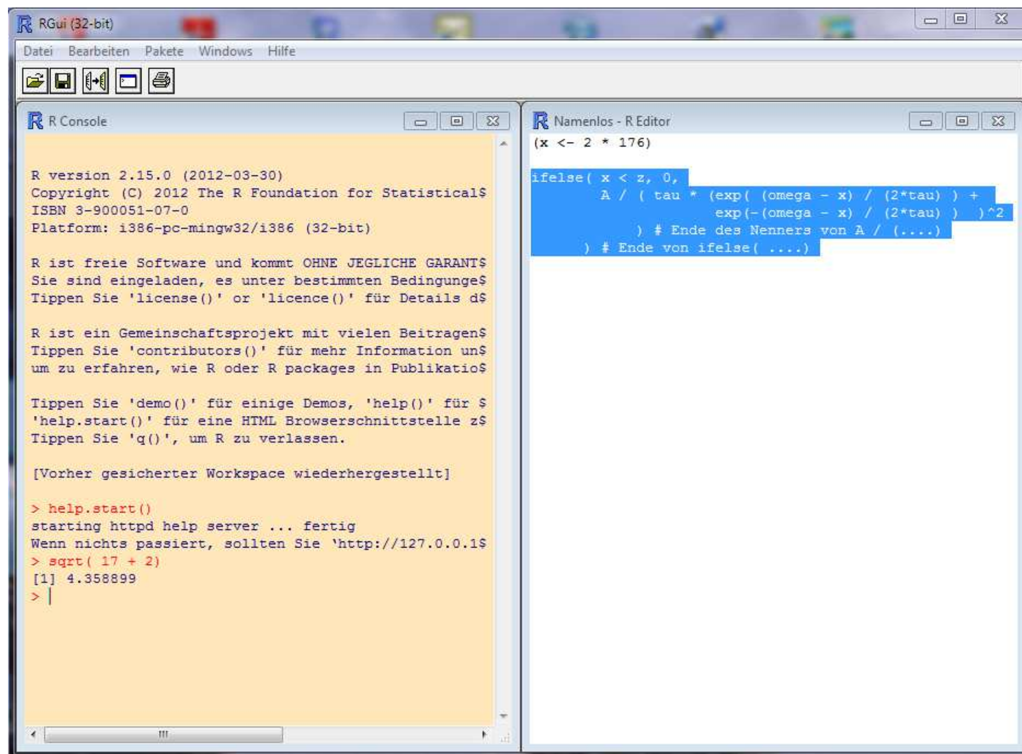


Abbildung 4: Links: direkt am Prompt eingegebener und ausgeführter **R**-Code. Rechts: markierter **R**-Code im **R**-Editor, der ausgeführt werden soll.

Wechsel des Arbeitsverzeichnisses und **Laden eines workspaces:** Im GUI-Menü-Thema „Datei“ sind auch die Punkte zu finden, die für einen Wechsel des Arbeitsverzeichnisses und das Laden eines workspaces nützlich sind, falls **R** nicht durch einen Doppelklick auf die `.RData`-Datei oder auf seiner dortige Verknüpfung im gewünschten Arbeitsverzeichnis gestartet wurde. Es sind dies die Punkte „Verzeichnis wechseln ...“ bzw. „Lade Workspace ...“ (siehe hierfür nochmal Abb. 3).

Rs **Online-Hilfe:** Zusätzlich zu der in §1.5.3 beschriebenen Methode, Online-Hilfe zu bekommen, findet sie sich Browser-basiert auch unter „Hilfe“ → „HTML Hilfe“ (zu sehen in Abb. 2). Beachte die Empfehlungen hierzu auf Seite 8 am Ende von §1.5.3. Darüberhinaus ist unter „Hilfe“ → „Manuale (PDF)“ aber auch eine PDF-Version des Manuals “An Introduction to **R**” zu finden.

Bemerkungen:

- Der **R**-eigene Editor braucht nicht verwendet zu werden; **R**-Code kann selbstverständlich jederzeit auch direkt am **R**-Prompt eingetippt werden.

- Der Editor kann natürlich auch dazu genutzt werden, **R**-Ausgaben zu speichern, indem man "copy & paste" von der **R**-Console in den **R**-Editor (oder jeden beliebigen anderen Editor) verwendet.

- Es existieren einige, durchweg kostenlose „Alternativen" zum **R**-GUI, als da wären in alphabetischer Reihenfolge z. B.

  – Eclipse + StatET (`http://www.walware.de/goto/statet`), d. h. die IDE „Eclipse" (direkt erhältlich über die Web-Site `http://www.eclipse.org`) mit dem Plug-in „StatET" (zu finden über `http://www.walware.de/goto/statet`). Eine gute Einführung samt hilfreichen Installationshinweisen liefert Longhow Lams "Guide to Eclipse and the R plug-in StatET", der zu finden ist unter `http://www.splusbook.com/RIntro/R_Eclipse_StatET.pdf`.
  – Emacs Speaks Statistics (kurz ESS, `http://ess.r-project.org`);
  – JGR im Paket „JGR" (sprich "jaguar", `http://www.rforge.net/JGR`);
  – R Commander im Paket „Rcmdr" (mit näheren Informationen auf seiner Projekt-Homepage `http://socserv.socsci.mcmaster.ca/jfox/Misc/Rcmdr`);
  – RStudio (`http://www.rstudio.org`);
  – Tinn-R (`http://www.sciviews.org/Tinn-R`) mit einer guten Einführung in dem kostenlosen e-book, das man sich unter `www.rmetrics.org/ebooks-tinnr` herunterladen kann;

  und andere. (Auf eine Informationquelle dafür ist am Ende von Abschnitt 1.1 hingewiesen worden.) Ihre Installationen erfordern allerdings einen gewissen Zusatzaufwand, den wir uns sparen, da uns bis auf Weiteres das **R**-GUI ausreicht.

1.7 Installation von Zusatzpaketen

Ist ein Zusatzpaket ("add-on package" oder kurz "package") zu installieren, so lässt sich dies, falls man eine funktionierende Internetverbindung hat, i. d. R. völlig problemlos erledigen entweder

- mit Hilfe des **R**-GUIs, indem man im GUI-Menü-Thema „Pakete" den Punkt „Installiere Paket(e)" anklickt (evtl. einen – möglichst nahegelegenen – "Mirror" aussucht) und dann den Namen des gewünschten Paketes auswählt, oder

- am **R**-Prompt mit dem Befehl `install.packages()`, z. B. wie in

```
> install.packages( "fortunes")
```

1.8 Einführungsliteratur

Einführende Literatur zum Umgang, zur Statistik und zum Programmieren mit **R** (in alphabetischer Reihenfolge der Autorennamen und mit Preisen laut Amazon im April 2012, falls dort „derzeit nicht verfügbar"; sonst April 2013):

- Braun, W. J., Murdoch, D. J.: *A First Course in Statistical Programming with R.* Cambridge University Press, 2007. (∼ 30 €, paperback; „derzeit nicht verfügbar")

- Crawley, M. J.: *The R Book.* 2nd ed., John Wiley & Sons, Inc., 2013. (∼ 72 € für über 1050 (!) Seiten))

- Dalgaard, P.: *Introductory Statistics with R.* 2nd ed., Springer-Verlag, 2008. (∼ 50 €; „derzeit nicht verfügbar")

- Everitt, B. S., Hothorn, T.: *A Handbook of Statistical Analyses Using R.* 2nd ed., Chapman & Hall/CRC, Boca Raton, 2010. (∼ 48 €; „derzeit nicht verfügbar“)
- Hatzinger, R., Hornik, K., Nagel, H.: *R – Einführung durch angewandte Statistik.* Pearson Studium, München, 2011. (∼ 30 €, Taschenbuch)
- Ligges, U.: *Programmieren mit R.* 3., überarbeitete und erweiterte Auflage, Springer-Verlag, 2008. (∼ 35 €, Taschenbuch)
- Maindonald, J., Braun, J.: *Data Analysis and Graphics Using R. An Example-based Approach.* 3rd ed., Cambridge University Press, 2010. (∼ 66 €; scheint „derzeit nicht verfügbar“ zu sein).
- Venables, W. N., Ripley, B. D.: *S Programming.* Corr. 2nd printing, Springer-Verlag, New York, 2000. (∼ 97 €, paperback, March 2012)
- Verzani, J.: *Using R for Introductory Statistics.* Chapman & Hall/CRC Press, Boca Raton/Florida, 2004. (∼ 46 €)

2 Datenobjekte: Strukturen, Attribute und elementare Operationen

Eine umfassende und präzise Sprachdefinition für **R** enthält das Dokument "The **R** Language Definition", das über die Startseite von **R**s Online-Hilfe zu erreichen ist (vgl. Abb. 2 auf Seite 8). Wir geben hier nur einen kurzen Abriss über die für unsere Zwecke ausreichenden Grundlagen.

Alles in **R** ist ein *Objekt* und jedes Objekt hat eine gewisse Struktur. Alle **R**-Strukturen sind Vektoren (= geordnete, endliche Mengen), die sowohl einen (wohldefinierten) Typ, genannt *Modus* ("*mode*"), als auch eine (wohldefinierte) nicht-negative, endliche Länge haben. Daten, die verarbeitet werden sollen, müssen in Objekten zusammengefasst gespeichert werden. Wir wollen hierbei von *Datenobjekten* sprechen (um sie von anderen Objekten zu unterscheiden, die später noch eingeführt werden). Es folgt, dass auch jedes Datenobjekt einen Modus und eine Länge hat.

2.1 Konzeptionelle Grundlagen

Ein Vektor enthält $n \geq 0$ eindeutig indizierbare *Elemente*. Dabei wird n die Länge des Vektors genannt und die Elemente können sehr allgemeiner Natur sein. (Vektoren der Länge 0 sind möglich und Skalare sind Vektoren der Länge 1; doch dazu später mehr.) Es gibt verschiedene Spezialisierungen für Vektoren, von denen wir die wichtigsten hier in einer Übersicht aufzählen:

2.1.1 Atomare Strukturen/Vektoren

Die einfachste Vektorform umfasst die sogenannten „atomaren Vektoren", die sich dadurch auszeichnen, dass alle Elemente eines solchen Vektors vom selben Modus wie der ganze Vektor sind. Es gibt atomare Vektoren der folgenden Modi:

- `logical`: Mögliche Elemente sind die booleschen Werte TRUE (abgekürzt T) und FALSE (abgekürzt F).

- `numeric`: Hierbei handelt es sich um einen Oberbegriff der zwei Modi `integer` und `double`:

  - `integer`: Die Elemente sind ganze Zahlen wie $0, 1, -3$ usw.
  - `double`: Fließkommazahlen mit der Notation `3.5`, `-6.0`, `8.4e10`, `-5e-7`. Zur Abkürzung kann eine ganze Zahl, die als Fließkommazahl aufgefasst werden soll, unter Auslassung von Nachkomma-Nullen lediglich mit Dezimalpunkt notiert werden, also z. B. `4.` (statt `4.0`). Ähnlich können Dezimalbrüche zwischen 0 und 1 durch Weglassen der „Vorkomma-Null" abgekürzt werden, also `.35` statt `0.35`. Des Weiteren ist `8.4e10` $= 8.4 \cdot 10^{10}$ und `-5e-7` $= -5 \cdot 10^{-7}$.

  Beachte: `double`-Werte sind im Allgemeinen keine reellen Zahlen, da jedes digitale System grundsätzlich nur eine endliche numerische Rechengenauigkeit besitzt! Informationen zu den vom jeweiligen Computer-System abhängigen, numerischen Eigenschaften einer **R**-Implementation sind in der Variablen `.Machine` gespeichert und auf ihrer Online-Hilfeseite (zu erreichen via `?.Machine`) erläutert.

- `complex`: Dies repräsentiert komplexe Zahlen $a + b \cdot i$, wobei a und b Zahlen des Modus' `numeric` sind und zwischen b und dem Symbol `i` für die imaginäre Einheit $i = \sqrt{-1}$ kein Leerzeichen stehen darf. Bsp.: `3 + 7i` oder `-1.5 + 0.8i`.

- `character`: Hiermit werden (nahezu) beliebige Zeichenketten gespeichert. Sie werden durch Paare von `"` oder `'` begrenzt, wie z. B. `"Otto"` und `'auto2002'`.

Der Modus eines Objektes `x` kann mit der Funktion `mode()` durch `mode( x)` abgefragt werden.

Sprechweise: Einen Vektor des Modus' `numeric` nennen wir kurz `numeric`-Vektor. Für die anderen Vektormodi gilt Analoges.

2.1.2 Rekursive Strukturen/Vektoren

Eine besondere Form von Vektoren sind die sogenannten „rekursiven" Vektoren: Ihre Elemente sind Objekte beliebiger Modi. Dieser Vektormodus heißt `list`. Ein `list`-Objekt (kurz: eine Liste) ist demnach ein Vektor, dessen Elemente beliebige Objekte verschiedener Modi sein können (also insbesondere selbst wieder Listen). Listen sind mit die wichtigsten (Daten-)Objekte in **R** und werden uns häufig begegnen.

Eine weitere wichtige rekursive Struktur heißt `function`. Sie erlaubt – wie der Name sagt – die Implementation (neuer) benutzerspezifischer Funktionen, die als **R**-Objekte im workspace gespeichert werden können und so **R** quasi erweitern.

2.1.3 Weitere Objekttypen und Attribute

Außer den grundlegenden Eigenschaften Modus und Länge (den sogenannten „intrinsischen Attributen") eines Objektes gibt es noch weitere „Attribute", die Objekten gewisse Struktureigenschaften verleihen. In **R** stehen neben den schon erwähnten Vektoren und Listen viele weitere Objekttypen zur Verfügung, die durch gewisse Attribute „generiert" werden. Beispiele:

- `array` bzw. `matrix`: Sie dienen der Realisierung mehrfach indizierter Variablen und haben ein Attribut „Dimension" (`dim`) und optional ein Attribut „Dimensionsnamen" (`dimnames`).
- `factor` bzw. `ordered` (`factor`): Dies sind `character`-Vektoren, deren Elemente als Ausprägungen einer nominal- bzw. einer ordinal-skalierten Variablen interpretiert werden. Sie haben ein Attribut `levels`, das alle möglichen Ausprägungen der Variablen aufzählt und im Fall `ordered` gleichzeitig die (Rang-)Ordnung dieser Ausprägungen auf der Ordinalskala beschreibt.

2.1.4 Das Attribut „Klasse" (“`class`”)

Ein Attribut der besonderen Art ist die „Klasse" (`class`) eines Objektes. Sie wird für die objektorientierte Programmierung in **R** verwendet. Die Klasse eines Objektes entscheidet häufig darüber, wie gewisse Funktionen mit ihnen „umgehen". Viele **R**-Objekte haben ein `class`-Attribut. Falls ein Objekt kein (explizites) `class`-Attribut hat, so besitzt es stets eine implizite Klasse: Es ist dies `matrix`, `array` oder das Ergebnis von `mode( x)`.

Eine spezielle Klasse, die eine Struktur gewissermaßen *zwischen* `list` und `matrix` implementiert, ist die Klasse `data.frame`. Sie dient der strukturierten Zusammenfassung von, sagen wir, p Vektoren gleicher Länge n, aber verschiedener Modi, in ein $(n \times p)$-matrixförmiges Schema. “Data frames” werden in **R** häufig im Zusammenhang mit dem Anpassen statistischer Modelle verwendet. Dabei werden die Vektoren (= Spalten des Schemas) als Variablen interpretiert und die Zeilen des Schemas als die p-dimensionalen Datenvektoren der n Untersuchungseinheiten.

Auf die oben genannten Datenobjekte und anderen Strukturen (außer `complex`) gehen wir in den folgenden Abschnitten detaillierter ein.

2.2 numeric-Vektoren: Erzeugung und elementare Operationen

Anhand einfacher Beispiele wollen wir Methoden zur Erzeugung von und elementare Operationen für `numeric`-Vektoren vorstellen. Durch die Zuweisungsanweisung

```
> hoehe <- c( 160, 140, 155)
```

wird dem Objekt `hoehe` ein Vektor mit den Elementen 160, 140 und 155 zugewiesen, indem die Funktion `c()` (vom englischen "concatenation", d. h. „Verkettung") diese Werte zu einem Vektor zusammenfasst. Da es sich bei den Werten auf der rechten Seite von `<-` nur um `integer`- und damit um `numeric`-Größen handelt, wird `hoehe` (automatisch) zu einem `numeric`-Vektor. Skalare werden als Vektoren mit nur *einem* Element aufgefasst und können ohne die Funktion `c()` zugewiesen werden:

```
> eine.weitere.hoehe <- 175
```

Mittels der Funktion `c()` lassen sich Vektoren einfach aneinanderhängen:

```
> c( hoehe, eine.weitere.hoehe)
[1] 160 140 155 175
```

Eine Zuweisung, auf deren linker Seite ein Objekt steht, welches auch auf der rechten Seite auftaucht, wie in

```
> (hoehe <- c( hoehe, eine.weitere.hoehe))
[1] 160 140 155 175
```

bewirkt, dass zunächst der Ausdruck rechts vom `<-` ausgewertet wird und erst dann das Resultat zugewiesen wird. Der ursprüngliche Wert des Objektes wird durch den neuen überschrieben. (Memo: Zur Wirkungsweise der äußeren Klammern siehe Seite 4.)

Die Funktion `length()` liefert die Anzahl der Elemente eines Vektors, also seine Länge:

```
> length( hoehe)
[1] 4
```

Obiges gilt analog für atomaren Vektoren der anderen Modi.

2.2.1 Beispiele regelmäßiger Zahlenfolgen: `seq()` und `rep()`

Gewisse, häufig benötigte Vektoren, deren Elemente spezielle Zahlenfolgen bilden, lassen sich in **R** recht einfach erzeugen. Hierzu stehen die Funktionen `seq()` und `rep()` zur Verfügung.

Die Funktion `seq()` (vom englischen "sequence") bietet die Möglichkeit, regelmäßige Zahlenfolgen zu erzeugen. Sie hat mehrere Argumente, von denen die ersten vier sehr suggestiv `from`, `to`, `by` und `length` lauten. In einem Aufruf von `seq()` dürfen (verständlicherweise) nicht alle vier Argumente gleichzeitig beliebig spezifiziert werden, sondern höchstens drei von ihnen. Der vierte Wert wird von **R** aus den drei angegebenen passend hergeleitet. Ein paar Beispiele sollen ihre Verwendung demonstrieren:

```
> seq( from = -2, to = 8, by = 1)
[1] -2 -1  0  1  2  3  4  5  6  7  8

> seq( from = -2, to = 8, by = 0.8)
[1] -2.0 -1.2 -0.4  0.4  1.2  2.0  2.8  3.6  4.4  5.2  6.0  6.8  7.6

> seq( from = -2, to = 8)
[1] -2 -1  0  1  2  3  4  5  6  7  8

> seq( from = 7, to = -1)
[1]  7  6  5  4  3  2  1  0 -1

> seq( from = -5, length = 12, by = 0.2)
[1] -5.0 -4.8 -4.6 -4.4 -4.2 -4.0 -3.8 -3.6 -3.4 -3.2 -3.0 -2.8
```

```
> seq( from = -5.5, to = 3.5, length = 12)
[1] -5.5000000 -4.6818182 -3.8636364 -3.0454545 -2.2272727 -1.4090909
[7] -0.5909091  0.2272727  1.0454545  1.8636364  2.6818182  3.5000000

> seq( to = -5, length = 12, by = 0.2)
[1] -7.2 -7.0 -6.8 -6.6 -6.4 -6.2 -6.0 -5.8 -5.6 -5.4 -5.2 -5.0
```

Ist die Differenz zwischen Endpunkt `to` und Startwert `from` kein ganzzahliges Vielfaches der Schrittweite `by`, so endet die Folge beim letzten Wert *vor* `to`. Fehlen die Angaben einer Schrittweite `by` und einer Folgenlänge `length`, wird `by` automatisch auf 1 oder -1 gesetzt. Aus drei angegebenen Argumentwerten wird der fehlende vierte automatisch passend bestimmt.

Bemerkung: Argumentwerte können auch über die *Position* im Funktionsaufruf gemäß `seq( from, to, by, length)` übergeben werden, was zahlreiche Abkürzungsmöglichkeiten bietet (aber den Benutzer für die Korrektheit der Funktionsaufrufe verantwortlich macht und einige Gefahren birgt):

```
> seq( -2, 8)
[1] -2 -1  0  1  2  3  4  5  6  7  8

> seq( -2, 8, 0.8)
[1] -2.0 -1.2 -0.4  0.4  1.2  2.0  2.8  3.6  4.4  5.2  6.0  6.8  7.6
```

Zu den Details der Argumentübergabemöglichkeiten in Funktionsaufrufen gehen wir im Abschnitt 6.5 „Spezifizierung von Funktionsargumenten“ ein.

Für Zahlenfolgen, deren Schrittweite 1 ist, gibt es noch eine weitere Abkürzung, den Doppelpunkt-Operator:

```
> 2:11
[1]  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11

> -1:10
[1] -1  0  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10

> -(1:10)
[1]  -1  -2  -3  -4  -5  -6  -7  -8  -9 -10

> 2:-8
[1]  2  1  0 -1 -2 -3 -4 -5 -6 -7 -8
```

Offenbar liefert er dasselbe wie die Verwendung von lediglich den zwei Argumenten `from` und `to` in `seq()`. An Obigem zeigt sich auch schon, dass in Ausdrücken auf die Priorität der verwendeten Operatoren (hier das unäre Minus und der Doppelpunkt-Operator) zu achten ist und nötigenfalls Klammern zu verwenden sind, um Prioritäten zu verändern.

Mit der Funktion `rep()` (von “repeat”) lassen sich Vektoren erzeugen, deren Elemente aus Strukturen entstehen, die (möglicherweise auf komplizierte Art und Weise) wiederholt werden. Die Argumente von `rep()` lauten `x`, `times`, `length.out` und `each`, wobei `x` den Vektor der zu replizierenden Elemente erhält und die anderen Argumente spezifizieren, wie dies zu geschehen hat. In folgendem Beispiel der einfachsten Form

```
> rep( x = 1:3, times = 4)
[1] 1 2 3 1 2 3 1 2 3 1 2 3
```

werden vier hintereinandergehängte Kopien des Vektors `1:3` erzeugt.

Wird dem `times`-Argument ein Vektor der gleichen Länge wie `x` übergeben, dann erwirkt jedes Element des `times`-Arguments eine entsprechende Vervielfältigung des korrespondierenden Elements von `x`:

```
> rep( x = c( -7, 9), times = c( 3, 5))
[1] -7 -7 -7  9  9  9  9  9
```

Das Argument `length.out` gibt an, wie lang der Ergebnisvektor sein soll; die Elemente von `x` werden so oft zyklisch repliziert, bis diese Länge erreicht ist:

```
> rep( x = -1:1, length.out = 11)
[1] -1  0  1 -1  0  1 -1  0  1 -1  0
```

Mit `each` wird angegeben, wie oft *jedes* Element von `x` wiederholt werden soll, was, falls noch andere Argumente angegeben sind, stets *vor* den übrigen Replikationsoperationen gemacht wird:

```
> rep( x = c( -1, 1), each = 3)
[1] -1 -1 -1  1  1  1

> rep( x = c( -1, 0), times = 3, each = 2)
[1] -1 -1  0  0 -1 -1  0  0 -1 -1  0  0

> rep( x = c( -1, 0), length.out = 13, each = 5)
[1] -1 -1 -1 -1 -1  0  0  0  0  0 -1 -1 -1
```

2.2.2 Elementare Vektoroperationen

Wir fassen obige Beispiele in folgender Übersicht zusammen und zählen weitere Funktionen und Operationen auf, welche in **R** für Vektoren zur Verfügung stehen:

R-Befehl und Resultat	Bedeutung/Bemerkung
`> y <- c( 4, 1, 4, 8, 5, 3)`	Die Argumente der Funktion `c()` werden zu einem Vektor zusammengefasst und durch `<-` als Objekt unter dem Namen `y` abgespeichert.
`> length( y)` `[1] 6`	Länge des Vektors `y` (= Anzahl der Vektorelemente).

`> seq( from, to, by, length, along)`
`....`
`> seq( along = y)`
`[1] 1 2 3 4 5 6`
	Für Beispiele bzgl. der ersten vier Argumente siehe oben. `seq( along = y)` liefert dasselbe wie `1:length( y)`, außer wenn `y` die Länge 0 hat, dann liefert es 0.

`> rep( x, times, length.out, each)` `....`	Für Beispiele siehe oben.
`> rev( y)` `[1] 3 5 8 4 1 4`	Kehrt die Reihenfolge der Elemente eines Vektors um.
`> unique( y)` `[1] 4 1 8 5 3`	Liefert die Elemente des Eingabevektors ohne Wiederholungen.
`> sort( y)` `[1] 1 3 4 4 5 8`	Sortiert die Elemente aufsteigend (je nach Modus z. B. numerisch oder lexikografisch) und liefert also die „Ordnungsstatistiken“.

`> rank( y)` `[1] 3.5 1.0 3.5 6.0 5.0 2.0`	Bildet den zum Eingabevektor gehörenden Rangvektor. Bindungen liefern (per Voreinstellung) mittlere Ränge (Engl.: “midranks”).
`> order( y)` `[1] 2 6 1 3 5 4`	Liefert den Vektor der *Indizes* der Eingabedaten für deren aufsteigende Sortierung: Das erste Element von `order( y)` ist der Index des kleinsten Wertes in `y`, das zweite der des zweitkleinsten usw.

Empfehlung: Viel mehr und detailliertere Informationen zu den einzelnen Funktionen liefert jeweils die Online-Hilfe.

2.3 Arithmetik und Funktionen für `numeric`-Vektoren

Die **R**-Arithmetik und viele andere Funktionen für `numeric`-Vektoren operieren auf den Vektoren *elementweise* (also *vektorisiert*), was gelegentlich etwas gewöhnungsbedürftig, oft suggestiv, aber auf jeden Fall sehr leistungsstark ist:

```
> breite <- c( 25, 17, 34, 6);   breite * hoehe    # "hoehe" von Seite 16 oben
[1] 4000 2380 5270 1050
```

Vektoren, die im selben Ausdruck auftreten, brauchen nicht die gleiche Länge zu haben. Kürzere Vektoren in diesem Ausdruck werden durch zyklische (möglicherweise unvollständige) Wiederholung ihrer Elemente auf die Länge des längsten Vektors gebracht. Dies geschieht ohne Warnung, wenn die kleinere Vektorlänge ein Teiler der größeren ist! Bei unterschiedlichen Längen der beteiligten Vektoren hat das Resultat also die Länge des längsten Vektors in diesem Ausdruck. Ein Skalar (= Vektor der Länge 1) wird einfach entsprechend oft repliziert:

```
> fahrenheit <- c( 17, 32, 0, 104, -12)
> (celsius <- (fahrenheit - 32) * 5/9)   # Umrechnung Fahrenheit in Celsius
[1]  -8.333333   0.000000 -17.777778  40.000000 -24.444444
> breite * hoehe * c( 2, 3) + 12
[1]  8012  7152 10552  3162
```

Wir listen in den folgenden Tabellen verschiedene Funktionen und Operationen auf, welche in **R** für `numeric`-Vektoren zur Verfügung stehen und teilweise speziell für die `integer`-Vektoren die Ganzzahlarithmetik realisieren. Hierzu verwenden wir drei Beispielvektoren:

```
> x <- c( -0.3691, 0.3537, -1.0119, -2.6563, NA, 11.3351)
> y <- c( 4, 1, 4, 8, 5, 3);    z <- c( 2, 3)
```

`NA` steht dabei für “not available” und bedeutet, dass der Wert dieses Elements schlicht fehlt, also im statistischen Sinn ein “missing value” ist. Im Allgemeinen liefert eine beliebige Operation, in der irgendwo ein `NA` auftaucht, insgesamt den Wert `NA` zurück. Für manche elementweisen Operationen ist es jedoch sinnvoll, wenn sie im Resultatvektor lediglich an denjenigen Stellen ein `NA` ergeben, wo sich in einem der Eingabevektoren ein `NA` befand.

Es gibt noch eine weitere Sorte von “not available”, und zwar im Sinne von „numerisch nicht definiert“, weil “not a number”: `NaN`. Sie ist das Resultat von Operationen wie $0/0$ oder $\infty - \infty$, wobei ∞ (= Unendlich) in **R** durch das Objekt `Inf` implementiert ist. Für mehr Details siehe Abschnitt 2.11, Seite 57.)

2.3.1 Elementweise Vektoroperationen: Rechnen, runden, formatieren

Für die Verknüpfung arithmetischer Operationen gelten in der Mathematik gewisse Operatorpräzedenzen á la „Punkt- vor Strichrechnung“ oder bei Gleichwertigkeit „von rechts nach links“, die von **R** (natürlich) berücksichtigt werden. Allerdings treten in **R** arithmetische Operatoren häufig in Kombination mit anderen, „nicht-arithmetischen“ Operatoren auf. Hier ist die Operatorpräzedenz nicht unbedingt offensichtlich. Für Klarheit sorgt hier die Online-Hilfeseite, zu der `?Syntax` führt. Im Übrigen ist die Verwendung von Paaren runder Klammern stets möglich, um eine gewisse, evtl. von der üblichen Ordnung abweichende Auswertungsreihenfolge zu erzwingen (oder einfach nur für sich selbst sichtbar sicherzustellen).

Die Hilfeseite zu den arithmetischen Operatoren erreicht man durch `?Arithmetic`.

`> y + z`
`[1] 6 4 6 11 7 6`
`> y + x`
`[1] 3.6309  .... NA 14.3351`
	Elementweise Addition (mit zyklischer Replikation des kürzeren Vektors und mit rein elementweiser Beachtung des NA-Status’)

`> y - z` `[1] 2 -2 2 5 3 0`	Elementweise Subtraktion
`> y * z` `[1] 8 3 8 24 10 9`	Elementweise Multiplikation
`> y / z` `[1] 2.0000 0.3333 2.0000 ....`	Elementweise Division
`> y^z` `[1] 16 1 16 512 25 27`	Elementweise Exponentiation (siehe auch das „Beachte“ am Ende dieser Tabelle)
`> y %/% z` `[1] 2 0 2 2 2 1`	Elementweise ganzzahlige Division
`> y %% z` `[1] 0 1 0 2 1 0`	Elementweise Modulo-Funktion, d. h. Rest bei ganzzahliger Division.

`> pmax( x, y)`
`[1]  4.0000  1.0000  4.0000`
`[4]  8.0000      NA 11.3351`
`> pmin( x, y)`
`[1] -0.3691  0.3537 -1.0119`
`[4] -2.6563      NA  3.0000`
	`pmax()` bzw. `pmin()` ergibt das elementweise (oder auch „parallele“) Maximum bzw. Minimum mehrerer Vektoren (und nicht nur zweier wie hier im Beispiel).

`> pmin( x, y, na.rm = TRUE)`
`[1] -0.3691  0.3537 -1.0119`
`[4] -2.6563  5.0000  3.0000`
	Mit dem Argument `na.rm = TRUE` werden NAs ignoriert. Ausnahme: Ist in allen Vektoren dasselbe Element NA, so ist auch im Resultatvektor dieses Element NA.

`> ceiling( x)` `[1] 0 1 -1 -2 NA 12`	Rundet elementweise zur nächsten ganzen Zahl *auf*.
`> floor( x)` `[1] -1 0 -2 -3 NA 11`	Rundet elementweise zur nächsten ganzen Zahl *ab*, ist also die Gaußklammer.
`> trunc( x)` `[1] 0 0 -1 -2 NA 11`	Rundet elementweise zur nächsten ganzen Zahl *in Richtung Null*, d. h., liefert den ganzzahligen Anteil.

`> round( x)`
`[1] 0 0 -1 -3 NA 11`
`> round( c( 2.5, 3.5))`
`[1] 2 4`
	Rundet elementweise auf die nächste ganze Zahl, wobei Werte der Art „k.5“ auf die nächste gerade ganze Zahl gerundet werden.

`> round( x, digits = 1)`
`[1] -0.4 0.4 -1.0 -2.7 NA`
`11.3`
`> round( c( 1.25, 1.35), 1)`
`[1] 1.2 1.4`
	Das zweite (optionale) Argument `digits` gibt, falls positiv, die Zahl der Nachkommastellen, falls negativ, die Zehnerstelle vor dem Komma an, auf die gerundet werden soll. Werte der Art „...k5...“ werden an der Stelle k auf die nächste gerade ganze Ziffer gerundet.

`> signif( x, digits = 2)`
`[1] -0.37  0.35 -1.00 -2.70`
`[5]    NA 11.00`
	Rundet auf die für `digits` angegebene Gesamtzahl an signifikanten Stellen (wobei Nullen lediglich für ein einheitliches Druckformat angehängt werden).

`> print( x, digits = 2)`
`[1] -0.37  0.35 -1.01 -2.66`
`[5]    NA 11.34`
	Druckt `x` mit der für `digits` angegebenen Anzahl an Nachkommastellen (gerundet) in einheitlichem Druckformat.

`> format( x, digits = 2)`
`[1] "-0.37" " 0.35" "-1.01"`
`[4] "-2.66" "   NA" "11.34"`
	Erzeugt eine `character`-Darstellung des `numeric`-Vektors `x` in einheitlich langer, rechtsbündiger Formatierung der Elemente von `x` mit der durch `digits` angegebenen Zahl an (gerundeten) Nachkommastellen. Dazu wird mit führenden Leerzeichen aufgefüllt.

`> format( y, nsmall = 2)`
`[1] "4.00" "1.00" "4.00" "8.00"`
`[5] "5.00" "3.00"`
	`nsmall` gibt die Mindestanzahl an Ziffern rechts vom Dezimalpunkt an. Erlaubt: $0 \leq$ `nsmall` ≤ 20. Es wird rechts mit Nullen aufgefüllt.

`> format( (-2)^c( 3,10,21,32),`
`+ scientific = TRUE, digits = 4)`
`[1] "-8.000e+00" " 1.024e+03"`
`[3] "-2.097e+06" " 4.295e+09"`
	`scientific = TRUE` veranlasst die Darstellung in wissenschaftlicher Notation, wobei `digits` wie eben funktioniert. (Viel mehr Informationen liefert die Online-Hilfe. Nützlich ist auch `formatC()`.)

Beachte: Die Berechnung der elementweisen Exponentiation `x^n` ist für kleine ganzzahlige Werte von n (≥ 2) effizienter durch die explizite Angabe als Produkt $x * \cdots * x$ zu erreichen. Also insbesondere in sehr rechenintensiven Simulationen sollte man z. B. `x^2` und `x^3` explizit als `x * x` bzw. `x * x * x` programmieren. Dies kann durch einen reduzierten Laufzeitaufwand die Geduld des/der „Simulanten/in“ ein wenig entlasten.

2.3.2 Zusammenfassende und sequenzielle Vektoroperationen: Summen, Produkte, Extrema

Memo: `x` und `y` sind die Objekte von Seite 19.

`> sum( y)`
`[1] 25`
`> sum( x)`
`[1] NA`
`> sum( x, na.rm = TRUE)`
`[1] 7.6515`
	Summe der Vektorelemente.
	
	Konsequenz eines NA-Elements hierbei.
	Aber wenn das logische Argument `na.rm` auf TRUE gesetzt wird, führt dies zum Ausschluss der NA-Elemente *vor* der Summenbildung.

`> prod( y)` `[1] 1920`	Produkt der Vektorelemente. Argument `na.rm` steht auch hier zur Verfügung.

`> cumsum( y)`
`[1] 4 5 9 17 22 25`
`> cumprod( y)`
`[1] 4 4 16 128 640 1920`
`> cummax( y)`
`[1] 4 4 4 8 8 8`
`> cummin( y)`
`[1] 4 1 1 1 1 1`
	Kumulative Summen,
	
	kumulative Produkte,
	
	kumulative Maxima bzw.
	
	kumulative Minima der Vektorelemente.
	(Das Argument `na.rm` steht **nicht** zur Verfügung.)

`> diff( y)` `[1] -3  3  4 -3 -2`	Sukzessive Differenzen der Vektorelemente: Element i ist der Wert $y_{i+1} - y_i$ (d. h. der Zuwachs von y_i auf y_{i+1}).
`> diff( y, lag = 2)` `[1]  0  7  1 -5`	Sukzessive Differenzen der Vektorelemente, die *lag* Elemente voneinander entfernt sind: Element i ist der Wert $y_{i+lag} - y_i$.

2.3.3 "Summary statistics" (summary() etc.)

Statistikspezifische zusammenfassende Vektoroperationen – im Englischen auch "summary statistics" genannt – wollen wir separat aufführen: Die hierbei verwendeten Funktionen zur Bestimmung von Maximum, Minimum, Spannweite, Mittelwert, Median, Varianz und Quantilen eines Datensatzes bzw. der Korrelation zweier Datensätze würden im Fall fehlender Werte (NAs) in den Daten ebenfalls NA zurückliefern oder die Berechnung mit einer Fehlermeldung abbrechen. Dies kann durch das Argument `na.rm` geändert werden.
Memo: `x` und `y` stammen von Seite 19.

R-Code	Erläuterung
`> max( x)` `[1] NA`	Wie erwartet, führt ein NA bei `max()` etc. ebenfalls zu NA als Resultat.

`> max( x, na.rm = TRUE)`
`[1] 11.3351`
`> min( x, na.rm = TRUE)`
`[1] -2.6563`
	Das Argument `na.rm = TRUE` erzwingt, dass alle NAs in dem Vektor `x` ignoriert werden, bevor die jeweilige Funktion angewendet wird. Die Voreinstellung ist `na.rm = FALSE`.

`> which.max( x)`
`[1] 6`
`> which.min( x)`
`[1] 4`
	Liefert den Index des ersten (!) Auftretens des Maximums (bzw. Minimums) in den Elementen eines Vektors. NAs im Vektor werden ignoriert.

`> range( x, na.rm = TRUE)` `[1] -2.6563 11.3351`	Minimum und Maximum der Werte in `x` (ohne NAs).

`> mean( x, na.rm = TRUE)`
`[1] 1.5303`
`> mean( x, trim = 0.2,`
`+ na.rm = TRUE)`
`[1] -0.3424333`
	Arithmetisches Mittel der Nicht-NA-Werte in `x`. Das Argument `trim` mit Werten in $[0, 0.5]$ spezifiziert, welcher Anteil der sortierten Werte in `x` am unteren und oberen Ende *jeweils* weggelassen (getrimmt) werden soll.

`> median( x, na.rm = TRUE)` `[1] -0.3691`	Der Median der Nicht-NA-Werte in `x`. Zu Details seiner Implementation siehe `?median`.

`> quantile( x, na.rm = TRUE)`
`      0%      25%      50%      75%`
`-2.6563 -1.0119 -0.3691  0.3537`
`   100%`
`11.3351`
`> quantile( x, na.rm = TRUE,`
`+ probs = c( 0, 0.2, 0.9))`
`      0%       20%      90%`
`-2.65630 -1.34078  6.94254`
	Empirische Quantile der Werte in `x`. Die Voreinstellung liefert Minimum, unteres Quartil, Median, oberes Quartil und Maximum der `x`-Elemente. Das Argument `probs` erlaubt die Bestimmung jedes beliebigen Quantils. Es sind neun (!) verschiedene Quantildefinitionen und die entsprechenden Algorithmen zu ihrer Bestimmung über das nicht gezeigte Argument `type` wählbar; siehe Online-Hilfe. Per Voreinstellung (`type = 7`) wird zwischen den Ordnungsstatistiken von `x` linear interpoliert, wobei $x_{i:n}$ als `(i-1)/(length(x)-1)`-Quantil angenommen wird. Für `type = 1` wird als Quantilfunktion die Inverse der empirischen Verteilungsfunktion F_n genutzt: $F_n^{-1}(p) = \inf\{x : F_n(x) \geq p\}$, $0 \leq p \leq 1$.

`> summary( x)`
`    Min. 1st Qu.  Median    Mean`
` -2.6560 -1.0120 -0.3691  1.5300`
` 3rd Qu.    Max.    NA's`
`  0.3537 11.3400  1.0000`
	Das Resultat von `summary()` angewendet auf einen `numeric`-Vektor `x` ist eine Auswahl von Resultaten obiger Funktionen nach Zählung sowie Elimination der NA-Elemente.

`> var( x, na.rm = TRUE)`
`[1] 31.27915`
 	
`> sd( x, na.rm = TRUE)`
`[1] 5.592777`
	Die Funktionen `var()` und `sd()` zur Berechnung der empirischen Varianz bzw. Standardabweichung der Elemente eines Vektors besitzen das Argument `na.rm`. Es muss zum Ausschluss von NA-Elementen auf `TRUE` gesetzt werden.

`> cov( x, y, use = "complete.obs")`
`[1] -5.75535`
`> var( x, y, use = "complete.obs")`
... *(Dasselbe wie bei* `var()`*)*
 	
`> cor( x, y, use = "complete.obs")`
`[1] -0.4036338`
	`cov()` und `var()` bzw. `cor()` zur Bestimmung der empirischen Kovarianz bzw. Korrelation der Elemente zweier Vektoren besitzen das Argument `use`. Es gibt die Behandlung von NAs an. `use = "complete. obs"` sorgt dafür, dass, wenn eines von zwei i-ten Elementen NA ist, beide ausgeschlossen werden. (Für andere Möglichkeiten siehe die Online-Hilfe.)

Beachte im Vorgriff auf Kapitel 2.8 „Matrizen: Erzeugung, Indizierung, Modifikation und Operationen": `sum()`, `prod()`, `max()`, `min()`, `range()`, `mean()`, `median()`, `quantile()` und `summary()` können auch direkt auf Matrizen angewendet werden. Sie wirken dann jedoch nicht spalten- oder zeilenweise, sondern auf die als Vektor aufgefasste Gesamtheit der Matrixeinträge. Die Funktionen `cov()` und `var()` bzw. `cor()` ergeben allerdings die empirische Kovarianz- bzw. Korrelations*matrix* der Spaltenvektoren, wohingegen `sd()` pro Matrixspalte die empirische Standardabweichung ihrer Einträge liefert.

2.3.4 Mathematische Funktionen

Selbstverständlich stehen auch einige eher „rein mathematische" Funktionen zur Verfügung, die ebenfalls elementweise auf `numeric`-Vektoren angewendet werden:

Name			Funktion
`sqrt`			Quadratwurzel
`abs`			Absolutbetrag
`sin`	`cos`	`tan`	Trigonometrische Funktionen
`asin`	`acos`	`atan`	Inverse trigonometrische Funktionen
`sinh`	`cosh`	`tanh`	Hyperbolische trigonometrische Funktionen
`asinh`	`acosh`	`atanh`	Inverse hyperbolische trigonometrische Funktionen
`exp`	`log`		Exponentialfunktion und natürlicher Logarithmus
`log10`	`logb`		Dekadischer Logarithmus und Logarithmus zu freier Basis
`beta`	`lbeta`		Betafunktion und ihr natürlicher Logarithmus
`gamma`	`lgamma`		Gammafunktion Γ und ihr natürlicher Logarithmus
`factorial`	`lfactorial`		Ist $\Gamma(x+1)$ für $x \in \mathbb{R}$ und die Fakultätsfunktion $x!$, falls $x \in \mathbb{N}_0$, bzw. ihr natürlicher Logarithmus
`choose`	`lchoose`		Binomialkoeffizienten bzw. ihr natürlicher Logarithmus

Für weitere Informationen über die aufgeführten Funktionen siehe die Online-Hilfe direkt via ihre Namen wie z. B. `?sqrt` und `?log` oder teilweise auch via `?Trig` oder `?Specials`.

Beachte:

- $\Gamma(x) = (x-1)!$, falls x eine natürliche Zahl ist.
- Um die Basis der Logarithmus-Funktion zu wählen, ist für `logb()` das Argument `base` da. Beispielsweise liefert `logb( x, base = 2)` den binären Logarithmus. Natürlich ist `logb( x, base = 10)` gerade gleich `log10( x)`.
- π ist unter dem Namen `pi` verfügbar und e ist `exp( 1)`.

- Für aufwändigere mathematische Simulationen kann es sich hinsichtlich der Rechenzeit lohnen, die wiederholte Anwendung obiger Funktionen auf denselben oder einen leicht variierten Vektor zu vermeiden. Beispiel: Die Berechnung von `exp( x) + exp( -x)` für einen langen `numeric`-Vektor `x` ist effizienter durch `z <- exp( x); z + 1/z` zu erzielen, weil die Kehrwertbildung eine „einfachere“ Funktion ist als die Exponentialfunktion.

- Zum interessanten Thema Rechengenauigkeit im Sinne von numerischer Präzision finden sich in der Antwort zur R-FAQ 7.31 wichtige Informationen und im **R**-Wiki, wenn man dort nach dem Begriff "`r_accuracy`" suchen lässt (siehe `http://rwiki.sciviews.org`). Das für sich allein schon interessante Thema ist in der Arbeit [**?**, Goldberg (1991)] deutlich weiter ausgeführt, die auch auf der Hilfeseite `?Arithmetic`.

- `choose( n, k)` liefert die *Anzahl* aller k-elementigen Teilmengen einer n-elementigen Grundmenge. Die explizite Erzeugung dieser Teilmengen hingegen – und in gewissem Umfang deren Weiterverarbeitung – ermöglicht die Funktion `combn()` (siehe ihre Online-Hilfe).

2.4 `logical`-Vektoren und logische Operatoren

Mit den „reservierten Worten“ `FALSE` und `TRUE` werden in **R** die logischen Konstanten „falsch“ und „wahr“ bezeichnet. Die äquivalent erscheinenden Objekte `F` und `T` hingegen sind globale Variablen, deren Werte per Voreinstellung zwar auf `FALSE` bzw. `TRUE` gesetzt sind, vom Benutzer aber überschrieben werden können! Vorsicht also mit benutzerdefinierten Objekten namens `F` oder `T`, da sie eventuell die eigentlich beabsichtigten Werte `FALSE` oder `TRUE` maskieren. (Siehe hierzu auch den Punkt zum Unterschied zwischen `TRUE` und `T` auf Seite 26.)

Ein logischer Wert ist das Resultat der Auswertung eines booleschen Ausdrucks (d. h. einer Bedingung). Im folgenden Beispiel wird der Vektor `x` (wie üblich) elementweise mit einem Skalar verglichen. Außerdem werden zwei Vektoren `a` und `b` direkt erzeugt. Sowohl der Resultatvektor für `x > 175` als auch `a` und `b` haben den Modus `logical`:

```
> x <- c( 160, 145, 195, 173, 181);    x > 175
[1] FALSE FALSE  TRUE FALSE  TRUE

> (a <- c( T, T, F, F));    (b <- c( T, FALSE, TRUE, F))
[1]  TRUE  TRUE FALSE FALSE
[1]  TRUE FALSE  TRUE FALSE
```

In den folgenden beiden Tabellen finden sich (fast) alle logischen Operatoren, die in **R** für logische Vektoren und Ausdrücke zur Verfügung stehen. Zur Online-Hilfe über verschiedene logische Operatoren oder die logischen Konstanten kommen Sie via `?Logic` bzw. `?logical`, oder z. B. durch `?"!"`, also durch das `?` angewendet auf den Operator in Hochkommata.

2.4.1 Elementweise logische Operationen

Operator	Bedeutung und Bemerkung	Anwendungsbeispiel mit `a`, `b`, `x` von oben
$<$	kleiner	`> x < 190` `[1] TRUE TRUE FALSE TRUE TRUE`
$>$	größer	`> x > 173` `[1] TRUE FALSE TRUE FALSE TRUE`
$==$	gleich	`> x == 145` `[1] FALSE TRUE FALSE FALSE FALSE`

<=	kleiner oder gleich	`> x <= 190` `[1] TRUE TRUE FALSE TRUE TRUE`
>=	größer oder gleich	`> x >= 173` `[1] FALSE FALSE TRUE TRUE TRUE`

!	nicht (= Negation)	`> !a`
		`[1] FALSE FALSE TRUE TRUE`
		`> !(x > 173)`
		`[1] TRUE TRUE FALSE TRUE FALSE`

!=	ungleich	`> x != 145` `[1] TRUE FALSE TRUE TRUE TRUE`
&	und	`> a & b` `[1] TRUE FALSE FALSE FALSE`
|	oder	`> a | b` `[1] TRUE TRUE TRUE FALSE`
xor	exclusives oder (entweder–oder)	`> xor( a, b)` `[1] FALSE TRUE TRUE FALSE`

Beachte:

- In arithmetischen Ausdrücken findet eine automatische Konversion (Engl.: "coercing") von `logical` in `numeric` statt, und zwar wird `TRUE` zu 1 und `FALSE` zu 0, was – mit Umsicht – sehr effizient genutzt werden kann:

```
> a * 2              > (x > 175) * 1        > sum( x <= 190)
[1] 2 2 0 0          [1] 0 0 1 0 1          [1] 4
```

- Diese automatische Konversion findet im Prinzip sogar in beide Richtungen statt, fallweise also auch von `numeric` in `logical`! Finden Sie heraus, was die folgenden Ausdrücke im einzelnen liefern und machen Sie sich die Ursache(n) für die jeweiligen Resultate klar:

```
> !0      > !1      > !2      > !0 + !0      > !0 - !0      > !0 * !0
?         ?         ?         ?              ?              ?

> !0 + !0 == !0 - !0          > !0 * !0 == !0^2
?                             ?
```

  Aber:

```
> (!0) + (!0)         > (!0) - (!0)         > (!0) * (!0)         > (!0)^2
?                     ?                     ?                     ?
```

- Beim Vergleich mathematisch reellwertiger Größen, die in **R** als `numeric` gespeichert sind, ist die begrenzte, digitale Maschinengenauigkeit zu berücksichtigen. Beispiel:

```
> (0.2 - 0.1) == 0.1;    (0.3 - 0.2) == 0.1
[1] TRUE
[1] FALSE
```

  Das ist kein **R**-spezifischer „Fehler", sondern ein fundamentales, computerspezifisches Problem (was z. B. auch unter `http://cran.r-project.org/doc/FAQ/R-FAQ.html` in der R-FAQ 7.31 "Why doesn't R think these numbers are equal?" besprochen wird).) Hier können die Funktionen `all.equal()` und `identical()` weiterhelfen, bezüglich deren Arbeitsweise wir aber auf die Online-Hilfe verweisen.

- Beispiel zum Unterschied zwischen `TRUE` und `T` (bzw. zwischen `FALSE` und `F`):

```
> TRUE <- 5
Fehler in TRUE <- 5 : ungueltige (do_set) linke Seite in Zuweisung
> T <- 5; T
[1] 5
```

2.4.2 Zusammenfassende logische Operationen

Operator	Bedeutung und Bemerkung	Anwendungsbeispiel mit `a`, `b` und `x` von oben

&&	„sequenzielles“ und: Ergebnis ist `TRUE`, wenn beide Ausdrücke `TRUE` sind. Ist aber der linke Ausdruck `FALSE`, wird der rechte gar nicht erst ausgewertet.	`> min( x-150) > 0 &&`
		`+ max( log( x-150)) < 1`
		`[1] FALSE`

||	„sequenzielles“ oder: Ergebnis ist `TRUE`, wenn ein Ausdruck `TRUE`. Ist aber der linke Ausdruck schon `TRUE`, wird der rechte nicht mehr ausgewertet.	`> min( x-150) < 0 ||`
		`+ max( log( x-150)) < 1`
		`[1] TRUE`

all	Sind alle Elemente `TRUE`? (Das Argument `na.rm` steht zur Verfügung.)	`> all( a)` `[1] FALSE`
any	Ist mindestens ein Element `TRUE`? (`na.rm` steht zur Verfügung.)	`> any( a)` `[1] TRUE`
which	Welche Elemente sind `TRUE`?	`> which ( b)` `[1] 1 3`

Memos:

- Leerzeichen sind als Strukturierungshilfe sehr zu empfehlen, da sie nahezu beliebig zwischen alle **R**-Ausdrücke eingestreut werden können. Gelegentlich sind sie sogar zwingend notwendig: `sum(x<-1)` kann durch Leerzeichen zwei Ausdrücke mit völlig verschiedenen Bedeutungen ergeben, nämlich `sum(x < -1)` und `sum(x <- 1)`. **R** verwendet für `sum(x<-1)` die zweite Interpretation, also muss man für die erste durch die entsprechende Verwendung von Leerzeichen sorgen (oder von Klammern wie in `sum(x<(-1))`, was aber ziemlich unübersichtlich werden kann).

- An dieser Stelle erinnern wir noch einmal an die bereits am Anfang von §2.3.1 auf Seite 20 erwähnten Regeln zur Operatorpräzedenz und an die Hilfeseite zur Syntax.

2.5 character-Vektoren und elementare Operationen

Vektoren des Modus `character` (kurz: `character`-Vektoren) bestehen aus Elementen, die Zeichenketten ("strings") sind. Zeichenketten stehen in paarweisen doppelten Hochkommata, wie z. B. `"x-Werte"`, `"Peter, Paul und Mary"`, `"NEUEDATEN2002"` und `"17"`. Paarweise einfache Hochkommata können auch verwendet werden, allerdings nicht gemischt mit doppelten innerhalb einer Zeichenkette. `character`-Vektoren werden wie andere Vektoren mit der Funktion `c()` zusammengesetzt:

```
> (namen <- c( "Peter", "Paul", "Mary"))
[1] "Peter" "Paul"  "Mary"
> weitere.namen <- c( 'Tic', 'Tac', 'Toe')
> (alle.namen <- c( namen, weitere.namen))
[1] "Peter" "Paul"  "Mary"  "Tic"   "Tac"   "Toe"
```

Werden `character`-Vektoren mit Vektoren anderer Modi, wie z. B. `numeric` oder `logical` verknüpft, so werden alle Elemente in den Modus `character` konvertiert:

```
> c( 1.3, namen, TRUE, F)
[1] "1.3"   "Peter" "Paul"  "Mary"  "TRUE"  "FALSE"
```

2.5.1 Zusammensetzen von Zeichenketten: paste()

Das „nahtlose" Zusammensetzen von Zeichenketten aus korrespondierenden Elementen mehrerer `character`-Vektoren kann mit der Funktion `paste()` ("to paste" = kleben) bewerkstelligt werden (siehe Beispiele unter der folgenden Auflistung):

- Eine beliebige Anzahl an Zeichenketten (d. h. an einelementigen `character`-Vektoren) wird zu einer einzelnen Zeichenkette (in einem einelementigen `character`-Vektor) zusammengesetzt.
- Vorher werden dabei automatisch logische Werte in `"TRUE"` bzw. `"FALSE"` und Zahlen in Zeichenketten, die ihren Ziffernfolgen entsprechen, konvertiert.
- Zwischen die zusammenzusetzenden Zeichenketten wird mit Hilfe des Arguments `sep` ein (frei wählbares) Trennzeichen eingebaut; Voreinstellung ist das Leerzeichen ("blank"), also `sep = " "`.
- `character`-*Vektoren* werden elementweise (unter zyklischer Wiederholung der Elemente der kürzeren Vektoren) zu `character`-Vektoren zusammengesetzt, derart dass die Zeichenketten korrespondierender Elemente zusammengesetzt werden.

Beispiele:

```
> paste( "Peter", "ist", "doof!")                    # Aus drei Zeichenketten
[1] "Peter ist doof!"                                 # wird eine.

> paste( "Tic", "Tac", "Toe", sep = ",")             # Dito, aber mit "," als
[1] "Tic,Tac,Toe"                                     # Trennzeichen.

> paste( "Hoehe", hoehe, sep = "=")                  # Aus numeric wird cha-
[1] "Hoehe=160" "Hoehe=140" "Hoehe=155" "Hoehe=175"   # racter und Vektoren ...

> paste( "Data", 1:4, ".txt", sep = "")              # werden zyklisch (teil-)
[1] "Data1.txt" "Data2.txt" "Data3.txt" "Data4.txt"   # repliziert bis ...

> paste( c( "x", "y"), rep( 1:5, each = 2), sep = "") # alle Laengen zueinan-
[1] "x1" "y1" "x2" "y2" "x3" "y3" "x4" "y4" "x5" "y5" # der passen.
```

2.5.2 Benennung und „Entnennung“ von Vektorelementen: `names()` & `unname()`

Eine besondere Anwendung von Zeichenketten ist die Benennung der Elemente eines Vektors mit Hilfe der Funktion `names()` (wobei diese auf der linken Seite des Zuweisungsoperators `<-` verwendet wird). Dies ändert nichts an den Werten der Elemente des Vektors:

```
> alter <- c( 12, 14, 13, 21, 19, 23)
> names( alter) <- alle.namen;   alter
 Peter Paul Mary Tic Tac Toe
    12   14   13  21  19  23
```

Damit ist der Vektor `alter` nach wie vor ein `numeric`-Vektor, hat aber nun zusätzlich das Attribut `names`, wie die Funktion `attributes()` zeigt.

```
> attributes( alter)
$names
[1] "Peter" "Paul"  "Mary"  "Tic"   "Tac"   "Toe"
```

Es ist auch möglich, die Elemente eines Vektors schon bei seiner Erzeugung zu benennen:

```
> c( Volumen = 3.21, Masse = 15.8)
Volumen   Masse
   3.21   15.80
```

Sollte die Benennung von Vektorelementen stören (z. B. weil sie bei langen Vektoren mit außerdem langen Elementenamen viel Speicherplatz in Anspruch nimmt), kann sie mit `unnname()` entfernt werden (was in der Regel auch den Speicherplatzbedarf des Vektors stark reduziert):

```
> object.size( alter)   # liefert ca. die Groesse seines Argumentes in Bytes.
[1] 576
> unname( alter);     object.size( unname( alter))
[1] 12 14 13 21 19 23
[1] 88
```

Bemerkung: Der Speicherplatzbedarf von `numeric`-Vektoren mit mindestens 16 unbenannten Elementen ist acht Bytes pro Element plus ein konstanter “Overhead” von 40 Bytes. Pro Elementname kommen (bei kurzen Elementnamen) ebenfalls *in etwa* acht Bytes hinzu, was die Größe eines solchen Vektors also ungefähr verdoppelt. (Für Vektoren mit weniger als 16 Elementen ist der Speicherplatzbedarf überproportional größer, was i. d. R. aber völlig irrelevant ist.)

2.5.3 Weiter Operationen: `strsplit()`, `nchar()`, `substring()`, `abbreviate()` & Co.

Ein paar Funktionen, die für die Arbeit mit `character`-Vektoren von Nutzen sein können, sind in der folgenden Tabelle aufgeführt:

`> paste( ...., sep, collapse)`
`> paste( weitere.namen,`
`+ collapse = " und ")`
`[1] "Tic und Tac und Toe"`
`> paste( weitere.namen,`
`+ sep = " und ")`
`[1] "Tic" "Tac" "Toe"`
	Für verschiedene Beispiele siehe oben.
	Die Angabe des Arguments `collapse` führt zum „Kollaps“ aller Eingabezeichenketten zu *einer* Zeichenkette, wobei der Wert von `collapse` eingefügt wird. Beachte den Unterschied zur Wirkung von `sep = " und "`!

`> strsplit( ....)` `....`	Die sehr nützliche „Umkehrung“ von `paste()`, für deren – etwas komplexere – Funktionsweise wir auf die Online-Hilfe verweisen.

`> nchar( alle.namen)` `[1] 5 4 4 3 3 3`	Liefert die Längen der in seinem Argument befindlichen Zeichenketten (falls nötig, nach Konversion des Arguments in einen `character`-Vektor).

`> substring( text = namen,`
`+ first = 2, last = 3)`
`[1] "et" "au" "ar"`
 	
`> substring( namen, 2)`
`[1] "eter" "aul"  "ary"`
 	
`> substring( namen, 2, 3) <- "X"`
`> namen`
`[1] "PXer" "PXl"  "MXy"`
	Produziert einen Vektor von Teil-Zeichenketten der Eingabe an `text`. Das Argument `first` bestimmt die Startposition und `last` die Endposition der Teil-Zeichenketten in den Eingabezeichenketten. Ohne Wert für `last` gehen die Teil-Zeichenketten bis zum Ende der Eingabezeichenketten.
	Mit einer Zuweisungsanweisung werden im Eingabevektor die jeweiligen Teile durch die rechte Seite von `<-` ersetzt.
	(Die Werte für `first` und `last` können Vektoren sein; dann wird auf dem Eingabevektor entsprechend elementweise operiert.)

`> abbreviate( names = alle.namen,`
`+ minlength = 2)`
`Peter Paul Mary   Tic   Tac  Toe`
` "Pt" "Pl" "Mr" "Tic" "Tac" "To"`
	Generiert (mit Hilfe eines fürs Englische maßgeschneiderten Algorithmus') aus den Zeichenketten des Eingabevektors eindeutige Abkürzungen der Mindestlänge `minlength`. Der Resultatvektor hat benannte Elemente, wobei die Elementnamen die Zeichenketten des Eingabevektors sind.

Hinweise:

- Für weitere, sehr leistungsfähige, aber in ihrer Umsetzung etwas kompliziertere Zeichenkettenbearbeitungen verweisen wir auf die Online-Hilfe der Funktion `gsub()` und ihre dort genannten „Verwandten“.
- Das Zusatzpaket `stringr` bietet eine Sammlung an Zeichenkettenfunktionen, die konsistenter und einfacher zu verwenden sein sollen als die in “base **R**” bereits zur Verfügung stehenden.
- Mit `tolower()`, `toupper()` und `chartr()` lassen sich ein paar spezielle, einfachere Umwandlungen elegant bewerkstelligen (siehe deren Online-Hilfe).
- Gelegentlich ganz nützlich sind die in **R** schon vorhandenen `character`-Vektoren `letters`, `LETTERS`, `month.name` und `month.abb`. Sie enthalten als Elemente das Alphabet in Klein- bzw. Großbuchstaben sowie die Monatsnamen bzw. deren Abkürzungen:

```
> letters
 [1] "a" "b" "c" .... "z"
> LETTERS
 [1] "A" "B" "C" .... "Z"
> month.name
 [1] "January"   "February"  "March" .... "December"
> month.abb
 [1] "Jan" "Feb" "Mar" .... "Dec"
```

2.6 Indizierung und Modifikation von Vektorelementen: `[ ]`

Der Zugriff auf einzelne Elemente eines Vektors wird durch seine Indizierung mit der Nummer des gewünschten Elements erreicht. Dies geschieht durch das Anhängen der Nummer in eckigen Klammern `[ ]` an den Namen des Vektors: `x[`i`]` für $i > 0$ liefert das i-te Element des Vektors `x`, sofern dieser mindestens i Elemente besitzt; andernfalls erhält man den Wert `NA` zurück. Die Indizierung der Elemente beginnt mit 1 (im Gegensatz zur Sprache C, wo sie mit 0 beginnt). Der Index 0 (Null), also `x[0]` liefert einen leeren Vektor zuück.

2.6.1 Indexvektoren

Durch die Angabe eines *Indexvektors* kann auf ganze Teilmengen von Vektorelementen zugegriffen werden. Für die Konstruktion eines Indexvektors gibt es vier Methoden:

1. **Indexvektor aus positiven Integer-Werten:** Die Elemente des Indexvektors müssen aus der Menge $\{1, \ldots,$ `length( x)`$\}$ sein. Diese Integer-Werte indizieren die Vektorelemente und liefern sie *in der Reihenfolge*, wie sie im Indexvektor auftreten, zu einem Vektor zusammengesetzt zurück:

```
> alter[ 5]
 Tac
  19
> alter[ c( 4:2, 13)]
 Tic Mary Paul
  21   13   14  NA
> c( "Sie liebt mich.", "Sie liebt mich nicht.")[ c( 1,1,2,1,1,2)]
[1] "Sie liebt mich."   "Sie liebt mich."   "Sie liebt mich nicht."
[4] "Sie liebt mich."   "Sie liebt mich."   "Sie liebt mich nicht."
```

2. **Indexvektor aus negativen Integer-Werten:** Die Menge der Elemente des Indexvektors (d. h. duplizierte Negativindizes werden ignoriert) spezifiziert in diesem Fall die Elemente, die *ausgeschlossen* werden:

```
> alle.namen[ -(1:3)]
[1] "Tic" "Tac" "Toe"
> alter[ -length( alter)]
 Peter Paul Mary Tic Tac
    12   14   13  21  19
```

3. **Logischer Indexvektor:** Ein Indexvektor mit logischen Elementen wählt die Vektorelemente aus, an deren Position im Indexvektor ein `TRUE`-Wert steht; `FALSE`-Werten entsprechende Elemente werden ausgelassen. Ein zu kurzer Indexvektor wird (nötigenfalls unvollständig) zyklisch repliziert, ein zu langer liefert NA für die überzähligen Indizes zurück:

```
> alter[ c( TRUE, TRUE, FALSE, FALSE, TRUE)]
Peter  Paul   Tac   Toe   <NA>
   12    14    19    23     NA
> x[ x > 180]             # x von Seite 24
[1] 195 181
> alle.namen[ alter >= 21]
[1] "Tic" "Toe"
> alle.namen[ alter >= 14 & alter < 18]
[1] "Paul"

> letters[ c( FALSE, FALSE, TRUE)]   # Jeder dritte Buchstabe (von 26)
[1] "c" "f" "i" "l" "o" "r" "u" "x"
```

4. **Indexvektor aus Zeichenketten:** Diese Möglichkeit besteht nur, wenn der Vektor, dessen Elemente indiziert werden sollen, benannte Elemente besitzt (also das Attribut `names` hat, wie z. B. nach Anwendung der Funktion `names()`; vgl. §2.5.2). In diesem Fall können die Elementenamen zur Indizierung der Elemente verwendet werden. Ein unzutreffender Elementename liefert ein NA zurück:

```
> alter[ "Tic"]
 Tic
  21
> alter[ c( "Peter", "Paul", "Mary", "Heini")]
Peter  Paul  Mary  <NA>
   12    14    13    NA
> alter[ weitere.namen]
 Tic Tac Toe
  21  19  23
```

2.6.2 Zwei spezielle Indizierungsfunktionen: `head()` und `tail()`

Gelegentlich möchte man auf die ersten oder letzten k Elemente eines Vektors `x` zugreifen, was in ersterem Fall recht leicht durch `x[1:k]` bewältigt wird. Im zweiten Fall bedarf es jedoch der Bestimmung und etwas unübersichtlichen Verwendung der Vektorlänge, z. B. wie in `x[(length( x)-k+1):length( x)]`. Die Funktionen `head()` und `tail()` erleichtern diese Zugriffe auf kompakte Weise (zumindest im Fall von `tail()`):

<table>
<tr><td><pre>
> head(alter, n = 2)
Peter Paul
   12   14
> tail(alter, n = 1)
Toe
 23
</pre></td><td>Bei positivem <code>n</code> vorderer bzw. hinterer Teil der Länge <code>n</code> eines Vektors. Voreinstellung für <code>n</code>: Jeweils sechs Elemente. (Weiterer Vorteil dieser Funktionen: Beide sind z. B. auch auf Matrizen und Data Frames anwendbar. Siehe die entsprechenden Abschnitte 2.8, Seite 38 und 2.10, Seite 49.)</td></tr>
<tr><td><pre>
> head(alter, n = -2)
Peter Paul Mary   Tic
   12   14   13   21
> tail(alter, n = -1)
Paul Mary Tic Tac Toe
  14   13   21   19   23
</pre></td><td>Bei einem negativen Wert für <code>n</code> liefert <code>head()</code> alle Elemente ohne die letzten |<code>n</code>| Stück und <code>tail()</code> alle Elemente ohne die ersten |<code>n</code>| Stück.</td></tr>
</table>

2.6.3 Indizierte Zuweisungen

Zuweisungsanweisungen dürfen auf der linken Seite von `<-` ebenfalls einen indizierten Vektor der Form `vektor[ indexvektor]` enthalten. Dabei wird die Zuweisung nur auf die indizierten Elemente dieses Vektors angewendet. Hat das Auswertungsresultat der rechten Seite nicht dieselbe Länge wie der Indexvektor, so wird bei „zu kurzer rechter Seite“ wieder zyklisch aufgefüllt und bei „zu langer rechter Seite“ die rechte Seite abgeschnitten sowie in den Fällen, wo dies nicht „aufgeht“, eine Warnung ausgegeben. Beispiele (mit `x` von Seite 24):

```
> x;    x[ 3] <- 188;   x
[1] 160 145 195 173 181
[1] 160 145 188 173 181
> x[ x > 180] <- c( -1, -2, -3)
Warning message:
number of items to replace is not a multiple of replacement length
> x
[1]  160  145   -1  173   -2
```

Natürlich funktioniert das bei jeder Art von Vektor:

```
> (Farben <- c( "rot", "gruen", "blau")[ c( 1,1,2,1,3,3,1,2,2)])
[1] "rot"   "rot"   "gruen" "rot"   "blau"  "blau"  "rot"  "gruen" "gruen"

> Farben[ Farben == "rot"] <- "rosa";    Farben
[1] "rosa"  "rosa"  "gruen" "rosa"  "blau"  "blau"  "rosa" "gruen" "gruen"
```

Beachte die Bedeutung leerer eckiger Klammern (`[]`): Sie dienen zur Indizierung *aller* Vektorelemente gleichzeitig, im Gegensatz zur Wirkung einer Zuweisung ganz ohne eckige Klammern, die ein Überschreiben des ganzen Objektes zur Folge hat:

```
> x[] <- 99;   x
[1] 99 99 99 99 99
> x <- 2;   x
[1] 2
```

Frage: Welche Wirkung hat `x[ x < 0] <- -x[ x < 0]` auf einen `numeric`-Vektor `x`?

2.7 Faktoren und geordnete Faktoren: Definition und Verwendung

In **R** ist es möglich, nominalskalierte und ordinalskalierte Daten zu charakterisieren. Nominale Daten sind Werte aus einer Menge von sogenannten "Levels" *ohne* Ordnungsrelation, wie sie beispielsweise bei einem Merkmal wie dem Geschlecht, der Blutgruppe, der Automarke oder dem Beruf auftreten. Solche Merkmale werden in **R** als „Faktoren" bezeichnet. Bei ordinalen Daten sind die Levels *mit* einer Ordnungsrelation versehen, wie z. B. bei den Merkmalen Note, Ausbildungsabschluss, soziale Schicht, Altersklasse etc. Diese Merkmale werden **R** „geordnete Faktoren" genannt. In beiden Fällen sind nur endliche Mengen von Levels zugelassen. Der Sinn dieses Konzepts in **R** liegt im Wesentlichen in der adäquaten Interpretation und Behandlung derartiger Variablen in statistischen Modellen und Funktionen.

Die k möglichen Levels eines (geordneten oder ungeordneten) Faktors werden in **R** durch die natürlichen Zahlen von 1 bis k codiert, sind aber mit Zeichenketten assoziierbar, sodass die Bedeutung der Levels (für den Menschen) besser erkennbar bleibt. Die Daten werden in **R** als `numeric`-Vektoren von Levelcodes gespeichert. Diese Vektoren besitzen zwei Attribute: Das Attribut `levels`, das die Menge der k Zeichenketten enthält, welche alle *zulässigen* Levels des Faktor beschreiben, und das Attribut `class`.

Im Fall eines (ungeordneten) Faktors hat das `class`-Attribut den Wert `"factor"` und macht dadurch kenntlich, dass es sich um einen Vektor mit Werten eines (ungeordneten) Faktors handelt. Das `class`-Attribut eines geordneten Faktors hingegen hat den Wert `c( "ordered", "factor")` und die *Reihenfolge* der Levels im `levels`-Attribut spiegelt die jeweilige Ordnungsrelation der Levels wider. Wir wollen solche Vektoren fortan kurz `factor`- bzw. `ordered`-Vektoren nennen. Beachte, dass der Modus eines `factor`- oder `ordered`-Vektors `numeric` ist!

Anhand von Beispieldaten sollen die Erzeugung und die Arbeit mit Vektoren der beiden Klassen (Faktor bzw. geordneter Faktor) erläutert werden. Angenommen, wir haben die folgenden Vektoren:

```
> alter
[1] 35 39 53 14 26 68 40 56 68 52 19 23 27 67 43
> geschlecht
[1] "m" "m" "w" "w" "m" "w" "w" "m" "m" "w" "m" "m" "w" "w" "w"
```

```
> blutgruppe
[1] "A" "B" "B" "0" "A" "AB" "0" "AB" "B" "AB" "A" "A" "AB" "0" "B"
> gewicht
[1] 82 78 57 43 65 66 55 58 91 72 82 83 56 51 61
> groesse
[1] 181 179 153 132 166 155 168 158 188 176 189 179 167 158 174
> rauchend
[1] "L" "G" "X" "S" "G" "G" "X" "L" "S" "X" "X" "L" "X" "X" "S"
```

Die Vektoren `alter`, `gewicht` und `groesse` enthalten metrische Daten und haben den Modus `numeric`. Die Daten in den `character`-Vektoren `geschlecht` und `blutgruppe` sind in unserer Interpretation von nominalem Typ, während hinter den Daten in `rauchend` eine Ordnung steckt, es sich also um ordinale Daten handelt („X" $\hat{=}$ NichtraucherIn, „G" $\hat{=}$ GelegenheitsraucherIn, „L" $\hat{=}$ LeichteR RaucherIn, „S" $\hat{=}$ StarkeR RaucherIn).

2.7.1 Erzeugung von Faktoren (`factor()`, `gl()`) und Levelabfrage (`levels()`)

Wir wollen die obigen nominalen Datenvektoren des Modus' `character` in solche der Klasse `factor` umwandeln und den ordinalen Datenvektor in einen der Klasse `ordered`. Das Alter der Personen (in `alter`) wollen wir in vier Intervalle gruppieren und diese Gruppierung dann in einem `ordered`-Vektor speichern:

`> (ge <- factor( geschlecht))`
`[1] m m w w m w w m m w m m w w w`
`Levels: m w`
`> (blut <- factor( blutgruppe))`
`[1] A  B  B  0  A  AB 0  AB ....`
`Levels: 0 A AB B`
	Erzeugung von (ungeordneten) Faktoren aus den `character`-Vektoren `geschlecht` und `blutgruppe`. Die Ausgabe von Faktoren erfolgt ohne Hochkommata, um zu zeigen, dass es keine `character`-Vektoren sind. Außerdem werden die Levels dokumentiert.

`> levels( ge)`
`[1] "m" "w"`
`> levels( blut)`
`[1] "0"  "A"  "AB" "B"`
	Die Menge der Levels ist per Voreinstellung automatisch alphanumerisch sortiert worden. Dies impliziert *per se* noch keine Ordnung, muss aber beachtet werden! (Siehe unten bei der Vergabe von Levelnamen durch das Argument `labels` und bei der Erzeugung geordneter Faktoren.)

`> blut2 <- factor( blutgruppe,`
`+ levels = c( "A", "B", "AB", "0"))`
`> levels( blut2)`
`[1] "A"  "B"  "AB" "0"`
	Es ist bei der Faktorerzeugung möglich, eine Levelordnung vorzugeben, indem das Argument `levels` verwendet wird. Für jeden Wert im Ausgangsvektor (hier `blutgruppe`), der *nicht* im `levels`-Argument auftaucht, würde `NA` vergeben.

`> (ge2 <- factor( geschlecht,`
`+ levels = c( "m", "w"),`
`+ labels = c( "Mann", "Frau")))`
`[1] Mann Mann Frau Frau Mann ....`
`Levels: Mann Frau`
	Das Argument `labels` erlaubt die freie Umbenennung der Faktorlevels gleichzeitig mit der Faktorerzeugung.

Bemerkung: Eine sehr nützliche, da effiziente Funktion zur Erzeugung von Faktorvektoren, in deren Elementen die Faktorlevels in gewissen Mustern aufeinanderfolgen, ist `gl()`. Für Details verweisen wir auf ihre Online-Hilfe und auf die Ausgabe von `example( gl)`.

2.7.2 Änderung der Levelsortierung (`relevel()` & (`reorder()`), Zusammenfassung von Levels (`levels()`), Löschen unnötiger Levels (`droplevels()`)

Code	Erläuterung

`> (blut <- factor( blut, levels =`
`+ c( "A", "B", "AB", "0"))`
`[1] A  B  B  0  A  AB 0  AB ....`
`Levels: A B AB 0`
	Die Levelsortierung kann geändert werden, indem der Faktor quasi neu erzeugt wird und dabei dem `levels`-Argument die Levels in der gewünschten Reihenfolge übergeben werden.

`> relevel( blut, ref = "0")`
`[1] A  B  B  0  A  AB 0  AB ....`
`Levels: 0 A B AB`
	Soll nur eines der Levels zum „ersten“ gemacht und die anderen „nach hinten verschoben“ werden, reicht es, `relevel()` das neue „Referenzlevels“ über sein Argument `ref` anzugeben.

`> reorder( ....)`	Sind Faktorlevels in Abhängigkeit von Werten einer anderen (i. d. R. `numeric`-)Variablen zu sortieren, kann `reorder()` die Lösung sein; siehe Online-Hilfe.

`> levels( blut2) <- c( "non0",`
`+ "non0", "non0", "0")`
`> blut2`
`[1] non0 non0 non0    0 ....`
`Levels: non0 0`
	Levels werden zusammengefasst (und auch umbenannt) durch Zuweisung eines entsprechenden `character`-Vektors passender Länge an das `levels`-Attribut. Die Zuordnung der alten Levels zu den neuen geschieht über ihre Elementepositionen.

`> blut[ 1:5]  # = head( blut, 5)`
`[1] A B B 0 A`
`Levels: A B AB 0`
	Die Levels eines Faktors sind gegenüber (jeglicher Form von) Indizierung invariant, d. h., nicht mehr im Faktorvektor auftretende Levels werden nicht gelöscht, …

`> droplevels( blut[ 1:5])`
`[1] A B B 0 A`
`Levels: A B 0`
`> blut[ 1:5, drop = TRUE]`
`[1] A B B 0 A`
`Levels: A B 0`
	sondern müssen, sofern dies gewünscht oder nötig ist, entweder explizit mit `droplevels()` oder durch Verwendung der Indizierungsoption `drop = TRUE` entfernt werden.

2.7.3 Erzeugung von geordneten Faktoren: `ordered()`, `gl()`

Code	Erläuterung

`> (rauch <- ordered( rauchend))`
`[1] L G X S G G X L S X X L X X S`
`Levels: G < L < S < X`
	Erzeugung eines geordneten Faktors aus dem `character`-Vektor `rauchend`. Dabei wird für die Levelordnung die alphabetische Levelsortierung verwendet.

`> (rauch <- ordered( rauchend,`
`+ levels = c( "X", "G", "L", "S")))`
`[1] L G X S G G X L S X X L X X S`
`Levels: X < G < L < S`
	Die Vorgabe einer Levelordnung bei Erzeugung des geordneten Faktors geschieht durch das Argument `levels`. Dabei bestimmt die Levelreihenfolge die Ordnung. Jeder Wert im Ausgangsvektor, der nicht im `levels`-Argument auftaucht, liefert `NA`.

`> (rauch2 <- ordered( rauchend,`
`+ levels = c( "X", "G", "L", "S"),`
`+ labels = c( "NR", "gel.", "leicht",`
`+ "stark")))`
`[1] leicht gel.   NR  stark ....`
`Levels: NR < gel. < leicht < stark`
	Die direkte Erzeugung eines geordneten Faktors mit vorgegebener Levelordnung *und* freier Namensgebung für die Levels ist durch die kombinierte Verwendung der Argumente `levels` und `labels` möglich.

```
> ordered( blut)
[1] B   O   O   A   B   AB A   AB O ....
Levels: A < B < AB < O
```

Die Anwendung von `ordered()` auf einen (ungeordneten) `factor`-Vektor liefert einen geordneten Faktor, dessen Levelordnung und -bezeichnungen vom `factor`-Vektor übernommen werden. (Hier ein unsinniges Beispiel.)

Bemerkung: Die in §2.7.1 bereits erwähnte Funktion `gl()` besitzt ein logisches Argument namens `ordered`, das die einfache Generierung geordneter Faktorvektoren mit Levelmustern erlaubt (siehe ihre Online-Hilfe).

2.7.4 Änderung der Levelordnung, Zusammenfassung von Levels, Löschen unnötiger Levels bei geordneten Faktoren

```
> (rauch <- ordered( rauch,
+ levels = c( "S", "L", "G", "X")))
[1] L G X S G G X L S X X L X X S
Levels: S < L < G < X
```

Die Levelordnung kann geändert werden, indem der geordnete Faktor mit der gewünschten Levels-Reihenfolge mittels `ordered()` erneut erzeugt wird. (Beachte: `relevel()` funktioniert bei einem geordneten Faktor nicht!)

```
> levels( rauch2) <- c( "NR", "R",
+ "R", "R");    rauch2
[1] R   R   NR R   R   R   NR R   R ....
Levels: NR < R
```

Das Zusammenfassen (und Umbenennen) von Levels geschieht wie bei ungeordneten Faktoren (siehe §2.7.2). Hierbei bleibt die Eigenschaft, ein geordneter Faktor zu sein, erhalten!

```
> tail( rauch, 7)
[1] S X X L X X S
Levels: X < G < L < S
> droplevels( tail( rauch, 7))
[1] S X X L X X S
Levels: X < L < S
```

Für das Entfernen von nicht mehr im Faktorvektor auftretenden Levels gilt dasselbe wie bei ungeordneten Faktoren (siehe §2.7.2), wobei die Eigenschaft, ein geordneter Faktor zu sein, erhalten bleibt.

Als beispielhafte Bestätigung dessen, was am Anfang von Abschnitt 2.7 gesagt wurde:

```
> mode( blut); class( blut);
+ attributes( blut)
[1] "numeric"
[1] "factor"

$levels
[1] "A"  "B"  "AB" "O"
$class
[1] "factor"
```

```
> mode( rauch); class( rauch);
+ attributes( rauch)
[1] "numeric"
[1] "ordered" "factor"

$levels
[1] "S" "L" "G" "X"
$class
[1] "ordered" "factor"
```

2.7.5 Klassierung numerischer Werte und Erzeugung geordneter Faktoren: `cut()`

```
> (AKlasse <- cut( alter, breaks
+ = c( 0, 25, 45, 60, Inf)))
 [1] (25,45]  (25,45]  (45,60]
 [4] (0,25]   (25,45]  (60,Inf]
 [7] (25,45]  (45,60]  (60,Inf]
[10] (45,60]  (0,25]   (0,25]
[13] (25,45]  (60,Inf] (25,45]
Levels:
 (0,25] (25,45] (45,60] (60,Inf]
```

Aus dem `numeric`-Vektor `alter` wird durch die Funktion `cut()` ein `factor`-Vektor (hier `AKlasse`) erzeugt, indem sie gemäß der im Argument `breaks` angegebenen Intervallgrenzen (per Voreinstellung) links offene und rechts abgeschlossene Klassen $(b_i, b_{i+1}]$ bildet und daraus (per Voreinstellung) entsprechende Faktorlevels konstruiert (`Inf` $= +\infty$). Jedes Element des Ausgangsvektors wird im Faktor durch das Intervall/Level codiert, in das es fällt. (Levels können durch das Argument `labels` beliebig benannt werden.)

Code	Erläuterung

`> (AKlasse <- ordered( AKlasse))`
`[1] (25,45] (25,45] (45,60] ....`
`Levels:`
` (0,25] < (25,45](45,60] < (60,Inf]`
	Die Anwendung von `ordered()` auf den resultierten `factor`-Vektor liefert den geordneten Faktor, dessen Levelordnung und -bezeichnungen aus dem `factor`-Vektor übernommen werden.

2.7.6 Tabellierung von Faktoren und Faktorkombinationen: `table()`

```
> table( AKlasse)
AKlasse
 (0,25]  (25,45]  (45,60] (60,Inf]
      3        6        3        3
```

`table()` erstellt ein `table`-Objekt mit der Tabelle der absoluten Häufigkeiten jedes Levels in `AKlasse`.

```
> table( ge, AKlasse)
   AKlasse
ge  (0,25] (25,45] (45,60] (60,Inf]
  m      2       3       1        1
  w      1       3       2        2
```

Für zwei Argumente wird die Kontingenztafel aller Levelkombinationen erstellt.

```
> table( AKlasse, ge, rauch)
,,rauch = S   ,,rauch = L   ,,rauch = G   ,,rauch = X
         ge            ge            ge            ge
AKlasse  m w  AKlasse  m w  AKlasse  m w  AKlasse  m w
(0,25]   0 1  (0,25]   1 0  (0,25]   0 0  (0,25]   1 0
(25,45]  0 1  (25,45]  1 0  (25,45]  2 0  (25,45]  0 2
(45,60]  0 0  (45,60]  1 0  (45,60]  0 0  (45,60]  0 2
(60,Inf] 1 0  (60,Inf] 0 0  (60,Inf] 0 1  (60,Inf] 0 1
```

Für mehr als zwei Argumente besteht die Tabellierung aller Levelkombinationen aus mehreren Kontingenztafeln und ist etwas unübersichtlicher.

Hinweise:

- Siehe auch die Online-Hilfe zu `prop.table()` und `addmargins()`, mit deren Hilfe eine bestehende Tabelle absoluter Häufigkeiten in eine solche mit relativen Häufigkeiten überführt werden kann bzw. um nützliche Marginalien (= „Ränder“) ergänzt werden kann.
- Beachte, dass `NA`s und `NaN`s – per Voreinstellung – durch `table( x)` *nicht* mittabelliert werden! Dazu müssen `NA` und `NaN` im zu tabellierenden Faktor `x` durch etwas wie `table( factor( x, exclude = NULL))` explizit zu einem Level gemacht oder `table( x, useNA = "ifany")` oder `table( x, useNA = "always")` verwendet werden (siehe die Online-Hilfe). `summary( x)` kann auch verwendet werden, liefert aber – per Voreinstellung – möglicherweise nicht die gesamte Tabelle.

2.7.7 Aufteilung gemäß Faktor(en)gruppen und faktor(en)gruppierte Funktionsanwendungen: `split()`, `tapply()` & `ave()`

```
> split( gewicht, AKlasse)
$`(0,25]`
[1] 43 82 83

$`(25,45]`
[1] 82 78 65 55 56 61

$`(45,60]`
[1] 57 58 72

$`(60,Inf]`
[1] 66 91 51
```

Ist `g` ein Faktorvektor derselben Länge des Vektors `x`, so teilt `split( x, g)` die Elemente von `x` in Gruppen ein, die durch wertgleiche Elemente in `g` definiert sind. Rückgabewert von `split()` ist eine Liste (siehe hierzu Abschnitt 2.9, Seite 46) von Vektoren der gruppierten `x`-Elemente. Die Komponenten der Liste sind benannt durch die Levels des gruppierenden Faktors. Hier geschieht eine Gruppierung der `gewicht`-Elemente gemäß der durch `AKlasse` indizierten Altersgruppen.

Code	Erläuterung

`> split( gewicht, list( ge, AKlasse))`
`` $`m.(0,25]` ``
`[1] 82 83`
`` $`w.(0,25]` ``
`[1] 43`
`` $`m.(25,45]` ``
`[1] 82 78 65`
`` $`w.(25,45]` ``
`[1] 55 56 61`
`` $`m.(45,60]` ``
`[1] 58`
`` $`w.(45,60]` ``
`[1] 57 72`
`` $`m.(60,Inf]` ``
`[1] 91`
`` $`w.(60,Inf]` ``
`[1] 66 51`
	Ist g eine Liste von Faktorvektoren (alle derselben Länge von x), werden die Elemente von x in Gruppen eingeteilt, die durch die Levelkombinationen der Faktoren, die in g zusammengefasst sind, definiert werden. Rückgabewert ist eine Liste von Vektoren der gruppierten x-Elemente, deren Komponenten durch die aufgetretenen Levelkombinationen der gruppierenden Faktoren (getrennt durch einen Punkt „.") benannt sind.

Die Funktion `tapply()` ist eine Erweiterung von `split()`, indem sie die Anwendung einer im Prinzip frei wählbaren Funktion auf die gruppierten Elemente ermöglicht: Falls `g` ein Faktor derselben Länge des Vektors `x` ist, wendet `tapply( x, g, FUN)` die Funktion `FUN` auf Gruppen der Elemente von `x` an, wobei diese Gruppen durch gleiche Elemente von `g` definiert sind.

Ist `g` eine Liste (vgl. Abschnitt 2.9, Seite 46) von Faktoren (alle derselben Länge von `x`), wird `FUN` auf Gruppen der Elemente von `x` angewendet, die durch die Levelkombinationen der Faktoren, die in `g` genannt sind, definiert werden:

Code	Erläuterung

`> tapply( gewicht, AKlasse, mean)`
`   (0,25]  (25,45]  (45,60] (60,Inf]`
` 69.33333 66.16667 62.33333 69.33333`
`> tapply( gewicht, AKlasse, sd)`
`   (0,25]  (25,45]  (45,60] (60,Inf]`
` 22.81082 11.37395 8.386497 20.20726`
	Faktorgruppierte Anwendung der Funktion `mean()` zur Bestimmung der mittleren Gewichte für jede durch `AKlasse` indizierte Altersgruppe. Dito mittels `sd()` zur Berechnung der empirischen Standardabweichungen.

`> tapply( gewicht, list( ge, AKlasse),`
`+ mean)`
`  (0,25]  (25,45] (45,60] (60,Inf]`
`m   82.5 75.00000    58.0     91.0`
`w   43.0 57.33333    64.5     58.5`
	Faktorengruppierte Anwendung von `mean()` auf die durch jede Levelkombination von `ge` mit `AKlasse` indizierten Einträge in `gewicht`. (`list()` wird in Abschnitt 2.9, Seite 46 erläutert.)

Ein Funktionsaufruf der Art `ave( x, g1, ...., gk)` für einen `numeric`-Vektor `x` und Faktor-Vektoren `g1` bis `gk` macht etwas ähnliches wie `tapply()`, ist aber per Voreinstellung auf die Berechnung von Mittelwerten für Gruppen von `x`-Elementen eingestellt, wobei diese Gruppen durch gleiche Kombinationen von Elementen von `g1` bis `gk` definiert sind. Außerdem ist das Ergebnis von `ave( x, g1, ...., gk)` ein Vektor derselben Länge wie `x`, dessen Elemente, die zur selben Gruppe gehören, alle auch denselben Wert, nämlich den betreffenden Gruppenmittelwert haben. Beispiele:

```
> ave( gewicht, AKlasse)
 [1] 66.16667 66.16667 62.33333 69.33333 66.16667 69.33333 66.16667 62.33333
 [9] 69.33333 62.33333 69.33333 69.33333 66.16667 69.33333 66.16667

> ave( gewicht, ge, AKlasse)
 [1] 75.00000 75.00000 64.50000 43.00000 75.00000 58.50000 57.33333 58.00000
 [9] 91.00000 64.50000 82.50000 82.50000 57.33333 58.50000 57.33333
```

2.8 Matrizen: Erzeugung, Indizierung, Modifikation und Operationen

In **R** stehen mehrdimensional indizierte Felder (Englisch: "arrays") zur Verfügung, für die wir den Terminus „Array" übernehmen. Dies sind Vektoren mit einem Attribut `dim` (und evtl. zusätzlich mit einem Attribut `dimnames`); sie bilden die Klasse `array`. Ein Spezialfall hierin sind wiederum die *zwei*dimensionalen Arrays, genannt Matrizen; diese haben die Klasse `matrix`. Sowohl Arrays als auch Matrizen sind intern als Vektoren gespeichert und unterscheiden sich von „echten" Vektoren nur durch die zwei schon genannten Attribute `dim` und `dimnames`.

2.8.1 Grundlegendes zu Arrays

Arrays werden mit der Funktion `array()` erzeugt. Sie benötigt als Argumente einen Datenvektor, dessen Elemente in das Array eingetragen werden sollen, sowie einen Dimensionsvektor, der das `dim`-Attribut wird und dessen Länge k die Dimension des Arrays bestimmt. Die Elemente des Dimensionsvektors sind positive `integer`-Werte und die Obergrenzen eines jeden der k Indizes, mit denen die Elemente des Arrays indiziert werden. Es sei zum Beispiel `z` ein Vektor mit 1500 Elementen. Dann erzeugt die Anweisung

```
> a <- array( z, c( 3, 5, 100))
```

ein offenbar dreidimensionales $(3 \times 5 \times 100)$-Array, dessen Elemente die Elemente von `z` (in einer gewissen Reihenfolge) sind und dessen Element a_{ijk} mit `a[i, j, k]` indiziert wird. Dabei muss $i \in \{1, 2, 3\}, j \in \{1, 2, 3, 4, 5\}$ und $k \in \{1, \ldots, 100\}$ sein.

Die Elemente des Datenvektors `z` werden in das Array `a` eingetragen, indem sukzessive die Elemente `a[i, j, k]` gefüllt werden, wobei der erste Index (`i`) seinen Wertebereich am schnellsten und der letzte Index (`k`) seinen Wertebereich am langsamsten durchläuft. D. h., für das dreidimensionale Array `a` sind die Elemente `z[1], ..., z[1500]` von `z` sukzessive in die Elemente `a[1,1,1]`, `a[2,1,1]`, `a[3,1,1]`, `a[1,2,1]`, `a[2,2,1]`, ..., `a[2,5,100]` und `a[3,5,100]` „eingelaufen".

Unsere häufigsten Anwendungen werden jedoch nicht mehrdimensionale Arrays benötigen, sondern Matrizen, auf die wir uns i. F. konzentrieren werden. Nichtsdestotrotz sind Arrays kennenswerte, da sehr leistungsfähige Datenstrukturen; `?array` führt zu weiteren Informationen.

2.8.2 Erzeugung von Matrizen: `matrix()`

Eine Matrix wird mit der Funktion `matrix()` erzeugt. (Dies ist auch als zweidimensionales Array mit `array()` möglich, aber `matrix()` ist „maßgeschneidert" für Matrizen.) Sie erwartet als erstes Argument einen Datenvektor, dessen Elemente *spaltenweise* in die Matrix eingetragen werden, und in mindestens einem weiteren Argument eine Angabe, wie viele Zeilen (bzw. Spalten) die Matrix haben soll. Folgende Beispiele sollen die Funktionsweise von `matrix()` erläutern:

```
> z <- c( 130, 26, 110, 24, 118, 25, 112, 25)
> (Werte <- matrix( z, nrow = 4))
     [,1] [,2]
[1,]  130  118
[2,]   26   25
[3,]  110  112
[4,]   24   25
```

Hier wird aus dem Datenvektor `z` eine Matrix mit `nrow = 4` Zeilen (Englisch: "rows") erzeugt. Die Spaltenzahl wird automatisch aus der Länge des Datenvektors ermittelt. Der Datenvektor füllt die Matrix dabei spaltenweise auf. (Dies ist die Voreinstellung.)

Ist die Länge des Datenvektors kein ganzzahliges Vielfaches der für `nrow` angegebenen Zeilenzahl, werden (höchstens) so viele Spalten angelegt, bis der Datenvektor in der Matrix vollständig enthalten ist. Die dann noch leeren Elemente der Matrix werden durch zyklische Wiederholung

der Datenvektorelemente aufgefüllt (und es wird dann eine Warnung ausgegeben). In folgendem Beispiel wird der achtelementige Datenvektor `z` in eine dreizeilige Matrix eingetragen, was durch eine Warnung quittiert wird:

```
> matrix( z, nrow = 3)
     [,1] [,2] [,3]
[1,]  130   24  112
[2,]   26  118   25
[3,]  110   25  130
Warning message:
data length [8] is not a sub-multiple or multiple of the number of rows
[3] in matrix
```

Die hier und in den nächsten Abschnitten folgenden Tabellen enthalten Anweisungen und Operationen, die zur Erzeugung, Spalten- und Zeilenbenennung, Indizierung, Erweiterung von und Rechnung mit Matrizen zur Verfügung stehen.

`> Werte <- matrix( z, nrow = 4)`	(Siehe obiges Beispiel.)

`> matrix( z, ncol = 4)`
`     [,1] [,2] [,3] [,4]`
`[1,]  130  110  118  112`
`[2,]   26   24   25   25`
	Der Datenvektor `z` wird in eine Matrix mit `ncol = 4` Spalten ("columns") geschrieben. Die Zeilenzahl wird automatisch aus der Länge von `z` ermittelt.

`> matrix( z, nrow = 4, ncol = 5)`
` ....`
`> (Werte <- matrix( z, ncol = 2,`
`+ byrow = TRUE))`
`     [,1] [,2]`
`[1,]  130   26`
`[2,]  110   24`
`[3,]  118   25`
`[4,]  112   25`
	`ncol` und `nrow` können gleichzeitig angegeben werden; `z` wird dann zyklisch verwendet, wenn zu kurz, und abgeschnitten, wenn zu lang. Mit dem Argument `byrow = TRUE` wird der Datenvektor *zeilenweise* in die Matrix eingelesen. Voreinstellung ist `byrow = FALSE`, also spaltenweises Einlesen. (Ohne jegliche Angabe von `ncol` und `nrow` wird eine einspaltige Matrix erzeugt; ohne Angabe eines Datenvektors eine Matrix mit `NA`-Einträgen.)

2.8.3 Be- & „Entnennung" von Spalten und Zeilen: `dimnames()`, `colnames()`, `rownames()`, `unname()`

`> dimnames( Werte) <- list( c( "Alice",`
`+ "Bob", "Carol", "Deborah"),`
`+ c( "Gewicht", "Alter"));     Werte`
`        Gewicht Alter`
`  Alice     130    26`
`    Bob     110    24`
`  Carol     118    25`
`Deborah     112    25`
	Mit der Funktion `dimnames()` werden den Zeilen einer Matrix die Namen zugewiesen, die sich im ersten `character`-Vektor der Liste (dazu mehr in Abschnitt 2.9, Seite 46) auf der rechten Seite befinden. Die Spalten bekommen die Namen, die im zweiten Vektor sind.

`> Werte <- matrix( z, ncol = 2, byrow = TRUE,`
`+ dimnames = list( c( "Alice", "Bob",`
`+ "Carol", "Deborah"), c( "Gewicht",`
`+ "Alter")))`
	Eine Zeilen- und Spaltenbenennung kann auch schon bei der Erstellung der Matrix über das Argument `dimnames` erfolgen.

`> dimnames( Werte)`
`[[1]]`
`[1] "Alice"   "Bob"   "Carol"   "Deborah"`
 	
`[[2]]`
`[1] "Gewicht" "Alter"`
	Der Zugriff auf die Dimensionsnamen durch `dimnames()` liefert eine Liste, deren zwei Komponenten die Vektoren der Zeilen- bzw. Spaltennamen enthalten, falls vorhanden; ansonsten jeweils das NULL-Objekt.

```
> dimnames( Werte) <- list( NULL,
+ c( "Gewicht", "Alter"));   Werte
     Gewicht Alter
[1,]     130    26
[2,]     110    24
[3,]     118    25
[4,]     112    25
```

Die Zuweisung des NULL-Objekts an Stelle eines Zeilennamenvektors führt zur Löschung vorhandener Zeilennamen. An der Stelle des zweiten Vektors würde es zur Löschung der Spaltennamen führen.

```
> colnames( Werte)
....
> rownames( Werte) <- c( "A", "B",
+ "C", "D")
```

Zugriff auf oder Zuweisung an Spalten- bzw. Zeilennamen allein ist hiermit kompakter möglich.

```
> unname( Werte)
     [,1] [,2]
[1,]  130   26
[2,]  110   24
[3,]  118   25
[4,]  112   25
```

Spalten- und Zeilennamen einer Matrix können mit `unnname()` entfernt werden (z. B. wenn sie störend zu lang sind). Hier geschieht dies nur „temporär" für die Ausgabe; damit sie permanent entfernt würden, wäre das Ergebnis von `unname( Werte)` natürlich an `Werte` zuzuweisen.

Beachte: Bei der Verwendung von Dimensionsnamen für Matrizen entsteht ein erhöhter Speicherplatzbedarf, der bei großen Matrizen erheblich sein kann und insbesondere bei aufwändigeren Berechnungen (vor allem in Simulationen) die Geschwindigkeit von `R` negativ beeinflusst. Daher kann es sinnvoll sein, solche Dimensionsnamen vorher zu entfernen. (Siehe hierzu auch die Bemerkung zum Speicherplatzbedarf von Elementenamen bei Vektoren in §2.5.2.)

2.8.4 Erweiterung um Spalten oder Zeilen: `cbind()`, `rbind()`

```
> groesse <- c( 140, 155, 142, 175)
> (Werte <- cbind( Werte, groesse))
  Gewicht Alter groesse
A     130    26     140
B     110    24     155
C     118    25     142
D     112    25     175
```

Eine bestehende Matrix lässt sich um zusätzliche Spalten und Zeilen erweitern, indem an sie ein passender Vektor „angebunden" wird. `cbind()` erledigt dies spaltenweise, `rbind()` zeilenweise. Die Länge des Vektors muss – je nach Art des „Anbindens" – mit der Zeilen- bzw. Spaltenzahl der Matrix übereinstimmen.

```
> (Werte <- rbind( Werte,
+ E = c( 128, 26, 170)))
  Gewicht Alter groesse
A     130    26     140
B     110    24     155
C     118    25     142
D     112    25     175
E     128    26     170
```

Ist der anzubindende Vektor in einem Objekt gespeichert, so wird dessen Name als Spalten- bzw. Zeilenname übernommen. Ansonsten kann durch *name = wert* ein Spalten- bzw. Zeilenname angegeben werden.
Matrizen mit gleicher Zeilenzahl werden durch `cbind()` spaltenweise aneinandergehängt, solche mit gleicher Spaltenzahl mit `rbind()` zeilenweise.

2.8.5 Matrixdimensionen und Indizierung von Elementen: `dim()`, `[]`, `head()` & `tail()`

```
> dim( Werte)
[1] 5 3
> nrow( Werte); ncol( Werte)
[1] 5
[1] 3
```

`dim()` liefert die Zeilen- und Spaltenzahl zusammen als zweielementigen Vektor.
`nrow()` bzw. `ncol()` liefern sie einzeln. (`Werte` stammt aus §2.8.4.)

Die Indizierung von Matrizen funktioniert analog zu der von Vektoren (vgl. §2.6.1):

```
> Werte[ 3,2]
[1] 25
```

Matrixelemente werden durch Doppelindizes indiziert: `[i,j]` liefert das Element in der i-ten Zeile und j-ten Spalte. Ein Spalten- oder Zeilenname wird nicht mitgeliefert.

```
> Werte[ 2,]
Gewicht Alter groesse
    110    24     155
> Werte[ ,1]
  A   B   C   D   E
130 110 118 112 128
```

Spalten (bzw. Zeilen) werden als Ganzes ausgelesen, wenn der jeweils andere Index unspezifiziert bleibt. Ein Komma muss verwendet werden, um die gewünschte Dimension zu spezifizieren. Das Resultat ist (per Voreinstellung) stets ein Vektor und Namen werden übernommen.

```
> Werte[ c( 1,2), 2]
 A  B
26 24
> Werte[, c( 1,3)]
  Gewicht groesse
A     130     140
B     110     155
C     118     142
D     112     175
E     128     170
```

Durch Angabe eines Index*vektors* für den Spalten- bzw. Zeilenindex erhält man die angegebenen Spalten bzw. Zeilen.
Das Resultat ist ein Vektor, wenn einer der Indizes eine einzelne Zahl ist; es ist eine Matrix, wenn beide Angaben Indexvektoren sind. Namen werden übernommen.

```
> Werte[ -2, -3]
  Gewicht Alter
A     130    26
C     118    25
D     112    25
E     128    26
```

Negative Integer-Indizes wirken hier genauso wie bei Vektoren, nämlich ausschließend.

```
> Werte[ c( F,F,T,F,F),]
Gewicht  Alter groesse
    118     25     142
> Werte[ c( T,T,F,F,F), c( T,F,T)]
  Gewicht groesse
A     130     140
B     110     155
```

Die Auswahl von Elementen und ganzen Spalten sowie Zeilen kann auch durch logische Indexvektoren geschehen. Sie wirken analog wie bei Vektoren.

```
> Werte[ c( F,T), c(T,F,T)]
  Gewicht groesse
B     110     155
D     112     175
```

Sind logische Indexvektoren nicht lang genug, werden sie zyklisch repliziert.

```
> Werte[ 1, "Gewicht"]
 Gewicht
     130
> Werte[, c( "Gewicht", "Alter")]
  Gewicht Alter
A     130    26
B     110    24
C     118    25
D     112    25
E     128    26
```

Die Auswahl von Elementen und ganzen Spalten sowie Zeilen kann, wenn eine Benennung vorliegt, auch mit den Namen der Spalten und Zeilen geschehen.

<table>
<tr><td><pre>
> Werte[Werte[, "groesse"] > 160,
+ "Gewicht"]
  D   E
112 128
</pre></td><td>Verschiedene Indizierungsmethoden sind kombinierbar.</td></tr>
<tr><td><pre>
> head(Werte, n = 2)
  Gewicht Alter groesse
A   130   26   140
B   110   24   155

> tail(Werte, n = 2)
  Gewicht Alter groesse
D   112   25   175
E   128   26   170
</pre></td><td>Analog zur Anwendung auf Vektoren (vgl. §2.6.2) liefern <code>head()</code> und <code>tail()</code> die oberen bzw. unteren <code>n</code> Zeilen einer Matrix. Voreinstellung für <code>n</code> ist 6.
Negative Werte für <code>n</code> liefern den “head” bis auf die letzten bzw. den “tail” bis auf die ersten |<code>n</code>| Zeilen der Matrix.</td></tr>
</table>

2.8.6 Einige spezielle Matrizen: `diag()`, `col()` & `row()`, `lower.tri()` & `upper.tri()`

<table>
<tr><td><pre>
> (y <- diag(1:3))
     [,1] [,2] [,3]
[1,]   1   0   0
[2,]   0   2   0
[3,]   0   0   3

> diag(y)
[1] 1 2 3
</pre></td><td>Erhält <code>diag()</code> einen Vektor als Argument, wird eine Diagonalmatrix mit den Elementen dieses Vektors auf der Hauptdiagonalen erzeugt.

Ist <code>diag()</code>s Argument eine Matrix, wird ihre Hauptdiagonale als Vektor extrahiert. Die Zuweisungsform <code>diag(y) <- 4:6</code> ersetzt die Hauptdiagonale von <code>y</code> durch den zugewiesenen Vektor.</td></tr>
<tr><td><pre>
> col(y)
     [,1] [,2] [,3]
[1,]   1   2   3
[2,]   1   2   3
[3,]   1   2   3
> row(y)
     [,1] [,2] [,3]
[1,]   1   1   1
[2,]   2   2   2
[3,]   3   3   3
</pre></td><td><code>col()</code> erwartet eine Matrix als Argument und generiert dazu eine gleich große Matrix, deren Einträge die Spaltenindizes ihrer Elemente sind. <code>row()</code> macht entsprechendes mit Zeilenindizes.</td></tr>
<tr><td><pre>
> lower.tri(y)
      [,1] [,2] [,3]
[1,] FALSE FALSE FALSE
[2,] TRUE FALSE FALSE
[3,] TRUE TRUE FALSE

> upper.tri(y, diag = TRUE)
      [,1] [,2] [,3]
[1,] TRUE TRUE TRUE
[2,] FALSE TRUE TRUE
[3,] FALSE FALSE TRUE
</pre></td><td>Ein schönes „Anwendungsbeispiel“ für die beiden obigen Funktionen sind die Implementationen von <code>lower.tri()</code> und <code>upper.tri()</code> zur Erzeugung von logischen unteren oder oberen Dreiecksmatizen (je nach Wahl des Argumentes <code>diag</code> mit oder ohne der Diagonalen):<pre>
> lower.tri
function(x, diag = FALSE) {
  x <- as.matrix(x)
  if(diag)
     row(x) >= col(x)
  else row(x) > col(x)
  }
</pre></td></tr>
</table>

2.8.7 Ein paar wichtige Operationen der Matrixalgebra

In der folgenden Auflistung sei mindestens eines der Objekte `A` und `B` eine `numeric`-Matrix und wenn beide Matrizen sind, dann mit Dimensionen, die zu den jeweils betrachteten Operationen „passen". D. h., `A` oder `B` können in manchen Situationen auch Vektoren oder Skalare sein, die dann von **R** in der Regel automatisch entweder als für die betrachtete Operation geeignete Zeilen- oder Spaltenvektoren interpretiert werden oder (z. B. im Fall von Skalaren) hinreichend oft repliziert werden, damit die Anzahlen der Elemente der an der Operation beteiligten Objekte zueinander passen:

`A + B`, `A - B`, `A * B`, `A / B`, `A^B`, `A %/% B`, `A %% B`	Die elementaren arithmetischen Operationen arbeiten – wie bei Vektoren (siehe §2.3.1) – *elementweise*, falls die Dimensionen von `A` und `B` „zueinanderpassen". Sind die Dimensionen von `A` und `B` verschieden, werden die Elemente von `B` zyklisch repliziert, falls es möglich und sinnvoll ist (indem die Matrizen als aus ihren Spalten zusammengesetzte Vektoren aufgefasst werden). Beachte, dass der Hinweis auf Seite 21 zur Effizienz beim Potenzieren mit natürlichen Exponenten hier ganz besonders nützlich sein kann, da `A^n` alle Elemente von `A` potenziert.
`t( A)`	A', also die Transponierte der Matrix `A`.
`A %*% B`	Matrixprodukt der Matrizen `A` und `B`.
`crossprod( A, B)`	Kreuzprodukt von `A` mit `B`, d. h. $A'B$, aber i. d. R. etwas schneller als `t( A) %*% B`. Dabei ist `crossprod( A)` dasselbe wie `crossprod( A, A)` und *deutlich* effizienter als die Kombination von `t()` und `%*%`.

`outer( A, B)`
Operatorform:
`A %o% B`
(Dabei ist `o` *das kleine „O" und nicht die Null!)*
	Äußeres Produkt von `A` mit `B`, d. h., jedes Element von `A` wird mit jedem Element von `B` multipliziert, was $(a_{ij}B)_{ij}$ liefert. Für Spaltenvektoren ist es dasselbe wie `A %*% t( B)` und ergibt dann auch eine Matrix.
	Für die Verknüpfung der Elemente kann durch das hier nicht gezeigte Argument `FUN` jede binäre Operation angegeben werden; daher heißt `outer()` auch *generalisiertes* äußeres Produkt. Voreinstellung ist `FUN = "*"` (Multiplikation), was für die Operatorform `%o%` die feste Einstellung ist. (Für Beispiele mit anderen binären Operationen siehe Seite 45.)

`solve( A, B)`	Lösung des linearen Gleichungssystems `A %*% X = B`. Beachte: Die Berechnung von $AX^{-1}B$ durch `A %*% solve( X, B)` ist effizienter als durch `A %*% solve( X) %*% B`.
`solve( A)`	Dies liefert die zu `A` inverse Matrix A^{-1}, falls sie existiert.
`chol( A)`	Choleski-Zerlegung von `A`.
`eigen( A)`	Eigenwerte und Eigenvektoren von `A`, d. h. Skalare λ_i und Vektoren v_i mit der Eigenschaft $Av_i = \lambda_i v_i$.
`kappa( A)`	Eine Konditionszahl von `A`.
`qr( A)`	QR-Zerlegung von `A` und „nebenbei" Bestimmung des Rangs von `A`.
`svd( A)`	Singulärwertzerlegung von `A`.

Bemerkungen: Wichtige Informationen über weitere optionale Argumente, numerische Implementationen, gelegentliche „Verwandte" etc. der obigen Funktionen sind in ihrer Online-Hilfe zu finden.
Für speziell strukturierte Matrizen, wie z. B. Dreiecksmatrizen, symmetrische, dünn oder dicht besetzte, die typischerweise auch noch – sehr – groß sind, gibt es ein Paket namens `Matrix`, das **R**'s `matrix`-Konzept um Funktionen für den Zugriff auf sehr effiziente Algorithmen erweitert.

2.8.8 Effiziente Berechnung von Zeilen- bzw. Spaltensummen oder -mittelwerten (auch gruppiert): colSums() & Verwandte sowie rowsum()

`colSums( x)`
`rowSums( x)`
`colMeans( x)`
`rowMeans( x)`
	Spalten- bzw. zeilenweise Summen und arithmetische Mittel für ein `numeric`-Array `x` (also auch eine `numeric`-Matrix). Falls `x` eine Matrix ist, entsprechen die Funktionen (in dieser Reihenfolge) `apply( x, 2, sum)`, `apply( x, 1, sum)`, `apply( x, 2, mean)` bzw. `apply( x, 1, mean)` von §2.8.10, allerdings sind die `apply`-Versionen *erheblich* langsamer. Allen diesen Funktionen steht das Argument `na.rm` zur Verfügung. (In der "base distribution" von **R** scheinen keine derartigen, optimierten Funktionen für die Varianz zu existieren.)

`rowsum( x, g)`	Die Zeilen der `numeric`-Matrix `x` werden für jedes Level des (Faktor-)Vektors `g` in Gruppen zusammengefasst. Dann wird für jede dieser Zeilengruppen die Summe einer jeden Spalte berechnet. Das Ergebnis ist eine Matrix, die so viele Zeilen hat wie verschiedene Werte in `g` sind und so viele Spalten wie `x` hat. (Beachte, dass offenbar zeilengruppierte *Spalten*summen gebildet werden, was mit dem Namen der Funktion etwas schwierig assoziierbar erscheint, insbesondere im Vergleich mit den obigen Funktionen für Zeilen- oder Spaltensummen.)

2.8.9 Spaltenweise Standardabweichungen sowie Kovarianz und Korrelation zwischen Spalten: sd() sowie cov() und cor()

```
> sd( Werte)
 Gewicht   Alter  groesse
 9.09945 0.83666 15.88395
```

`sd()` liefert für eine Matrix die empirischen Standardabweichungen ihrer Spalten. (Memo: `Werte` stammt aus §2.8.4.)

```
> cov( Werte)   # = var( Werte)
        Gewicht Alter groesse
Gewicht    82.8  7.10  -40.30
  Alter     7.1  0.70   -0.35
groesse   -40.3 -0.35  252.30

> cor( Werte)
          Gewicht Alter   groesse
Gewicht  1.0000  0.9326 -0.2788
  Alter  0.9326  1.0000 -0.0263
groesse -0.2788 -0.0263  1.0000
```

`cov()` und `var()` bzw. `cor()` liefern für eine Matrix die empirische Kovarianz- bzw. Korrelationsmatrix ihrer Spalten. Zur Behandlung von `NA`s steht beiden das Argument `use` zur Verfügung. Wird ihm der Wert `"complete.obs"` übergeben, werden die Zeilen, in denen ein `NA` auftritt, ganz eliminiert. Der Wert `"pairwise.complete.obs"` erzwingt die maximal mögliche Nutzung aller verfügbaren Elemente pro Variable (= Spalte). Details hierzu stehen in der Online-Hilfe. (Für weitere auf Matrizen anwendbare Funktionen siehe auch „Beachte" auf S. 23 oben.)

Zur Erinnerung: Die empirische Kovarianz zweier (Daten-)Vektoren $\mathbf{x}, \mathbf{y} \in \mathbb{R}^n$ mit $n \geq 2$ und $\mathbf{x} \equiv (x_1, \ldots, x_n)'$ ist $\hat{\sigma}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) := \frac{1}{n-1} \sum_{r=1}^n (x_r - \bar{x}_\cdot)(y_r - \bar{y}_\cdot)$, wobei $\bar{x}_\cdot \equiv \frac{1}{n} \sum_{r=1}^n x_r$ ist.
Zu $p \geq 2$ Vektoren $\mathbf{x}_1, \ldots, \mathbf{x}_p \in \mathbb{R}^n$, welche oft spaltenweise als Matrix $\mathbf{M} \equiv (\mathbf{x}_1 | \cdots | \mathbf{x}_p)$ zusammengefasst werden, ist ihre empirische Kovarianzmatrix gegeben durch die $(p \times p)$-Matrix $\widehat{\mathrm{Cov}}(\mathbf{M}) := (\hat{\sigma}(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j))_{1 \leq i,j, \leq p}$. Analog ist die empirische Korrelationsmatrix $\widehat{\mathrm{Cor}}(\mathbf{M})$ definiert.

2.8.10 Zeilen- und spaltenweise Anwendung von (nahezu) beliebigen Operationen: apply(), sweep() & scale()

Das Kommando `apply( matrix, dim, FUN)` wendet die Funktion `FUN` auf die in `dim` spezifizierte Dimension von `matrix` an. (Die Argumente von `apply()` haben eigentlich andere, aber weniger suggestive Namen.)

Die Funktion `scale()` erledigt für eine Matrix wahlweise entweder das spaltenweise Zentrieren (Subtraktion des Spaltenmittelwertes) oder das spaltenweise Standardisieren (Division durch die Spaltenstandardabweichung) oder beides.

```
> apply( Werte, 2, mean)
Gewicht Alter groesse
  119.6   25.2   156.4
> apply( Werte, 2, sort)
     Gewicht Alter groesse
[1,]     110    24     140
[2,]     112    25     142
[3,]     118    25     155
[4,]     128    26     170
[5,]     130    26     175
```

Im ersten Beispiel wird die Funktion `mean()` wegen dem Argument 2 auf die zweite Dimension, also die Spalten der Matrix `Werte` (stammt aus §2.8.4) angewendet, was die spaltenweisen Mittelwerte liefert. (Beachte aber §2.8.8!) (Die Zeilen sind die erste Dimension einer Matrix.)
Im zweiten Beispiel wird jede Spalte von `Werte` sortiert und ...

```
> t( apply( Werte, 1, sort))
  Alter Gewicht groesse
A    26     130     140
B    24     110     155
C    25     118     142
D    25     112     175
E    26     128     170
> apply( Werte, 2, mean,
+ na.rm = TRUE)
....
```

... im dritten (zugegebenermaßen ziemlich unsinnigen) Beispiel wegen des Argumentes `1` jede Zeile. Beachte die Verwendung von `t()`. Begründung: Das Resultat von `apply()` ist stets eine Matrix von *Spalten*vektoren. Daher muss das Ergebnis bedarfsweise transponiert werden.
Benötigt die anzuwendende Funktion `FUN` weitere Argumente, so können diese in benannter Form an `apply()` übergeben werden; sie werden sozusagen „durchgereicht". Beispiel: Das `na.rm`-Argument der Funktion `mean()`.

```
> sweep( Werte, 2, 1:3 * 10)
  Gewicht Alter groesse
A     120     6     110
B     100     4     125
C     108     5     112
D     102     5     145
E     118     6     140
```

Der Befehl `sweep( matrix, dim, vector, FUN = "-")` „kehrt" ("to sweep" = kehren) den Vektor `vector` elementweise entlang der Dimension `dim` aus der Matrix `matrix` entsprechend der Funktion `FUN` aus. Im Beispiel wird der Vektor $(10, 20, 30)'$ elementweise von jeder Spalte von `Werte` subtrahiert (= Voreinstellung). (Siehe auch obige Bemerkung zu `scale()`.)

2.8.11 Erzeugung spezieller Matrizen mit Hilfe von `outer()`

```
> outer( 1:3, 1:5)
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]    1    2    3    4    5
[2,]    2    4    6    8   10
[3,]    3    6    9   12   15
```

Das äußere Produkt liefert für zwei Vektoren die Matrix der Produkte aller möglichen paarweisen Kombinationen der Vektorelemente, d. h. das Produkt aus einem Spaltenvektor mit einem Zeilenvektor. (Hier ein Teil des kleinen „1×1".)

```
> outer( 1:3, 1:5, FUN = "+")
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]    2    3    4    5    6
[2,]    3    4    5    6    7
[3,]    4    5    6    7    8
> outer( 1:3, 1:5, paste, sep = ":")
      [,1]  [,2]  [,3]  [,4]  [,5]
[1,] "1:1" "1:2" "1:3" "1:4" "1:5"
[2,] "2:1" "2:2" "2:3" "2:4" "2:5"
[3,] "3:1" "3:2" "3:3" "3:4" "3:5"
```

Das generalisierte äußere Produkt erlaubt an Stelle der Multiplikation die Verwendung einer binären Operation oder einer Funktion, die mindestens zwei Vektoren als Argumente verwendet. Im zweiten Beispiel ist dies die Addition und im dritten die Funktion `paste()`, der außerdem noch das optionale Argument `sep = ":"` mit übergeben wird. (Die Ergebnisse sind „selbsterklärend".)

```
> x <- c( -1, 0, -2)
> y <- c( -1, 2, 3, -2, 0)
> 1 * (outer( x, y, FUN = "<="))
     [,1] [,2] [,3] [,4] [,5]
[1,]    1    1    1    0    1
[2,]    0    1    1    0    1
[3,]    1    1    1    1    1
```

Die Matrix der Indikatoren $1_{\{x_i \leq y_j\}}$ für alle $1 \leq i \leq 3$ und $1 \leq j \leq 5$ für die Beispielvektoren `x` und `y`.

2.9 Listen: Konstruktion, Indizierung und Verwendung

Die bisher kennengelernten Datenobjekte Vektor und Matrix (bzw. Array) enthalten jeweils (atomare) Elemente desselben Modus' (`numeric`, `logical` oder `character`). Es kann nötig und sinnvoll sein, auch (nicht-atomare) Elemente unterschiedlicher Modi in einem neuen Objekt – einer „Liste" – zusammenzufassen. Dies wird durch den rekursiven Vektormodus `list` ermöglicht, der durch die Funktion `list()` erzeugt wird. Insbesondere für Funktionen (eingebaut oder selbstdefiniert) sind Listen der bevorzugte Objekttyp, um komplexere Berechnungsergebnisse an die aufrufende Stelle zurückzugeben.

Die Länge einer Liste ist die Anzahl ihrer Elemente. Die Elemente einer Liste sind nummeriert und unter Verwendung eckiger Klammern (wie Vektoren) indizierbar. Dabei liefern einfache eckige Klammern `[ ]` die indizierten Elemente wieder als Liste zurück. Falls nur ein Listenelement (z. B. durch `[ 2]`) indiziert wurde, erhält man also eine Liste der Länge 1. Um auf ein einzelnes Listenelement zuzugreifen, ohne es in eine Listenstruktur eingebettet zu bekommen, muss der Index des gewünschten Elements in *doppelte* eckige Klammern `[[ ]]` gesetzt werden. Eine Benennung der Listenelemente ist ebenfalls möglich; sie heißen dann Komponenten. Der Zugriff auf sie geschieht durch den jeweiligen Komponentennamen in einfachen oder doppelten eckigen Klammern oder mit Hilfe des Komponentenoperators `$`.

Beispiele mögen das Konzept der Listen und die Indizierungsmethoden erläutern, wobei die folgenden Objekte verwendet werden:

```
> personen
[1] "Peter" "Paul"  "Mary"  "Tic"

> alter
[1] 12 14 13 21
```

```
> m
     [,1] [,2] [,3] [,4]
[1,]  130  110  118  112
[2,]   26   24   25   25
```

2.9.1 Erzeugung und Indizierung: `list()`, `[[ ]]`, `head()` bzw. `tail()`

`> (daten <- list( personen, alter, m))`
`[[1]]:`
`[1] "Peter" "Paul"  "Mary"  "Tic"`
 	
`[[2]]:`
`[1] 12 14 13 21`
 	
`[[3]]:`
`     [,1] [,2] [,3] [,4]`
`[1,]  130  110  118  112`
`[2,]   26   24   25   25`
	Die Funktion `list()` fasst ihre Argumente zu einer Liste zusammen. Hier eine dreielementige Liste, deren Elemente ein `character`-Vektor, ein `numeric`-Vektor und eine `numeric`-Matrix sind.
	In der Ausgabe der Liste sind in den doppelten eckigen Klammern die Indices der Listenelemente zu sehen. (Das nachgestellte „`:`" hat keine Bedeutung.)

`> length( daten)` `[1] 3`	Die Länge einer Liste (= Anzahl ihrer Elemente) bestimmt `length()`.

`> daten[ 2]`
`[[1]]:`
`[1] 12 14 13 21`
	`[i]` ist die *Liste*, die das i-te Element der Ausgangsliste enthält.

`> daten[[ 1]]` `[1] "Peter" "Paul"  "Mary"  "Tic"`	`[[i]]` liefert das i-te Element der Ausgangsliste (hier also den Vektor `personen`).
`> daten[[ 2]][ 2:3]` `[1] 14 13`	`[[i]][j]` ist das j-te Element des i-ten Elements der Ausgangsliste (hier also das zweite und dritte Element des ursprünglichen Vektors `alter`).

`> daten[[ 3]][ 2, 4]` `[1] 25`	Wenn das i-te Element der Ausgangsliste eine Doppelindizierung zulässt, ist `[[i]][j,k]` das (j, k)-Element jenes i-ten Elements (hier also das $(2, 4)$-Element der ursprünglichen Matrix `m`).
`> head( ....)` `> tail( ....)`	`head()` und `tail()` liefern bei Listen die ersten bzw. letzten `n` Listenelemente zurück; vgl. §2.6.2.

2.9.2 Benennung von Listenelementen und ihre Indizierung: `names()` und `$`

`> names( daten) <- c( "Personen", "Alter",`
`+ "Werte");   daten`
`$Personen:`
`[1] "Peter" "Paul"  "Mary"  "Tic"`
 	
`$Alter:`
`[1] 12 14 13 21`
 	
`$Werte:`
`     [,1] [,2] [,3] [,4]`
`[1,]  130  110  118  112`
`[2,]   26   24   25   25`
	Die Benennung der Listenelemente erfolgt mittels der Funktion `names()`. Die benannten Listenelemente werden Komponenten genannt (vgl. §2.5.2). In der Ausgabe der Liste sind die mit doppelten eckigen Klammern versehenen Indices verschwunden und durch die Komponentennamen samt einem vorangestellten `$`-Zeichen und einem nachgestellten „`:`“ ersetzt. Beachte, dass die Komponentennamen nicht in Hochkommata stehen!

`> names( daten)` `[1] "Personen" "Alter"    "Werte"`	Die Anwendung von `names()` liefert die Komponentennamen.
`> daten$Personen` `[1] "Peter" "Paul"  "Mary"  "Tic"`	Zugriff auf die `"Personen"` benannte Komponente von `daten` mittels des Komponentenoperators `$`.
`> daten[[ "Personen"]]` `[1] "Peter" "Paul"  "Mary"  "Tic"`	Analoge Wirkung der Indizierung durch doppelte eckige Klammern und Komponentennamen.

`> daten[ "Personen"]`
`$Personen`
`[1] "Peter" "Paul"  "Mary"  "Tic"`
	Beachte den Unterschied zur Indizierung mit einfachen eckigen Klammern und Komponentennamen.

`> daten$Werte[ 2,2]` `[1] 24`	Kombination der Indizierungsmethoden: `$Werte[2,2]` ist das $(2, 2)$-Element der Komponente `"Werte"`.

`> (D <- list( Land = c( "Baden-Wuerttemberg",`
`+ "Bayern", "Berlin", ....),`
`+ Bevoelkerung = c( 10.7, 12.4, 3.4, ....)))`
`$Land:`
` [1] "Baden-Wuerttemberg"  "Bayern" ....`
 	
`$Bevoelkerung:`
` [1] 10.7  12.4 ....`
	Erzeugung einer Liste mit zwei Komponenten, die bereits bei der Listenerzeugung die Komponentennamen `Land` und `Bevoelkerung` erhält (also ohne Verwendung der Funktion `names()`).

Bemerkung: Eine weitere, bereits gesehene Beispielanwendung für Listen ist die Vergabe von Zeilen- und Spaltennamen an Matrizen (siehe §2.8.3, Seite 39).

Beachte: Indizierung von Komponenten unter Verwendung von `character`-Variablen, die die Komponentennamen enthalten, geht nur mit `[[ ]]` und nicht mit `$`. Beispiel:

```
> idx <- "Personen";   daten[[ idx]]     # Funkioniert wie gewuenscht.
[1] "Peter" "Paul"  "Mary"  "Tic"
> daten$idx     # Ist die korrekte Antwort, aber wohl nicht das Gewuenschte.
NULL
```

2.9.3 Komponentenweise Anwendung von Operationen: `lapply()`, `sapply()` & Co.

Ähnlich zur Funktion `apply()`, die eine zeilen- und spaltenweise Anwendung von Funktionen auf Matrizen ermöglicht, existieren zwei Funktionen, die dies für die Elemente einer Liste realisieren. Es handelt sich hierbei um `lapply()` und `sapply()`.

```
> lapply( daten, class)
$Personen:
[1] "character"

$Alter:
[1] "numeric"

$Werte:
[1] "matrix"
```

`lapply()` erwartet als erstes Argument eine Liste, auf deren jedes Element sie das zweite Argument (hier die Funktion `class()`) anwendet. Das Ergebnis ist eine Liste der Resultate der Funktionsanwendungen (hier die Klassen der Elemente von `daten`). Die Ergebnisliste erhält die Komponentennamen der Eingabeliste, falls jene eine benannte Liste ist.

```
> sapply( daten, class)
   Personen      Alter    Werte
"character" "numeric" "matrix"
```

`sapply()` funktioniert wie `lapply()`, simplifiziert aber die Ergebnisstruktur, wenn möglich; daher ist hier das Ergebnis ein *Vektor*.

```
> x <- list( A = 1:10, B = exp( -3:3),
+ C = c( TRUE, FALSE, FALSE, TRUE))
> lapply( x, mean)
$A
[1] 5.5

$B
[1] 4.535125

$C
[1] 0.5
```

Weitere Beispiele zur Wirkung von `sapply()` und `lapply()`:
Hier wird die Funktion `mean()` auf jede Komponente der Liste `x` angewendet.

```
> lapply( x, quantile, probs = 1:3/4)
$A
 25%  50%  75%
3.25 5.50 7.75

$B
      25%       50%       75%
0.2516074 1.0000000 5.0536690

$C
25% 50% 75%
0.0 0.5 1.0
```

Sollen der komponentenweise anzuwendenden Funktion (hier `quantile()`, vgl. §2.3.3) weitere Argumente (hier `probs = 1:3/4`) mitgeliefert werden, so sind diese in der Form *Name* = *Wert* durch Komma getrennt hinter dem Namen jener Funktion aufzuführen.

```
> sapply( x, quantile, probs = 1:3/4)
        A          B   C
25%  3.25 0.25160736 0.0
50%  5.50 1.00000000 0.5
75%  7.75 5.05366896 1.0
```

Dito, aber `sapply()` simplifiziert die Ergebnisstruktur zu einer *Matrix*, da die jeweiligen Ergebnisse (hier `numeric`-)Vektoren derselben Länge sind. Beachte wie die Ergebnisvektoren *spaltenweise* zu einer Matrix zusammengefasst werden und wie Zeilen- und Spaltennamen der Matrix zustandekommen.

Bemerkungen: Es gibt eine rekursive Version namens `rapply()` und eine „multivariate“ Variante namens `mapply()`, für deren mächtige Funktionalitäten wir auf die Online-Hilfe verweisen.

Eine *sehr* nützliche Funktion, um sich die Struktur von umfangreichen Listen (oder anderen Objekten) übersichtlich in abgekürzter Form anzusehen, ist `str()` (siehe §2.10.4).

2.10 Data Frames: Eine Klasse „zwischen“ Matrizen und Listen

Ein Data Frame ist eine Liste der Klasse `data.frame`, die benannte Elemente, also Komponenten hat. Diese Komponenten müssen atomare Vektoren der Modi `numeric`, `logical` bzw. `character` oder der Klassen `factor` bzw. `ordered` (also Faktoren) sein, die alle die gleiche Länge haben. Eine andere Interpretation ist die einer „verallgemeinerten“ Matrix mit benannten Spalten (und Zeilen): Innerhalb einer jeden Spalte stehen zwar (atomare) Elemente des gleichen Modus bzw. derselben Klasse, aber von Spalte zu Spalte können Modus bzw. Klasse variieren.

Data Frames sind das „Arbeitspferd“ vieler statistischer (Modellierungs-)Verfahren in **R**, da sie hervorragend geeignet sind, die typische Struktur p-dimensionaler Datensätze vom Stichprobenumfang n widerzuspiegeln: Jede der n Zeilen enthält einen p-dimensionalen Beobachtungsvektor, der von einer der n Untersuchungseinheiten (auch Fälle oder Englisch “cases” genannt) stammt. Jede der p Komponenten (= Spalten) enthält die n Werte, die für eine der p Variablen (= Merkmale) registriert wurden.

Der im **R**-Paket `rpart` enthaltene Datensatz `cu.summary` (Autodaten aus der 1990er Ausgabe des “Consumer Report”) ist ein Beispiel eines Data Frames (falls `rpart` noch nicht installiert, siehe Abschnitt 1.7):

```
> data( cu.summary,       # Stellt eine Kopie (!) des Objektes "cu.summary" aus
+ package = "rpart")      # dem Paket "rpart" im workspace zur Verfuegung.
> head( cu.summary)
                Price   Country Reliability Mileage  Type
Acura Integra 4 11950     Japan Much better      NA Small
Dodge Colt 4     6851     Japan        <NA>      NA Small
Dodge Omni 4     6995       USA  Much worse      NA Small
Eagle Summit 4   8895       USA      better      33 Small
Ford Escort   4  7402       USA       worse      33 Small
Ford Festiva 4   6319     Korea      better      37 Small
```

Hinweise: Alle bereits in “base-**R**” zur Verfügung stehenden Datensätze werden durch `library( help = "datasets")` aufgelistet. Mit `?`*datensatzname* wird die Online-Hilfe zum jeweiligen Datensatz gezeigt.

2.10.1 Indizierung: `[ ]`, `$`, `head()` und `tail()` sowie `subset()`

Der Zugriff auf einzelne Elemente, ganze Zeilen oder Komponenten eines Data Frames kann wie bei Matrizen mittels der Zeile-Spalte-Indizierung `[i, j]`, `[i, ]` oder `[, j]` geschehen bzw. über Zeilen- und Komponentennamen gemäß `["zname", "sname"]`, `["zname", ]` oder `[, "sname"]`. Die Spalten (und *nur* sie), da sie Komponenten einer Liste sind, können mit Hilfe des Komponentenoperators `$` über ihre Namen indiziert werden (via *dataframe*`$`*name*). Beispiele:

```
> cu.summary[ 21,1]
[1] 8695
> cu.summary[ "Eagle Summit 4", "Mileage"]
[1] 33
```

Zugriff auf einzelne Elemente durch matrixtypische Zeile-Spalte-Indizierung bzw. -Benennung.

```
> cu.summary[ "GEO Metro  3", ]
             Price Country Reliability ....
GEO Metro  3  6695   Japan        <NA> ....
```

Matrixtypische Auswahl einer ganzen Zeile durch Zeilenbenennung. Beachte, dass die Spaltennamen übernommen werden.

```
> cu.summary$Country
  [1] Japan     Japan     USA     ....
 ....
[115] Japan     Japan     Germany
10 Levels: Brazil England France .... USA
```

Listentypische Auswahl einer Komponente über ihren Namen. Beachte, dass beim `$`-Operator keine Hochkommata verwendet werden.

```
> head( ....)
> tail( ....)
```

Sie liefern bei Data Frames (wie bei Matrizen; vgl. §2.8.5) die ersten bzw. letzten `n` Zeilen zurück.

```
> subset( cu.summary, subset = Price < 6500,
+ select = c( Price, Country, Reliability))
                     Price Country Reliability
Ford Festiva 4        6319   Korea      better
Hyundai Excel 4       5899   Korea       worse
Mitsubishi Precis 4  5899   Korea       worse
Subaru Justy 3        5866   Japan        <NA>
Toyota Tercel 4       6488   Japan Much better
```

`subset()` wählt über ihr Argument `subset`, das (im Ergebnis) einen `logical`-Vektor erwartet, die Zeilen des Data Frames aus und über ihr Argument `select`, das (im Ergebnis) einen die Spalten des Data Frames indizierenden Vektor erwartet, eben jene aus.

2.10.2 Erzeugung: `data.frame()`, `expand.grid()`

Data Frames können zusammengesetzt werden aus bereits existierenden Vektoren, Matrizen, Listen und anderen Data Frames, und zwar standardmäßig mit der Funktion `data.frame()`. Dabei müssen die „Dimensionen" der zusammenzusetzenden Objekte i. d. R. zueinanderpassen. Ausnahmen sind in der Online-Hilfe beschrieben.

Beim „Einbau" von Matrizen, Listen und anderen Data Frames liefert jede Spalte bzw. Komponente eine eigene Komponente des neuen Data Frames. Dazu müssen Matrizen und Data Frames dieselbe Zeilenzahl haben und die Komponenten von Listen dieselbe Länge (die wiederum alle mit der Länge eventuell hinzugefügter Vektoren übereinstimmen müssen). `character`-Vektoren werden beim Einbau in einen Data Frame (per Voreinstellung) zu Faktoren konvertiert.

Im Fall von Vektoren können für die Komponenten (= Spalten) explizit Namen angegeben werden, gemäß der Form *Name* = *Wert*. Wird dies nicht getan, übernehmen die Data-Frame-Komponenten den Objektnamen des jeweiligen Vektors oder werden von **R** automatisch mit einem syntaktisch zulässigen und eineindeutigen (aber häufig furchtbaren) Namen versehen, der gelegentlich mit einem `X` beginnt.

Als Zeilennamen des Data Frames werden die Elementenamen (eines Vektors) oder Zeilennamen der ersten Komponente, die so etwas besitzt, übernommen, ansonsten werden die Zeilen durchnummeriert.

In der nächsten Tabelle werden folgende Beispielobjekte verwendet:

```
> hoehe
[1] 181 186 178 175
> Gewicht
[1] 130 110  63  59
> Diaet
[1]  TRUE FALSE FALSE  TRUE
```

```
> Werte
     Gewicht Alter groesse
[1,]     105    26     181
[2,]      83    24     186
[3,]      64    25     178
[4,]      58    25     175
```

```
> (W.df <- data.frame( Groesse = hoehe,
+ Gewicht, Diaet, BlutG = c( "A", "A", "AB",
+ "0"), Rh = c( "R+", "R-", "R-", "R-")))
  Groesse Gewicht Diaet BlutG Rh
1     181     130  TRUE     A R+
2     186     110 FALSE     A R-
3     178      63 FALSE    AB R-
4     175      59  TRUE     0 R-
```

Erzeugung eines Data Frames mit den explizit benannten Komponenten `Groesse`, `BlutG` und `Rh` sowie den Komponenten `Gewicht` und `Diaet`, die als Namen den Objektnamen des entsprechenden Vektors erhalten.

<table>
<tr><td>

```
> (W2.df <- data.frame( Werte))
  Gewicht Alter groesse
1     105    26     181
2      83    24     186
3      64    25     178
4      58    25     175
```

</td><td>Erzeugung eines Data Frames aus einer bereits existierenden Matrix. Die Namen von Spalten werden von der Matrix übernommen, falls sie existieren.</td></tr>
</table>

Bei Betrachtung des obigen Beispiels mit dem `character`-Vektor der Blutgruppen `c("A", "A", "AB", "0")` fällt auf, dass in dem Data Frame `W.df` die Hochkommata des Modus' `character` verloren gegangen sind. Hier ist zu wiederholen, dass `character`-Vektoren bei Übergabe in einen Data Frame gemäß Voreinstellung *automatisch* zu Faktoren konvertiert werden. Um einen `character`-Vektor – warum auch immer – als solchen in einen Data Frame zu übernehmen, ist die Funktion `I()` zu verwenden; sie sorgt für die unveränderte (identische oder auch "as is" genannte) Übernahme des Objektes. Die betreffende Komponente des Data Frames erhält dann den Modus `character` und die Klasse `AsIs`:

<table>
<tr><td>

```
> (W3.df <- data.frame( W.df, Spitzname =
+ I( c( "Hulk", "Richi", "Rote Zora",
+ "Zimtzicke"))))
  Groesse Gewicht Diaet BlutG Rh Spitzname
1     181     130  TRUE     A R+      Hulk
2     186     110 FALSE     A R-     Richi
3     178      63 FALSE    AB R- Rote Zora
4     175      59  TRUE     0 R- Zimtzicke
```

</td><td>Erzeugung eines Data Frames, wobei ein <code>character</code>-Vektor als solcher übernommen wird. Bei der Ausgabe sind allerdings auch hier die Hochkommata „verloren“, sodass so kein Unterschied zwischen einer Faktor- und einer <code>character</code>-Komponente zu erkennen ist. (Siehe aber den folgenden §2.10.4.)</td></tr>
</table>

In manchen Situationen ist es notwendig, zu k (Faktor-)Vektoren mit je $n_1, n_2, \ldots, n_k$ verschiedenen Elementen (bzw. Levels) alle möglichen $n_1 \cdot n_2 \cdots n_k$ Kombinationen zu generieren – und zwar nützlicherweise, wie sich noch herausstellen wird, als Zeilen eines Data Frames.

Dies könnte z. B. der Fall sein für die Erfassung von Daten aus Experimenten, in denen eine Messgröße von Interesse unter verschiedenen Bedingungen erhoben wurde, welche durch die Kombinationen von verschiedenen Levels mehrerer (Einfluss-)Faktoren charakterisiert werden. Oder wenn man eine Funktion, die von mindestens zwei Variablen abhängt, auf einem vollständigen endlichen *Gitter* aller Kombinationen ausgewählter Werte dieser Variablen auswerten will, aber die dabei zu durchlaufenden Werte der Variablen als separate Vektoren gespeichert hat.

Hier ist die Funktion `expand.grid()` das Werkzeug der Wahl, denn sie erzeugt aus jenen separaten Vektoren das entsprechende Gitter (Engl.: "grid").

Beispiel: Soll eine Funktion mit drei Argumenten für alle Kombinationen der drei Strahlungswerte in $S = \{0, 50, 100\}$ mit den fünf Temperaturwerten in $T = \{0, 10, 20, 30, 40\}$ und den zwei Wind-„Werten“ in $W = \{„ja“, „nein“\}$ ausgewertet werden, und sind S, T und W als separate Vektoren à la

```
> Strahl <- seq( 0, 100, by = 50);     Temp <- seq( 0, 40, by = 10)
> Wind <- c( "ja", "nein")
```

gespeichert, dann erhalten wir das gewünschte Gitter $S \times T \times W$ mit seinen $3 \cdot 5 \cdot 2 = 30$ Elementen als Data Frame mit (frei benennbaren Komponenten) durch

```
> expand.grid( Strahlung = Strahl, Temperatur = Temp, Wind = Wind)
   Strahlung Temperatur Wind
1          0          0   ja
2         50          0   ja
3        100          0   ja
```

```
4          0         10   ja
5         50         10   ja
....
15       100         40   ja
16         0          0 nein
....
29        50         40 nein
30       100         40 nein
```

Offenbar durchläuft die erste Komponente des resultierenden Data Frames ihren Wertebereich vollständig, bevor die zweite Komponente auf ihren nächsten Wert „springt“. Analog ändert sich der Wert einer j-ten Komponente, falls vorhanden, erst auf den nächsten, wenn sämtliche Kombinationen in den ersten $j-1$ Komponenten durchlaufen sind, usw.

Hinweis: Zu den verwandten Problemen der Erzeugung aller möglichen m-elementigen Kombinationen, sprich Teilmengen bzw. ungeordneten Auswahlen aus *einer* n-elementigen (Grund-) Menge und der Berechnung ihrer Anzahl mit Hilfe der Funktionen `combn()` bzw. `choose()` siehe §2.3.4.

2.10.3 Zeilen- & Spaltennamen: `dimnames()`, `row.names()` & `case.names()`, `col.names()` & `names()`

Auf Zeilen- und Spaltennamen von Data Frames kann analog zu denen von Matrizen mit `dimnames()`, `rownames()` bzw. `colnames()` zugegriffen werden. Allerdings gibt es ein paar auf Data Frames spezialisierte Versionen, nämlich `row.names()` oder `case.names()` für die Zeilen-, sprich Fallnamen bzw. `colnames()` oder (einfach) `names()` für die Spalten-, sprich Variablennamen. Diese Funktionsnamen orientieren sich an der am Anfang von Abschnitt 2.10 kurz erwähnten Interpretation der Struktur von Data Frames.

2.10.4 “Summary statistics” und Struktur eines Data Frames: `summary()` und `str()`

Die Funktion `summary()` hat eine spezielle Methode für Data Frames, sodass sie „direkt“ auf einen Data Frame anwendbar ist und geeignete “summary statistics” einer jeden Komponente des Data Frames in recht übersichtlicher Form liefert (siehe auch Seite 22 bzgl. `summary()`):

Für `numeric`-Komponenten werden die arithmetischen “summary statistics” bestimmt. Für Faktoren und geordnete Faktoren werden die Häufigkeitstabellen ihrer Levels bzw. Ausschnitte daraus angegeben, falls die Tabellen zu groß sind, weil mehr als sechs Levels auftreten. (Die Anzahl der maximal anzuzeigenden Faktorlevels lässt sich aber mit dem `summary()`-Argument `maxsum` auch ändern.) Die Reihenfolge der Levels in einer Häufigkeitstabelle entspricht dabei der Levelordnung des Faktors. (Für Komponenten der Klasse `AsIs` (hier nicht gezeigt) wird die Länge dieser Komponente, ihre Klasse und ihr Modus, also `character` ausgegeben.) Beispiel:

```
> summary( cu.summary)
    Price              Country          Reliability     Mileage            Type
Min.   : 5866   USA       :49   Much worse :18   Min.   :18.00   Compact:22
1st Qu.:10125   Japan     :31   worse      :12   1st Qu.:21.00   Large  : 7
Median :13150   Germany   :11   average    :26   Median :23.00   Medium :30
Mean   :15743   Japan/USA: 9    better     : 8   Mean   :24.58   Small  :22
3rd Qu.:18900   Korea     : 5   Much better:21   3rd Qu.:27.00   Sporty :26
Max.   :41990   Sweden    : 5   NA's       :32   Max.   :37.00   Van    :10
                (Other)   : 7                    NA's   :57.00
```

Die bereits im Zusammenhang mit Listen (auf Seite 48) erwähnte Funktion `str()`, wie Struktur, ist auch für größere Data Frames eine *hervorragende* Möglichkeit, Informationen über ihre Struktur und ihren Inhalt in übersichtlicher, abgekürzter Form darzustellen:

```
> str( cu.summary)
'data.frame':   117 obs. of  5 variables:
 $ Price      : num  11950  6851  6995  8895  7402 ...
 $ Country    : Factor w/ 10 levels "Brazil","England",..: 5 5 10 10 10 ...
 $ Reliability: Ord.factor w/ 5 levels "Much worse"<"worse"<..: 5 NA 1 4 2 ...
 $ Mileage    : num  NA NA NA 33 33 37 NA NA 32 NA ...
 $ Type       : Factor w/ 6 levels "Compact","Large",..: 4 4 4 4 4 4 4 4 ...
```

2.10.5 Komponentenweise Anwendung von Operationen: `lapply()`, `sapply()`

Analog zur Anwendung einer Funktion auf die Elemente einer Liste durch `lapply()` oder `sapply()` (siehe Seite 48) lässt sich dies auch (*nur*) für die Komponenten eines Data Frames mit `lapply()` oder `sapply()` realisieren, da sie als Listenelemente auffassbar sind:

```
> lapply( cu.summary, class)
$Price:
[1] "numeric"

$Country:
[1] "factor"

$Reliability:
[1] "ordered" "factor"

$Mileage:
[1] "numeric"

$Type:
[1] "factor"
```

Hier wendet `lapply()` auf die Komponenten (d. h. die Listenelemente) des Data Frames `cu.summary` die Funktion `class()` an, was als Resultat eine Liste mit den Klassen der Komponenten (= Listenelemente) liefert.

(Memo: Zu Klasse und Modus von Faktoren siehe bei Bedarf nochmal am Anfang von Abschnitt 2.7.)

```
> sapply( cu.summary, mode)
     Price   Country Reliability   Mileage
 "numeric" "numeric"   "numeric" "numeric"
      Type
 "numeric"
```

`sapply()` macht das Analoge zu `lapply()` (hier mit `mode()`), vereinfacht aber nach Möglichkeit die Struktur des Resultats; hier zu einem Vektor.

Natürlich ist auch die komponentenweise Anwendung von `summary()` auf einen Data Frame möglich, wie z. B. durch `lapply( cu.summary, summary)`, was eine Liste mit den “summary statistics” einer jeden Komponente des Data Frames liefert. Allerdings ist diese nicht so übersichtlich wie das Resultat der direkten Anwendung von `summary()` auf einen Data Frame.

2.10.6 Anwendung von Operationen auf Faktor(en)gruppierte Zeilen: `by()`

Die Funktion `by()` bewerkstelligt die zeilenweise Aufteilung eines Data Frames gemäß der Werte eines Faktors – oder mehrerer Faktoren – in (wiederum) Data Frames und die nachfolgende Anwendung jeweils einer (und derselben) Funktion auf diese Unter-Data Frames. (Vgl. auch §2.7.7 zur Arbeitsweise von `tapply()`, welches die interne Grundlage für `by()` ist.)

Im folgenden Beispiel teilt `by()` den Data Frame `cu.summary` zeilenweise gemäß der verschiedenen Werte des Faktors `cu.summary$Type` zunächst in Unter-Data Frames auf und wendet dann jeweils die Funktion `summary()` auf diese an. Das Resultat wird hier nur teilweise gezeigt:

```
> by( cu.summary, cu.summary$Type, summary)
cu.summary$Type: Compact
     Price                Country        Reliability     Mileage           Type
 Min.   : 8620   USA       :7    Much worse :2    Min.   :21.00   Compact:22
 1st Qu.:10660   Germany   :4    worse      :5    1st Qu.:23.00   Large  : 0
 Median :11898   Japan/USA:4    average    :3    Median :24.00   Medium : 0
 Mean   :15202   Japan     :3    better     :4    Mean   :24.13   Small  : 0
 3rd Qu.:18307   Sweden    :3    Much better:5    3rd Qu.:25.50   Sporty : 0
 Max.   :31600   France    :1    NA's       :3    Max.   :27.00   Van    : 0
                 (Other)   :0                     NA's   : 7.00
------------------------------------------------------------
cu.summary$Type: Large
     Price              Country        Reliability     Mileage           Type
 Min.   :14525   USA    :7    Much worse :2    Min.   :18.00   Compact:0
 1st Qu.:16701   Brazil :0    worse      :0    1st Qu.:19.00   Large  :7
 Median :20225   England:0    average    :5    Median :20.00   Medium :0
 Mean   :21500   France :0    better     :0    Mean   :20.33   Small  :0
 3rd Qu.:27180   Germany:0    Much better:0    3rd Qu.:21.50   Sporty :0
 Max.   :27986   Japan  :0                     Max.   :23.00   Van    :0
                 (Other):0                     NA's   : 4.00
------------------------------------------------------------
....
```

Bemerkungen: Die bloße Aufteilung eines Data Frames in Unter-Data Frames gemäß der Werte eines Faktors oder mehrerer Faktoren (ohne die direkte Anwendung einer sonstigen Operation) ist mithilfe der Funktion `split()` möglich (vgl. auch §2.7.7). Eine weitere Funktion zur Berechnung von "summary statistics" für Teilmengen – typischwerweise – eines Data Frames ist `aggregate()`. (Für beide Funktionen verweisen wir auf ihre Online-Hilfe.)

2.10.7 „Organisatorisches“ zu Data Frames und dem Objektesuchpfad: `attach()`, `detach()` und `search()`, `with()`, `within()` und `transform()`

Die Komponenten eines Data Frames sind, wie auf den vorherigen Seiten vorgestellt, mittels des Komponentenoperators `$` über ihre Namen indizierbar. Sie sind Bestandteile des Data Frames und keine eigenständigen Objekte. D. h., jedes Mal, wenn z. B. auf die Komponente `Price` in `cu.summary` zugegriffen werden soll, ist stets auch der Name des Data Frames `cu.summary` anzugeben, damit **R** weiß, wo es die Komponente (sprich Variable) `Price` herholen soll.

Gelegentlich jedoch ist der Zugriff auf eine Komponente wiederholt oder auf mehrere Komponenten gleichzeitig notwendig (oder beides). Dann wird die Verwendung von *dataframe*`$`*komponentenname* schnell sehr aufwändig und unübersichtlich. Um hier Erleichterung zu schaffen, kann man den Data Frame, auf dessen Komponenten zugegriffen werden soll, vorher „öffnen“, sodass die Angabe seines Namens und die Verwendung des Operators `$` nicht mehr nötig ist, sondern die Komponenten des Data Frames gewissermaßen zu eigenständigen Objekten werden.

- Das „Öffnen“ eines Data Frames bewerkstelligt die Funktion `attach()` und das „Schließen“ die Funktion `detach()`. Durch `attach( DF)` wird der Data Frame `DF` (falls er existiert) in der zweiten Position des Objektesuchpfads von **R** hinzugefügt (Engl.: "attached"). An der ersten Stelle dieses Suchpfades steht der aktuelle "workspace" (namens `.GlobalEnv`) und beim Aufruf eines Objektes über seinen Namen sucht **R** zuerst in diesem workspace. Wenn **R** ein solchermaßen benanntes Objekt dort nicht findet, wird im nächsten Eintrag des Suchpfades, also hier im Data Frame `DF` weitergesucht. Führt dies zum Erfolg, wird das Objekt zur Verfügung gestellt; anderenfalls wird eine entsprechende Fehlermeldung

ausgegeben. Soll der Data Frame `DF` aus dem Suchpfad wieder entfernt werden, so geschieht dies durch `detach( DF)`.

Wie der aktuelle Suchpfad aussieht, zeigt die Funktion `search()`: Es werden alle geladenen Pakete und anderen “attach”-ten Datenbanken oder Objekte aufgezählt.

Beachte: Die obige Methodik birgt natürlich eine Gefahr: Angenommen, es soll auf eine Komponente des Data Frames `DF` zugegriffen werden, deren Name genauso lautet, wie der eines Objektes im workspace. Dann wird **R** bereits im workspace fündig, beendet (!) seine Suche und stellt das gefundene Objekt zur Verfügung (und zwar *ohne* dem/der Benutzer/in mitzuteilen, dass es noch ein weiteres Objekt des gleichen Namens gibt). Fazit: Es obliegt dem/der Benutzer/in zu kontrollieren, dass das „richtige“ Objekt verwendet wird. (Dies ist ein weiteres Beispiel für die Notwendigkeit, den eigenen workspace öfter einmal aufzuräumen. Siehe hierzu Abschnitt 1.5, Seite 6.)

Am Beispiel eines weiteren, bereits in “base-**R**” zur Verfügung stehenden Data Frames namens `airquality` (mit Messwerten zur Luftqualität in New York von Mai bis September 1973) soll die oben beschriebene Funktionsweise von `attach()` und Co. dargestellt werden:

```
> head( airquality, 5)                   # Fuer Infos siehe ?airquality
  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
4    18     313 11.5   62     5   4
5    NA      NA 14.3   56     5   5
```

`> Ozone[ 41:42]` `Error: Object "Ozone" not found`	Offenbar gibt es kein Objekt namens `Ozone` im **R**-Suchpfad.

`> attach( airquality)`
`> Ozone[ 41:42]`
`[1] 39 NA`
`> summary( Solar.R)`
`Min. 1st Qu. Median  Mean 3rd Qu.  Max. NA's`
` 7.0   115.8  205.0 185.9   258.8 334.0  7.0`
	Nachdem der Data Frame `airquality` dem **R**-Suchpfad hinzugefügt worden ist, sind `Ozone` und `Solar.R` sowie alle anderen Komponenten von `airquality` als eigenständige Objekte unter ihrem Komponentennamen verfügbar, denn …

`> search()`
`[1] ".GlobalEnv"        "airquality"`
`[3] "package:methods"   "package:stats"`
`[5] "package:graphics"  "package:grDevices"`
`[7] "package:utils"     "package:datasets"`
`[9] "Autoloads"         "package:base"`
	… wie der aktuelle Suchpfad zeigt, befindet sich der Data Frame `airquality` im Augenblick darin an zweiter Position, aber …

`> detach( airquality)`
`> summary( Solar.R)`
`Error in summary(Solar.R): Object "Solar.R"`
`not found`
	… nach dem Entfernen des Data Frames aus dem Suchpfad eben nicht mehr (wie ein erneutes `search()` explizit bestätigen würde).

- Weitere, sehr nützliche Funktionen zur Arbeit mit und Modifikation von Data Frames sind auch `with()`, `within()` und `transform()`, für deren detailierte Funktionsweise wir nachdrücklich auf ihre Online-Hilfe verweisen und hier nur kurze Beschreibungen sowie jeweils ein kleines Anwendungsbeispiel liefern:

▷ `with( data, expr)` wertet den Ausdruck `expr` in der „lokalen“ Umgebung `data` aus, indem `data` quasi vorübergehend in den Suchpfad eingehängt wird. Dabei ist `data` typischerweise ein Data Frame, kann aber auch eine Liste sein. Das Resultat des `with()`-Aufrufs ist der Wert von `expr`, aber jegliche Zuweisung innerhalb von `expr` ist nur lokal gültig, d. h., findet nicht im benutzereigenen workspace statt und ist daher außerhalb des `with()`-Aufrufs vergessen.

▷ `within( data, expr)` arbeitet ähnlich zu `with()`, versucht allerdings, die in `expr` ausgeführten Zuweisungen und anderen Modifikationen in der Umgebung `data` permanent zu machen. Der Wert des `within()`-Aufrufs ist der Wert des Objekts in `data` mit den durch `expr` resultierenden Modifikationen.

▷ `transform( '_data', ...)` arbeitet ähnlich zu `within()`, allerdings dürfen in `...` nur Ausdrücke der Art `name = expr` auftreten. Jede `expr` wird in der durch den Data Frame `_data` definierten Umgebung ausgewertet und ihr Wert nach Möglichkeit der jeweils zu `name` passenden Komponente des Data Frames `_data` zugewiesen. Wenn keine passende Komponente in `_data` existiert, wird der erhalten Wert an `_data` als weitere Komponente angehängt. Der Wert des `transform()`-Aufrufs ist der modifizierte Wert von `_data`.

```
> with( airquality, {
+  TempC <- (Temp - 32) * 5/9
+  summary( TempC)
+  summary( Ozone)
+  })
  Min. 1st Qu. Median  Mean 3rd Qu.
  1.00   18.00  31.50 42.13   63.25
  Max.    NA's
168.00   37.00
```

Die in `{....}` stehenden Anweisungen sind der Ausdruck, der in der durch `airquality` lokal definierten Umgebung auszuwerten ist, in der `Temp` und `Ozone` bekannt sind. Der Wert dieser `with()`-Anweisung ist der Wert des letzten Ausdrucks in `{....}`, also `summary( Ozone)`, wohingegen `TempC` danach genauso wieder verschwunden ist wie das – gar nicht ausgegebene – Ergebnis von `summary( TempC)`.

```
> air2 <- within( airquality, {
+  TempC <- (Temp - 32) * 5/9
+  Month <- factor( month.abb[ Month])
+  rm( Day)
+  })
> head( air2, 2)
  Ozone Solar.R Wind Temp Month  TempC
1    41     190  7.4   67   May 19.444
2    36     118  8.0   72   May 22.222
```

Die Anweisungen in `{....}` werden in der durch `airquality` lokal definierten Umgebung ausgewertet, worin `Temp`, `Month` und `Day` bekannt sind. Das Ergebnis dieses `within()`s ist der Wert von `airquality` nach Ausführung der Modifikationen, also mit neu angehängter Komponente `TempC`, neuem Wert für die bereits existierende Komponente `Month` und ohne die Komponente `Day`. Beachte: `airquality` selbst bleibt unverändert.

```
> air3 <- transform( airquality,
+  NegOzone = -Ozone,
+  Temp = (Temp - 32) * 5/9)
> head( air3, 2)
  Ozone Solar.R Wind   Temp Month Day
1    41     190  7.4 19.444     5   1
2    36     118  8.0 22.222     5   2
  NegOzone
1      -41
2      -36
```

Die Ausdrücke `name = expr` werden in der durch `airquality` lokal definierten Umgebung ausgewertet, worin `Ozone` und `Temp` bekannt sind. Das Ergebnis dieses `transform()`s ist der Wert von `airquality` nach Ausführung der Modifikationen, also mit neu angehängter Komponente `NegOzone` und neuem Wert für die bereits existierende Komponente `Temp`. Beachte: `airquality` selbst bleibt unverändert.

2.10.8 Nützliche Transformationen: `stack()`, `reshape()`, `merge()` und das Paket `reshape`

Die Arbeit mit einem komplexeren Datensatz, der in der Regel aus Gründen der Datenerfassung und -verwaltung zunächst in Form einer Tabelle arrangiert wurde wie sie nicht für die direkte Verarbeitung mit **R** geeignet ist, bedingt oft das – wiederholte – Umformen dieser Datenstruktur, die in **R** typischerweise als Data Frames gespeichert wird. Zu diesem Zweck stehen in "base **R**" und in dem einen oder anderen **R**-Package mehrere, unterschiedlich leistungsfähige und komplizierte Funktionen zur Verfügung, deren Beschreibung hier zu weit führte. Stattdessen zählen wir nur einige auf und verweisen auf ihre Online-Hilfe bzw. auf sonstige Beschreibungen:

- `stack()` stapelt Spalten oder vektorielle Komponenten eines Objektes zu einem neuen Vektor übereinander und generiert einen Faktor, der die Herkunftsspalte oder -komponente eines jeden Elementes des neuen Vektors angibt. `unstack()` kehrt die Operation um und „entstapelt" einen solchen Vektor entsprechend (siehe die Online-Hilfe).

- `reshape()` ermöglicht die Transformation von (auch komplexeren) Data Frames aus dem sogenannten "wide"-Format (bei dem – an derselben Untersuchungseinheit erhobene – Messwiederholungen in separaten Spalten ein und derselben Zeile gespeichert sind) ins "long"-Format (bei dem jene Messwiederholungen in einer Spalte, aber auf verschiedene Zeilen verteilt sind) und umgekehrt. Ist z. B. für die Umformung von Data Frames mit Longitudinaldaten geeignet. (Umfangreiche Details sind in der Online-Hilfe zu finden.)

- `merge()` erlaubt das Zusammensetzen von Data Frames mithilfe von Vereinigungsoperationen wie sie für Datenbanken verwendet werden (siehe die Online-Hilfe).

- Das Package `reshape` (beachte, dass hier nicht die Funktion `reshape()` gemeint ist!) stellt zwei Funktionen namens `melt()` und `cast()` zur Verfügung, durch die die Funktionalität von `tapply()` (vgl. §2.7.7), `by()`, `aggregate()` (für beide vgl. §2.10.6), `reshape()` und anderen in ein vereinheitlichtes Konzept zusammengefasst worden ist/sei. Siehe hierzu die ausführliche und beispielbewehrte Darstellung in [49, Wickham (2007)].

2.11 Abfrage und Konversion der Objektklasse sowie Abfrage von `NA`, `NaN`, `Inf` und `NULL`

Es gibt die Möglichkeit, Informationen über die Klasse eines Datenobjekts abzufragen. Dies wird durch die Funktion `class()` erreicht (wie in obigem Beispiel schon gesehen). Sie liefert die entsprechende Information für ihr Argument. Die Überprüfung, ob ein Objekt einer speziellen Klasse angehört, geht mit der Funktion `is( object, class)`. Ihr Argument `object` bekommt das zu prüfende Objekt und ihr Argument `class` den Namen (als Zeichenkette) der Klasse. Das Resultat ist `TRUE`, wenn das Objekt der genannten Klasse angehört, `FALSE` anderenfalls. Die Funktion `as( object, class)` konvertiert das Objekt `object` in eins der Klasse `class`.

Es folgt eine (unvollständige) Auswahl an Möglichkeiten für das Argument `class`, wie sie in `is()` und `as()` Anwendung finden können:

`"array"`	Arrays	`"list"`	Listen
`"character"`	Zeichenkettenobjekte	`"logical"`	Logische Objekte
`"complex"`	Komplexwertige Objekte	`"matrix"`	Matrixobjekte
`"function"`	Funktionen	`"name"`	Benannte Objekte
`"integer"`	Ganzzahlige Objekte	`"numeric"`	Numerische Objekte
		`"vector"`	Vektoren

Ausnahmen sind die Klassen `data.frame`, `factor` und `ordered`: Für eine Konversion dorthinein gibt es die Funktionen `as.data.frame()`, `as.factor()` und `as.ordered()`.

Die symbolischen Konstanten `NA`, `NaN`, `Inf` und `NULL` nehmen Sonderrollen in **R** ein:

- `NA` (Abkürzung für "not available") als Element eines Objektes repräsentiert einen „fehlenden" Wert an der Stelle dieses Elements.
- `NaN` (steht für "not a number") und repräsentiert Elemente die „numerisch nicht definiert" sind, weil sie das Resultat von Operationen wie 0/0 oder $\infty - \infty$ sind.
- `Inf` implementiert ∞ (= Unendlich) in **R**.
- `NULL` ist sozusagen das leere Objekt (Länge = 0).

Der Test, ob ein Objekt `NA` oder `NaN` enthält, wird mit der Funktion `is.na()` geklärt. Soll konkret nur auf `NaN` gecheckt werden, ist `is.nan()` zu verwenden. Wo sich in einem Vektor die Einträge `Inf` oder `-Inf` befinden, zeigt `is.infinite()`; mit `is.finite()` wird Endlichkeit geprüft. Ob ein Objekt das `NULL`-Objekt ist, klärt die Funktion `is.null()`.

Beachte: In einem `character`-Vektor ist der "missing value" `NA` verschieden von der Zeichenkette `"NA"`, die aus den zwei Buchstaben „N" und „A" besteht.

Ein paar Anwendungsbeispiele für und Falltüren in obige/n Konzepte/n:

```
> a <- c( "1", "2", "3", "4");     class( a)
[1] "character"

> a + 10
Error in a + 10 : non-numeric argument to binary operator
> is( a, "numeric")
[1] FALSE

> a <- as( a, "numeric");     class( a);     a
[1] "numeric"
[1] 1 2 3 4

> as.numeric( factor( 1:5)) + 1
[1] 2 3 4 5 6
> as.numeric( factor( 11:15)) + 1   # Memo: Faktoren sind vom Modus numeric!
[1] 2 3 4 5 6

> class( cu.summary)
[1] "data.frame"
> is( cu.summary, "data.frame");     is( cu.summary, "list")
[1] TRUE
[1] FALSE

> x <- c( 2, -9, NA, 0);     class( x);     is.na( x)
[1] "numeric"
[1] FALSE FALSE  TRUE FALSE

> (y <- x/c( 2,0,2,0))
[1]    1 -Inf   NA  NaN
```

```
> is.na( y);     is.nan( y)
[1] FALSE FALSE  TRUE  TRUE
[1] FALSE FALSE FALSE  TRUE

> is.finite( y);     is.infinite( y)
[1]  TRUE FALSE FALSE FALSE
[1] FALSE  TRUE FALSE FALSE

> is.na( c( "A", NA, "NA"))
[1] FALSE  TRUE FALSE

> (xx <- as( x, "character"));     is.na( xx)
[1] "2"  "-9" NA   "0"
[1] FALSE FALSE  TRUE FALSE
```

Hinweis: Nützlich ist die Kombination der Funktionen `is.na()` und `which()` (siehe hierfür nochmal §2.4.2), um z. B. herauszufinden, an welchen Positionen eines Vektores oder einer Matrix ein Eintrag `NA` steht. Für die Anwendung auf Matrizen ist das `which()`-Argument `arr.ind` sinnvollerweise auf `TRUE` zu setzen (siehe auch die Online-Hilfe).

3 Import und Export von Daten bzw. ihre Ausgabe am Bildschirm

Üblicherweise wird man große Datensätze, die es darzustellen und zu analysieren gilt, aus externen Dateien in **R** einlesen, was Datenimport genannt wird. Umgekehrt ist es gelegentlich notwendig, **R**-Datenobjekte in eine Datei auszulagern oder sogar in einen speziellen Dateityp zu exportieren, um sie für andere Programme lesbar zu machen.

3.1 Datenimport aus einer Datei: `scan()`, `read.table()` und Co.

Zum Zweck des Datenimports aus einer Datei stehen verschieden leistungsfähige Funktionen zur Verfügung. Wir konzentrieren uns hier auf den Datenimport aus ASCII-Textdateien mit Hilfe der Funktionen `scan()` sowie `read.table()` und ihrer Verwandten. Hinsichtlich des Imports anderer Dateiformate verweisen wir auf das **R**-Manual "R Data Import/Export" (siehe z. B. die **R**-Online-Hilfe und das **R**-Paket `foreign`).

3.1.1 Die Funktion `scan()`

Mit Hilfe der Funktion `scan()` kann man aus einer ASCII-Datei Daten einlesen, die dort in einem Tabellenformat (= Zeilen-Spalten-Schema) vorliegen. Dabei stehen Optionen zur Verfügung, die steuern, wie die Datei zu lesen ist und wie die resultierende Datenstruktur in **R** auszusehen hat. Die Funktion `scan()` ist recht schnell, allerdings muss der Benutzer/die Benutzerin für eine korrekte Felder- und Datenmodi-Zuordnung sorgen. `scan()`'s unvollständige Syntax mit ihren Voreinstellungen lautet

```
scan( file = "", what = double(0), nmax = -1, sep = "", dec = ".", skip = 0,
      flush = FALSE)
```

Zur Bedeutung der aufgeführten Argumente:

- `file`: Erwartet in Hochkommata den Namen (nötigenfalls mit Pfadangabe) der Quelldatei, aus der die Daten gelesen werden sollen. (Es kann sogar eine vollständige URL sein!) Die Voreinstellung `""` liest die Daten von der Tastatur ein, wobei dieser Vorgang durch die Eingabe einer leeren Zeile oder von <Ctrl-D> (bzw. <Strg-D>) unter Unix oder <Ctrl-Z> (bzw. <Strg-Z>) unter Windows abgeschlossen wird.
- `what` dient als Muster, gemäß dessen die Daten zeilenweise einzulesen sind, wobei die Voreinstellung `double(0)` bedeutet, dass versucht wird, *alle* Daten als `numeric` (in „doppelter Genauigkeit") zu interpretieren. An Stelle von `double(0)` sind (u. a.) `logical(0)`, `numeric(0)`, `complex(0)` oder `character(0)` möglich, bzw. Beispiele vom jeweiligen Modus, also `TRUE`, `0`, `0i` oder `""`, was praktikabler, weil kürzer ist. `scan()` versucht dann, alle Daten in dem jeweiligen Modus einzulesen. Das Resultat von `scan()` ist ein Vektor des Modus' der eingelesenen Daten.
  Bekommt `what` eine Liste zugewiesen, wird angenommen, dass jede Zeile der Quelldatei ein Datensatz ist, wobei die Länge der `what`-Liste als die Zahl der Felder eines einzelnen Datensatzes interpretiert wird und jedes Feld von dem Modus ist, den die entsprechende Komponente in `what` hat. Das Resultat von `scan()` ist dann eine Liste, deren Komponenten Vektoren sind, und zwar jeweils des Modus' der entsprechenden Komponenten in `what`.
- `nmax` ist die Maximalzahl einzulesender Werte oder, falls `what` eine Liste ist, die Maximalzahl der einzulesenden Datensätze. Bei Weglassung oder negativem Wert wird bis zum Ende der Quelldatei gelesen.
- `sep` gibt in Hochkommata das Trennzeichen der Felder der Quelldatei an: `"\t"` für den Tabulator oder `"\n"` für *newline* (= Zeilenumbruch). Bei der Voreinstellung `""` trennt jede beliebige Menge an "white space" (= Leerraum) die Felder.

- `dec` bestimmt das in der Datei für den Dezimalpunkt verwendete Zeichen und ist auf `"."` voreingestellt.
- `skip` gibt die Zahl der Zeilen an, die am Beginn der Quelldatei vor dem Einlesen übersprungen werden sollen (wie beispielsweise Titel- oder Kommentarzeilen). Voreinstellung ist `skip = 0`, sodass ab der ersten Zeile gelesen wird.
- `flush = TRUE` veranlasst, dass jedes Mal nach dem Lesen des letzten in der `what`-Liste geforderten Feldes in einem Datensatz der Rest der Zeile ignoriert wird. Man kann so hinter diesem letzten Feld in der Quelldatei z. B. Kommentare erlauben, die von `scan()` nicht gelesen werden. Die Voreinstellung `flush = FALSE` sorgt dafür, dass jede Zeile vollständig gelesen wird.

(Für weitere Details siehe die Online-Hilfe.)

Die folgenden Beispiele sollen verdeutlichen, was mit `scan()` möglich ist. Dazu verwenden wir zwei ASCII-Textdateien namens `SMSA0` und `SMSAID0`, von denen hier jeweils ein Ausschnitt zu sehen ist (und mit denen wir uns noch öfter beschäftigen werden). Die Bedeutung der darin enthaltenen Daten ist auf Seite 63 etwas näher erläutert.

Zunächst ein Ausschnitt aus der Datei `SMSA0`. Darin sind die ersten vier Zeilen Titel- bzw. Leerzeilen und erst ab Zeile fünf stehen die eigentlichen Daten, deren Leerräume aus verschieden vielen Leerzeichen (“blanks”) bestehen:

```
Datensatz "SMSA" (Standardized Metropolitan Settlement Areas) aus
Neter, Wasserman, Kuttner: "Applied Linear Models".

ID   2    3    4    5    6     7     8    9      10    11     12
  1  1384 9387  78.1 12.3 25627 69678 50.1 4083.9 72100 709234 1
  2  4069 7031  44.0 10.0 15389 39699 62.0 3353.6 52737 499813 4
....
141   654  231  28.8  3.9   140  1296 55.1   66.9  1148  15884 3
```

Es folgt ein Ausschnitt aus der Datei `SMSAID0`. Darin beinhalten die Daten selbst Leerräume (nämlich die “blanks” in den Städtenamen und vor den Staatenabkürzungen) und die Datenfelder sind durch jeweils genau einen (unsichtbaren) Tabulator `\t` getrennt:

```
Identifikationscodierung (Spalte ID) des Datensatzes "SMSA" aus
Neter, Wasserman, Kuttner: "Applied Linear Models".
1    NEW YORK, NY         48  NASHVILLE, TN     95   NEWPORT NEWS, VA
2    LOS ANGELES, CA      49  HONOLULU, HI      96   PEORIA, IL
....
19   SAN DIEGO, CA        66  WILMINGTON, DE    113  COLORADO SPRINGS, CO
....
47   OKLAHOMA CITY, OK    94  LAS VEGAS, NV     141  FAYETTEVILLE, NC
```

Wir gehen im Folgenden davon aus, dass sich die Dateien `SMSA0` und `SMSAID0` in dem Verzeichnis befinden, in dem **R** gestartet wurde, sodass sich eine Pfadangabe erübrigt.

<table>
<tr><th colspan="2">Daten einlesen mit scan()</th></tr>
<tr><td><pre>
> (smsa <- scan("SMSA0", skip = 4))
Read 1692 items
   [1]   1.0   1384.0   9387.0
   [3]   78.1   12.3 25627.0
  ....
 [1690] 1148.0 15884.0   3.0
</pre></td><td>In der Datei <code>SMSA0</code> werden wegen <code>skip = 4</code> die ersten vier Zeilen ignoriert und der gesamte danach folgende Inhalt zeilenweise als <code>numeric</code>-Vektor (Voreinstellung) eingelesen, wobei jeglicher Leerraum (per Voreinstellung) als Trennzeichen fungiert und das Resultat (hier) als <code>smsa</code> gespeichert wird.</td></tr>
</table>

```
> scan( "SMSA0", nmax = 11, skip = 4)
Read 11 items
 [1]     1.0   1384.0    9387.0  78.1
 [5]    12.3  25627.0   69678.0  50.1
 [9]  4083.9  72100.0  709234.0
```

Wegen des Arguments `nmax = 11` werden (wg. `skip = 4` ab der fünften Zeile) lediglich die ersten 11 Felder eingelesen. (Ohne Zuweisung werden die Daten nicht gespeichert, sondern nur am **R**-Prompt ausgegeben.)

```
> scan( "SMSA0", what = list( ID = "",0,0,0,0,
+ 0,0,0,0,0,0,Code = ""), nmax = 2, skip = 4)
Read 2 records
$ID:
[1] "1" "2"

[[2]]:
[1] 1384 4069

[[3]]:
[1] 9387 7031

[[4]]:
[1] 78.1 44.0

[[5]]:
[1] 12.3 10.0

[[6]]:
[1] 25627 15389

[[7]]:
[1] 69678 39699

[[8]]:
[1] 50.1 62.0

[[9]]:
[1] 4083.9 3353.6

[[10]]:
[1] 72100 52737

[[11]]:
[1] 709234 499813

$Code:
[1] "1" "4"
```

Die Liste, die hier `what` zugewiesen wird, spezifiziert, dass jeder Datensatz aus 12 Feldern besteht und das erste Feld jeweils den Modus `character` hat, gefolgt von 10 `numeric`-Feldern und wiederum einem `character`-Feld. Die (wg. `skip = 4` ab der fünften Zeile) einzulesenden Felder der `nmax = 2` Datensätze (!) werden demnach so interpretiert, wie die Komponenten des `what`-Arguments beim zyklischen Durchlauf. Das Ergebnis ist eine Liste von Vektoren des Modus' der entsprechenden `what`-Komponente. Ihre Komponenten haben dabei die Namen, die ihnen im `what`-Argument (evtl.) gegeben wurden.

```
> scan( "SMSAID0", what = list( Nr1 = 0,
+ City1 = "", Nr2 = 0, City2 = "", Nr3 = 0,
+ City3 = ""), nmax = 2, sep = "\t", skip = 2)
Read 2 records
$Nr1
[1] 1 2

$City1
[1] "NEW YORK, NY"    "LOS ANGELES, CA"

$Nr2
[1] 48 49

$City2
[1] "NASHVILLE, TN" "HONOLULU, HI"

$Nr3
[1] 95 96

$City3:
[1] "NEWPORT NEWS, VA" "PEORIA, IL"
```

Hier werden in der Datei `SMSAID0` (wg. `skip = 2` ab der dritten Zeile) sechs Felder pro Datensatz erwartet, die abwechselnd den Modus `numeric` und `character` haben sowie durch jeweils genau einen Tabulator als Trennzeichen separiert sind (`sep = "\t"`). Es sollen `nmax = 2` Datensätze eingelesen werden und die Komponentennamen der Ergebnisliste lauten `Nr1`, `City1`, `Nr2`, `City2`, `Nr3` und `City3`. (Auch hier werden keine Daten gespeichert, sondern nur ausgegeben.)

3.1.2 Die Beispieldaten "SMSA"

Die von uns verwendeten SMSA-Daten stammen aus [40, Neter, Wasserman und Kuttner (1990)]. Hier die dort zu findenden Hintergrundinformationen und Beschreibungen. Zitat:

This data set provides information for 141 large Standard Metropolitan Statistical Areas (**SMSA**s) in the United States. A standard metropolitan statistical area includes a city (or cities) of specified population size which constitutes the central city and the county (or counties) in which it is located, as well as contiguous counties when the economic and social relationships between the central and contiguous counties meet specified criteria of metropolitan character and integration. An SMSA may have up to three central cities and may cross state lines.

Each line of the data set has an identification number and provides information on 11 other variables for a single SMSA. The information generally pertains to the years 1976 and 1977. The 12 variables are:

Variable Number	*Variable Name*	*Description*
1	Identification number	1 – 141
2	Land area	In square miles
3	Total population	Estimated 1977 population (in thousands)
4	Percent of population in central cities	Percent of 1976 SMSA population in central city or cities
5	Percent of population 65 or older	Percent of 1976 SMSA population 65 years old or older
6	Number of active physicians	Number of professionally active nonfederal physicians as of December 31, 1977
7	Number of hospital beds	Total number of beds, cribs, and bassinettes during 1977
8	Percent high school	Percent of adult population (persons 25 years old or older) who completed 12 or more years of school, according to the 1970 Census of the Population
9	Civilian labor force	Total number of persons in civilian labor force (person 16 years old or older classified as employed or unemployed) in 1977 (in thousands)
10	Total personal income	Total current income received in 1976 by residents of the SMSA from all sources, before deduction of income and other personal taxes but after deduction of personal contributions to social security and other social insurance programs (in millions of dollars)
11	Total serious crimes	Total number of serious crimes in 1977, including murder, rape, robbery, aggravated assault, burglary, larceny-theft, and motor vehicle theft, as reported by law enforcement agencies
12	Geographic region	Geographic region classification is that used by the U.S. Bureau of the Census, where: 1 = NE, 2 = NC, 3 = S, 4 = W

Data obtained from: U.S. Bureau of the Census, *State and Metropolitan Area Data Book, 1979* (a Statistical Abstract Supplement).

Zitat Ende.

3.1.3 Die Funktion `read.table()` und ihre Verwandten

Eine leistungsfähigere (aber etwas langsamere) Funktion, die eine automatische Datenmodi-Erkennung versucht und als Resultat einen Data Frame liefert, ist `read.table()`. Sie liest Daten aus einer ASCII-Textdatei, falls diese darin im Tabellenformat angelegt sind. Die unvollständige Syntax von `read.table()` mit ihren Voreinstellungen lautet:

```
read.table( file, header = FALSE, sep = "", dec = ".", row.names, col.names,
            as.is = FALSE, nrows = -1, skip = 0)
```

Zur Bedeutung der aufgeführten Argumente:

- `file`: Erwartet in Hochkommata den Namen (nötigenfalls mit Pfadangabe) der Quelldatei, aus der die Daten gelesen werden sollen. (Es kann sogar eine vollständige URL sein!) Jede Zeile der Quelldatei ergibt eine Zeile im resultierenden Data Frame.

- Ist `header = TRUE`, so wird versucht, die erste Zeile der Quelldatei für die Variablennamen des resultierenden Data Frames zu verwenden. Voreinstellung ist `FALSE`, aber wenn sich in der Kopfzeile (= erste Zeile) der Datei ein Feld weniger befindet als die restliche Datei Spalten hat (und somit die Einträge in der ersten Dateizeile als Variablennamen interpretiert werden können), wird `header` automatisch auf `TRUE` gesetzt.

- `sep` erhält das Zeichen, durch das die Datenfelder in der Quelldatei getrennt sind (siehe bei `scan()`, Seite 60; Voreinstellung: Jede beliebige Menge Leerraum).

- `dec` bestimmt das in der Datei für den Dezimalpunkt verwendete Zeichen und ist auf `"."` voreingestellt.

- `row.names` ist eine optionale Angabe für Zeilennamen. Fehlt sie und hat die Kopfzeile ein Feld weniger als die Spaltenzahl der restlichen Datei, so wird die erste Tabellenspalte für die Zeilennamen verwendet (sofern sie keine Duplikate in ihren Elementen enthält, denn ansonsten gibt es eine Fehlermeldung). Diese Spalte wird dann als Datenspalte entfernt. Anderenfalls, wenn `row.names` fehlt, werden Zeilennummern als Zeilennamen vergeben.
  Durch die Angabe eines `character`-Vektors (dessen Länge gleich der eingelesenen Zeilenzahl ist) für `row.names` können die Zeilen explizit benannt werden. Die Angabe einer einzelnen Zahl wird als Spaltennummer bzw. die einer Zeichenkette als Spaltenname interpretiert und die betreffende Spalte der Tabelle wird als Quelle für die Zeilennamen festgelet. Zeilennamen, egal wo sie herkommen, müssen eindeutig sein!

- `col.names` ist eine optionale Angabe für Variablennamen. Fehlt sie, so wird versucht, die Information in der Kopfzeile der Quelldatei für die Variablennamen zu nutzen (so, wie bei `header` beschrieben). Wenn dies nicht funktioniert, werden die Variablen mit den Namen `V1`, `V2` usw. (bis zur Nummer des letzten Feldes) versehen.
  Durch die Angabe eines `character`-Vektors (passender Länge) für `col.names` können die Variablen explizit benannt werden. Variablennamen, egal wo sie herkommen, müssen eindeutig sein!

- `as.is = FALSE` (Voreinstellung) bedeutet, dass alle Spalten, die nicht in `logical`, `numeric` oder `complex` konvertierbar sind, zu Faktoren werden. Ein `logical`-, `numeric`- oder `character`-Indexvektor für `as.is` gibt an, welche Spalten *nicht* in Faktoren umgewandelt werden, sondern `character` bleiben sollen. Beachte, dass sich dieser Indexvektor auf *alle* Spalten der Quelldatei bezieht, also auch auf die der Zeilennamen (falls vorhanden).

- `nrows` ist die Maximalzahl einzulesender Zeilen. Negative Werte führen zum Einlesen der gesamten Quelldatei. (Die Angabe eines Wertes, auch wenn er etwas größer ist als die

tatsächliche Zeilenzahl der Quelldatei, kann den Speicherplatzbedarf des Lesevorgangs reduzieren.)

- `skip` ist die am Beginn der Quelldatei zu überspringende Zeilenzahl (siehe bei `scan()`, Seite 61; Voreinstellung: `skip = 0`, sodass ab der ersten Zeile gelesen wird).

Für Anwendungsbeispiele mögen die Dateien `SMSA1`, `SMSA2`, `SMSA3` und `SMSAID` dienen, von denen unten jeweils ein Ausschnitt gezeigt ist. `SMSA1` bis `SMSA3` enthalten im Wesentlichen dieselben Daten; lediglich das Vorhandensein einer Überschriftszeile bzw. die Einträge in der letzten Spalte unterscheidet/n die Dateien. Ihre Spalten sind durch den (unsichtbaren) Tabulator getrennt. Die Datei `SMSAID` enthält bis auf die einleitenden Kommentarzeilen dieselben Informationen wie `SMSAID0` von Seite 61; die „Spalten“ sind auch hier durch einzelne (unsichtbare) Tabulatoren getrennt.

Die Datei SMSA1:

```
1       1384    9387    78.1    12.3    ....    72100   709234  1
2       4069    7031    44.0    10.0    ....    52737   499813  4
3       3719    7017    43.9    9.4     ....    54542   393162  2
....
141     654     231     28.8    3.9     ....    1148    15884   3
```

Die Datei SMSA2:

```
        LArea   TPop    CPop    OPop    ....    PIncome SCrimes GReg
1       1384    9387    78.1    12.3    ....    72100   709234  1
2       4069    7031    44.0    10.0    ....    52737   499813  4
3       3719    7017    43.9    9.4     ....    54542   393162  2
....
```

Die Datei SMSA3:

```
ID      LArea   TPop    CPop    OPop    ....    PIncome SCrimes GReg
1       1384    9387    78.1    12.3    ....    72100   709234  NE
2       4069    7031    44.0    10.0    ....    52737   499813  W
3       3719    7017    43.9    9.4     ....    54542   393162  NC
....
```

Die Datei SMSAID:

```
1    NEW YORK, NY          48  NASHVILLE, TN     95   NEWPORT NEWS, VA
2    LOS ANGELES, CA       49  HONOLULU, HI      96   PEORIA, IL
....
47   OKLAHOMA CITY, OK     94  LAS VEGAS, NV     141  FAYETTEVILLE, NC
```

Es folgen verschiedene Möglichkeiten, die Dateien `SMSA1`, `SMSA2`, `SMSA3` sowie `SMSAID` einzulesen. Dabei gehen wir davon aus, dass diese in dem Verzeichnis liegen, in dem **R** gestartet wurde, sodass sich eine Pfadangabe erübrigt.

`ASCII`-**Dateien einlesen mit** `read.table()`	

<pre>> read.table("SMSA1")
     V1   V2   V3   V4 .... V12
1   1 1384 9387 78.1   1
2   2 4069 7031 44.0   4
....</pre>
	`SMSA1` enthält Daten in Form einer Tabelle ohne Kopfzeile. Das Resultat von `read.table()` ist ein Data Frame mit Nummern als Zeilenbenennung und `V1` bis `V12` als Variablennamen. (Ohne Zuweisung werden die eingelesenen Daten nicht gespeichert, sondern nur am **R**-Prompt ausgegeben.)

`> read.table( "SMSA1", row.names = 1)`
`       V2   V3    V4 .... V12`
`1    1384 9387  78.1 ....   1`
`2    4069 7031  44.0 ....   4`
`....`
	Durch `row.names = ` n wird die n-te Spalte der Quelldatei zur Zeilenbenennung ausgewählt und (offenbar *nach* dem Einlesen) als Datenspalte entfernt (beachte die Variablennamen).

`> read.table( "SMSA1", row.names = 1,`
`+ col.names = LETTERS[ 1:12])`
`        B    C     D .... L`
`1    1384 9387  78.1 .... 1`
`2    4069 7031  44.0 .... 4`
`....`
	Mittels `col.names` werden die Spalten *vor* dem Einlesen explizit benannt. Zeilennamen werden dann der `row.names`-Spalte der Datei entnommen.

`> read.table( "SMSA2")`
`    LArea TPop  CPop .... GReg`
`1    1384 9387  78.1 ....    1`
`2    4069 7031  44.0 ....    4`
`....`
	`SMSA2` hat eine Kopfzeile mit einem Eintrag weniger als die Zeilen der restlichen Tabelle, weswegen ihre Einträge zu Variablennamen werden. Automatisch wird die erste Spalte der Quelldatei zur Zeilenbenennung ausgewählt und als Datenspalte entfernt.

`> (SMSA <- read.table( "SMSA3",`
`+ header = TRUE, row.names = "ID"))`
`    LArea TPop  CPop .... GReg`
`1    1384 9387  78.1 ....   NE`
`2    4069 7031  44.0 ....    W`
`....`
 	
`> sapply( SMSA, class)`
`    LArea      TPop      CPop      OPop`
`"integer" "integer" "numeric" "numeric"`
`    APhys     HBeds    HSGrad   CLForce`
`"integer" "integer" "numeric" "numeric"`
`  PIncome  SCrimes      GReg`
`"integer" "integer"  "factor"`
	`SMSA3` enthält in allen Zeilen gleich viele Einträge, weswegen durch `header = TRUE` die Verwendung der Kopfzeileneinträge als Variablennamen „erzwungen“ werden muss. Wegen `row.names = "ID"` ist die Spalte „ID“ der Quelldatei zur Zeilenbenennung ausgewählt und als Datenspalte entfernt geworden. Außerdem enthält die letzte Dateispalte nicht-numerische Einträge, sodass sie zu einem Faktor konvertiert wird, wie die Anwendung von `class()` zeigt.

Im folgenden Beispiel wird die ASCII-Datei `SMSAID` eingelesen, deren „Datenspalten“ durch den Tabulator getrennt sind (`sep = "\t"`). Dabei werden die Variablen des resultierenden Data Frames mittels `col.names` explizit benannt. Außerdem sollen die Spalten 2, 4 und 6 der Quelldatei, die dort vom Modus `character` sind, *nicht* zu Faktoren konvertiert werden (wie für `as.is` angegeben):

```
> (SMSAID <- read.table( "SMSAID", sep = "\t", col.names = c( "Nr1", "City1",
+ "Nr2", "City2", "Nr3", "City3"), as.is = c( 2,4,6)))
   Nr1              City1 Nr2            City2 Nr3              City3
1    1        NEW YORK, NY  48    NASHVILLE, TN  95     NEWPORT NEWS, VA
2    2    LOS ANGELES, CA  49     HONOLULU, HI  96           PEORIA, IL
....
47  47  OKLAHOMA CITY, OK  94    LAS VEGAS, NV 141     FAYETTEVILLE, NC

> sapply( SMSAID, class)
        Nr1       City1         Nr2       City2         Nr3       City3
  "integer" "character"   "integer" "character"   "integer" "character"
```

Hinweise: (Für Details siehe die Online-Hilfe.)

- Zu `read.table()` gibt es die vier „spezialisierte“ Varianten `read.csv()`, `read.csv2()`, `read.delim()` und `read.delim2()`, die genau wie `read.table()` funktonieren und lediglich andere Voreinstellungen haben:
  `read.csv()` ist für das Einlesen von “comma separated value”-Dateien (CSV-Dateien) voreingestellt und `read.csv2()` ebenso, wenn in Zahlen das Komma anstelle des Dezimalpunkts verwendet werden und gleichzeitig das Semikolon als Feldtrenner fungiert.
  Völlig analog wirken `read.delim()` und `read.delim2()`, außer dass sie als Feldtrenner den Tabulator erwarten.

  Beachte, dass in allen vier Fällen `header = TRUE` gesetzt ist (sowie `fill = TRUE` gilt und das Kommentarzeichen deaktiviert ist; zur Bedeutung dieses Sachverhalts siehe die Online-Hilfe).

- `read.fwf()` erlaubt das Einlesen von ASCII-Dateien, die im tabellarischen “**f**ixed **w**idth **f**ormat” arrangiert sind.

3.2 Datenausgabe am Bildschirm und ihre Formatierung: `print()`, `cat()` & Helferinnen

Für die Datenausgabe am Bildschirm stehen in **R** z. B. die Funktionen `print()` und `cat()` zur Verfügung.

- `print()`: Bisher bekannt ist, dass die Eingabe eines Objektnamens am **R**-Prompt den „Inhalt“ bzw. Wert des Objektes als Antwort liefert. Intern wird dazu automatisch die Funktion `print()` – genauer eine geeignete „Methode“ von `print()` – aufgerufen, die „weiß“, wie der Objektinhalt bzw. -wert für eine Bildschirmdarstellung zu formatieren ist, und zwar je nachdem, ob es ein Vektor oder eine Matrix welchen Modus’ auch immer ist, eine Liste oder ein Data Frame oder – was wir noch kennenlernen werden – z. B. eine Funktion oder das Ergebnis einer Funktion zur Durchführung eines Hypothesentests.

  Der explizite Aufruf von `print()` erlaubt i. d. R. die Modifikation gewisser Voreinstellungen der Ausgabe, wie z. B. die minimale Anzahl der gezeigten signifikanten Ziffern durch das `integer`-Argument `digits` (1 - 22) oder die *Nicht*-Verwendung von Anführungszeichen bei Zeichenketten mittels des `logical`-Arguments `quote = FALSE`.

  Notwendig ist die explizite Verwendung von `print()`, wenn aus dem Rumpf einer (benutzereigenen) Funktion oder aus einer `for`-Schleife heraus z. B. zu „Protokollzwecken“ eine Ausgabe an den Bildschirm erfolgen soll. (Details hierzu folgen in Kapitel 6.)

- `cat()` liefert eine viel rudimentärere und weniger formatierte Ausgabe der Werte der an sie übergebenen (auch mehreren) Objekte. Sie erlaubt dem/der Benutzer/in aber die eigenständigere Formatierung und außerdem die Ausgabe der Objektwerte in eine Datei, falls an `cat()`’s `character`-Argument `file` ein Dateiname übergeben wird. Existiert die Datei schon, wird sie entweder *ohne Warnung* überschrieben oder die aktuelle Ausgabe an ihren bisherigen Inhalt angehängt, wozu jedoch `cat()`’s `logical`-Argument `append` auf `TRUE` zu setzen ist.

  Per Voreinstellung fügt `cat()` an jedes ausgegebene Element ein Leerzeichen an, was durch ihr `character`-Argument `sep` beliebig geändert werden kann.

  Beachte: Sehr nützliche Sonderzeichen (“escape character”), die `cat()` „versteht“, sind (z. B.) der Tabulator `\t` und der Zeilenumbruch `\n`. Den “backslash” \ erhält man durch `\\`.

Beachte: Die Funktionen `format()`, `formatC()` und `prettyNum()` können sehr nützlich sein, wenn (hauptsächlich `numeric`-)Objekte für die Ausgabe „schön“ formatiert werden sollen.

Zu allen oben aufgeführten Funktionen ist – wie immer – eine (auch wiederholte) Konsultation der Online-Hilfe zu empfehlen.

3.3 Datenexport in eine Datei: `sink()`, `write()` und `write.table()`

Mit `sink()` kann man die Bildschirmausgabe „ein zu eins" solange in eine anzugebende Datei „umleiten" – also auch die Ausgabe von `print()` – bis ein erneuter `sink()`-Aufruf (ohne Argument) die Umleitung wieder aufhebt.
Für den Datenexport in eine Datei stehen ebenfalls verschiedene Funktionen zur Verfügung: `cat()` unter Verwendung ihres Argumentes `file`, wie bereits in Abschnitt 3.2 erwähnt, und `write()` als „Umkehrungen" von `scan()` sowie `write.table()` als „Umkehrung" der Funktion `read.table()`. (Für nähere Informationen zu all diesen Funktionen siehe die Online-Hilfe.)

Nur ein paar kurze Beispiele. Angenommen, wir haben

```
> alter
 [1] 35 39 53 14 26 68 40 56 68 52 19 23 27 67 43
> gewicht
 [1] 82 78 57 43 65 66 55 58 91 72 82 83 56 51 61
> rauchend
 [1] "L" "G" "X" "S" "G" "G" "X" "L" "S" "X" "X" "L" "X" "X" "S"
> m <- cbind( alter, gewicht)     # also eine (15x2)-Matrix
```

Dann kann der Export der obigen Vektoren und der Matrix `m` in Dateien wie folgt geschehen:

Umleiten der R-Bildschirmausgabe in eine Datei mit `sink()`

`> sink( "RauchTab");   table( rauchend);   sink()`
 	
Erzeugt, falls sie noch nicht existiert, die Datei `RauchTab` (in dem Verzeichnis, in dem **R** gestartet wurde) und öffnet sie zum Schreiben. Die Ausgaben *aller* folgenden Befehle – hier nur `table(rauchend)` – werden „eins zu eins" in diese Datei geschrieben, und zwar bis zum nächsten `sink()`-Befehl mit leerer Argumenteliste. Ab da geschieht wieder normale Bilschirmausgabe. (Voreinstellung von `sink()` ist, dass der ursprüngliche Inhalt der Zieldatei überschrieben wird. Mit dem Argument `append = TRUE` erreicht man, dass die Ausgaben am Zieldateiende angehängt werden.) Der Inhalt der (vorher leeren) Datei `RauchTab` ist nun:
`G L S X`
`3 3 3 6`

Daten mit `write()` in eine Datei ausgeben	

`> write( alter,`
`+ file = "Alter",`
`+ ncolumns = 5)`
	Schreibt den Vektor `alter` zeilenweise in die ASCII-Datei `Alter` (in dem Verzeichnis, worin **R** gestartet wurde), und zwar in der 5-spaltigen Form
	`35 39 53 14 26`
	`68 40 56 68 52`
	`19 23 27 67 43`.

`> write( rauchend,` `+ file = "Rauch")`	Der `character`-Vektor `rauchend` wird als eine Spalte in die ASCII-Datei `Rauch` geschrieben.

`> write( t( m),`
`+ file = "Matrix",`
`+ ncolumns = ncol( m))`
	Die (15×2)-Matrix `m` wird (nur so) als (15×2)-Matrix in die Datei `Matrix` geschrieben. Beachte die Notwendigkeit des Transponierens von `m`, um *zeilen*weise in die Zieldatei geschrieben zu werden, denn intern werden Matrizen *spalten*weise gespeichert und demzufolge auch so ausgelesen!

Daten mit `write.table()` in eine ASCII-Datei ausgeben

Aus

```
> cu.summary[ 1:3,]
                Price Country Reliability Mileage  Type
Acura Integra 4 11950   Japan Much better      NA Small
Dodge Colt 4     6851   Japan        <NA>      NA Small
Dodge Omni 4     6995     USA  Much worse      NA Small
```

wird durch

```
> write.table( cu.summary[ 1:3,], "cu.txt")
```

die ASCII-Datei `cu.txt` in dem Verzeichnis erzeugt, in dem **R** gerade läuft. Sie sieht dann wie folgt aus:

```
"Price" "Country" "Reliability" "Mileage" "Type"
"Acura Integra 4" 11950 "Japan" "Much better" NA "Small"
"Dodge Colt 4" 6851 "Japan" "NA" NA "Small"
"Dodge Omni 4" 6995 "USA" "Much worse" NA "Small"
```

`write.table()` wandelt ihr erstes Argument zunächst in einen Data Frame um (falls es noch keiner ist) und schreibt diesen dann zeilenweise in die angegebene Zieldatei. Dabei werden die Einträge einer jeden Zeile per Voreinstellung durch ein Leerzeichen (`" "`) getrennt. Beachte die vom Variablentyp abhängige, unterschiedliche Verwendung von Anführungszeichen im Zusammenhang mit NAs, wie z. B. beim Faktor `Reliability` und der `numeric`-Variablen `Mileage`. Mit Hilfe des Arguments `sep` kann das Trennzeichen für die Einträge einer jeden Zeile beliebig festgelegt werden, wie z. B. bei `sep = "\t"` der Tabulator verwendet wird.

Für sehr große Data Frames mit sehr vielen Variablen kann die Funktion `write.table()` recht langsam sein. Die Funktion `write.matrix()` im **R**-Paket `MASS` ist für große `numeric`-Matrizen oder Data Frames, die als solche darstellbar sind, effizienter; siehe ihre Online-Hilfe.

3.4 Datenausgabe in Dateien mit Formatierung in TEX, HTML oder im “Open-Document-Format” (ODF)

Auf den ersten Blick – und auch auf den zweiten – sind die von **R** gelieferten Ausgaben, seien es Datenstrukturen wie Data Frames oder Resultatelisten von Funktionen wie wir sie noch zuhauf kennenlernen werden, layouttechnisch wenig berauschend, was der diesbzgl. mangelnden Leistungsfähigkeit der **R**-Console geschuldet ist.

Allerdings gibt es sehr leistungsfähige Werkzeuge, **R**-Strukturen in LATEX- oder HTML-Code „übersetzen“ zu lassen, um diesen danach in entsprechende Dokumente einzubinden. Speziell für Objektdarstellungen in LATEX steht z. B. im **R**-Paket `Hmisc` die Funktion `latex()` zur Verfügung. Soll hingegen HTML-Code erzeugt werden, ist z. B. die Funktion `HTML()` des Pakets `R2HTML` verwendbar. Geht es im Wesentlichen „nur“ um die Darstellung von tabellen-ähnlichen **R**-Objekten, kann z. B. `xtable()` aus dem gleichnamigen Paket Ausgaben wahlweise in *beiden* Formaten liefern.

Für weitere Informationen zu obigem und zu dem mit diesem Thema verwandten, sehr interessanten Aspekt der (halb-)automatischen Reportgenerierung in TEX (mit Hilfe der Funktion `Sweave()`, die bereits in “base-**R**” vorhanden ist; siehe Online-Hilfe) oder im ODF (mit Hilfe von `odfWeave()` des genauso benannten **R**-Pakets) siehe auch den Task View “Reproducible Research” auf CRAN (`http://cran.r-project.org/` → Task Views → Reproducible Research).

Alles in allem ist aber zu warnen, dass das Einarbeiten in die oben erwähnten Werkzeuge eine gewisse Zeit in Anspruch nehmen kann.

4 Elementare explorative Grafiken

Wir geben einen Überblick über einige in **R** zur Verfügung stehende grafische Möglichkeiten, univariate oder bi- bzw. multivariate Datensätze gewissermaßen „zusammenfassend“ darzustellen. Die hierbei zum Einsatz kommenden Verfahren hängen nicht nur von der Dimensionalität, sondern auch vom Skalenniveau der Daten ab.

Die im Folgenden vorgestellten Funktionen erlauben dank ihrer Voreinstellungen in den meisten Anwendungsfällen ohne großen Aufwand die schnelle Erzeugung relativ guter und aussagefähiger Grafiken. Andererseits bieten alle Funktionen der Benutzerin und dem Benutzer viele weitere, zum Teil sehr spezielle Einstellungsmöglichkeiten für das Layout der Grafiken. Die Nutzung dieser Optionen kann dann jedoch zu ziemlich komplizierten Aufrufen führen, deren Diskussion hier zu weit ginge. In Kapitel 7 „Weiteres zur elementaren Grafik“ gehen wir diesbezüglich auf einige Aspekte näher ein, aber detaillierte Informationen zur Syntax der Funktionsaufrufe und genauen Bedeutung der im Einzelnen zur Verfügung stehenden Funktionsargumente sollten der Online-Hilfe entnommen werden.

4.1 Grafikausgabe am Bildschirm und in Dateien

Um eine grafische Ausgabe am Bildschirm oder in eine Datei zu ermöglichen, ist für den ersten Fall zunächst ein Grafikfenster und für den zweiten eine Grafikdatei zu öffnen. Jedes grafische Ausgabemedium, egal ob Bildschirm-Grafikfenster oder Grafikdatei, wird “device” genannt. Für die Verwendung dieser Devices dienen (unter anderem) die folgenden Befehle:

Öffnen und Schließen von Grafik-Devices:	
`> X11()` `> windows()`	`x11()`, `X11()` und `windows()` (letzteres nicht unter Unix) öffnet bei jedem Aufruf ein neues Grafikfenster. Das zuletzt geöffnete Device ist das jeweils aktuell *aktive*, in welches die Grafikausgabe erfolgt.
`> dev.list()`	Listet Nummern und Typen aller geöffneten Grafik-Devices auf.
`> dev.off()`	Schließt das zuletzt geöffnete Grafik-Device *ordnungsgemäß*.
`> graphics.off()`	Schließt alle geöffneten Grafik-Devices auf einen Schlag.
`> postscript( file)` .... (Grafikbefehle)	Öffnet bei jedem Aufruf eine neue (EPS- (= “Encapsulated PostScript”-) kompatible) PostScript-Datei mit dem als Zeichenkette an `file` übergebenen Namen. Das zuletzt geöffnete Device ist das jeweils aktuelle, in welches die Grafikausgabe erfolgt.
`> dev.off()`	Schließt das zuletzt geöffnete Grafik-Device und *muss* bei einer PostScript-Datei unbedingt zur Fertigstellung verwendet werden, denn erst danach ist sie vollständig und korrekt interpretierbar.

`> pdf( file)`
.... (Grafikbefehle) ....
`> dev.off()`
	Völlig analog zu `postscript()`, aber eben für PDF-Grafikdateien.

Hinweise: Der Aufruf einer grafikproduzierenden Funktion, *ohne* dass vorher ein Grafik-Device explizit geöffnet wurde, aktiviert automatisch ein Grafik*fenster*, sodass ein `x11()`, `X11()` oder `windows()` für ein erstes Grafik*fenster* nicht nötig ist.
Die Funktionen `postscript()` und `pdf()` haben eine Vielzahl weiterer Argumente, die insbesondere dann Verwendung finden (können), wenn beabsichtigt ist, die Grafikdateien später z. B. in LaTeX-Dokumente einzubinden; wir verweisen hierfür auf die Online-Hilfe. Für einen Überblick über alle derzeit in **R** verfügbaren Formate grafischer Ausgabe ist `?Devices` hilfreich.

4.2 Explorative Grafiken für univariate Daten

In diesem Abschnitt listen wir einige Funktionen auf, die zur Darstellung und explorativen Analyse *univariater* Datensätze verwendet werden können. Zunächst geschieht dies für **(endlich)**

diskrete oder **nominal-** bzw. **ordinalskalierte Daten**, wo es im Wesentlichen um die Darstellung der beobachteten (absoluten oder relativen) Häufigkeiten der Werte geht. Dabei verwenden wir die Daten aus dem folgenden ...

Beispiel: In einer Studie zum Mundhöhlenkarzinom wurden von allen Patienten Daten über den bei ihnen aufgetretenen maximalen Tumordurchmesser in Millimeter (mm) und ihren „ECOG-Score“ erhoben. Letzterer ist ein qualitatives Maß auf der Ordinalskala 0, 1, 2, 3 und 4 für den allgemeinen physischen Leistungszustand eines Tumorpatienten (der von 0 bis 4 schlechter wird). Die Skala der Tumordurchmesser wurde in die vier Intervalle $(0, 20]$, $(20, 40]$, $(40, 60]$ und $(60, 140)$ eingeteilt.

Die rechts gezeigte `numeric`-Matrix `HKmat` enthält die gemeinsamen absoluten Häufigkeiten der gruppierten, maximalen Tumordurchmesser (pro Spalte) und der Realisierungen 0 bis 4 des ECOG-Scores (pro Zeile). Offenbar hat `HKmat` (durch sein `dimnames`-Attribut) selbsterklärend benannte Zeilen und Spalten.

```
> HKmat
      (0,20] (20,40] (40,60] (60,140)
ECOG0   1301    1976     699      124
ECOG1    173     348     189       59
ECOG2     69     157     104       34
ECOG3     16      27      18        7
ECOG4      5       6       4        2
```

Die Resultate der im Folgenden beschriebenen Funktionen zur grafischen Darstellung dieser Daten sind ab Seite 72 anhand von Beispiel-Plots zu bestaunen (hier “plot” (Engl.) = Diagramm).

Bemerkung: Die Verwendung deutscher Umlaute in der Textausgabe für Grafiken ist etwas komplizierter, wenn sie nicht auf der Tastatur vorkommen. In den folgenden Beispielen wird aus Demonstrationszwecken daher häufig Gebrauch von sogenannten „Escape-Sequenzen“ für die ASCII-Nummer (in Oktalsystemschreibweise) gemacht, um deutsche Umlaute in der Grafikausgabe zu generieren. Der Vollständigkeit halber listen wir die Escape-Sequenzen der deutschen Sonderzeichen in der folgenden Tabelle auf:

Sonderzeichen	ä	Ä	ö	Ö	ü	Ü	ß
Oktale Escape-Sequenz	`\344`	`\304`	`\366`	`\326`	`\374`	`\334`	`\337`

Hinweis: Dateien aus einer anderen „Locale“ (d. h. regional- und sprachspezifischen Einstellung) als der eigenen können auf einem „fremden“ Zeichensatz basieren, also eine andere Enkodierung (= “encoding”) für `character`-Vektoren besitzen. Für die Konversion von Enkodierungen kann die Information unter `?Encodings` und die Funktion `iconv()` hilfreich und nützlich sein.

4.2.1 Die Häufigkeitsverteilung diskreter Daten: Balken-, Flächen- und Kreisdiagramme sowie Dot Charts

```
> barplot( HKmat[, 1],
+ main = "S\344ulendiagramm
+ f\374r gMAXTD =(0,20]")
```

(Memo: `\374` ≙ `ä`, `\374` ≙ `ü`*)*

`barplot()` mit einem Vektor als erstem Argument erzeugt ein **Balken-** (auch genannt **Säulen-**)**Diagramm** mit Balkenhöhen, die diesem Vektor (hier: `HKmat[, 1]`) entnommen werden. Die Balkenbeschriftung geschieht automatisch über das `names`-Attribut des Vektors, falls vorhanden (oder explizit mit dem nicht gezeigten Argument `names.arg`). Die Plot-Überschrift wird durch `main` festgelegt. (Siehe im Bild auf Seite 72 oben links.)

```
> barplot( HKmat[, 1],
+ col = rainbow( 5),
+ border = NA, ....)
```

`col` erlaubt die Vergabe von Farben für die Balken (wobei hier durch `rainbow( 5)` fünf Farben aus dem Spektrum des Regenbogens generiert werden; siehe Online-Hilfe), `border = NA` schaltet die Balkenumrandung aus. (Im Bild auf Seite 72 oben rechts. Details zu derartigen und weiteren, allgemeinen Grafik-Argumenten folgen in Kapitel 7.)

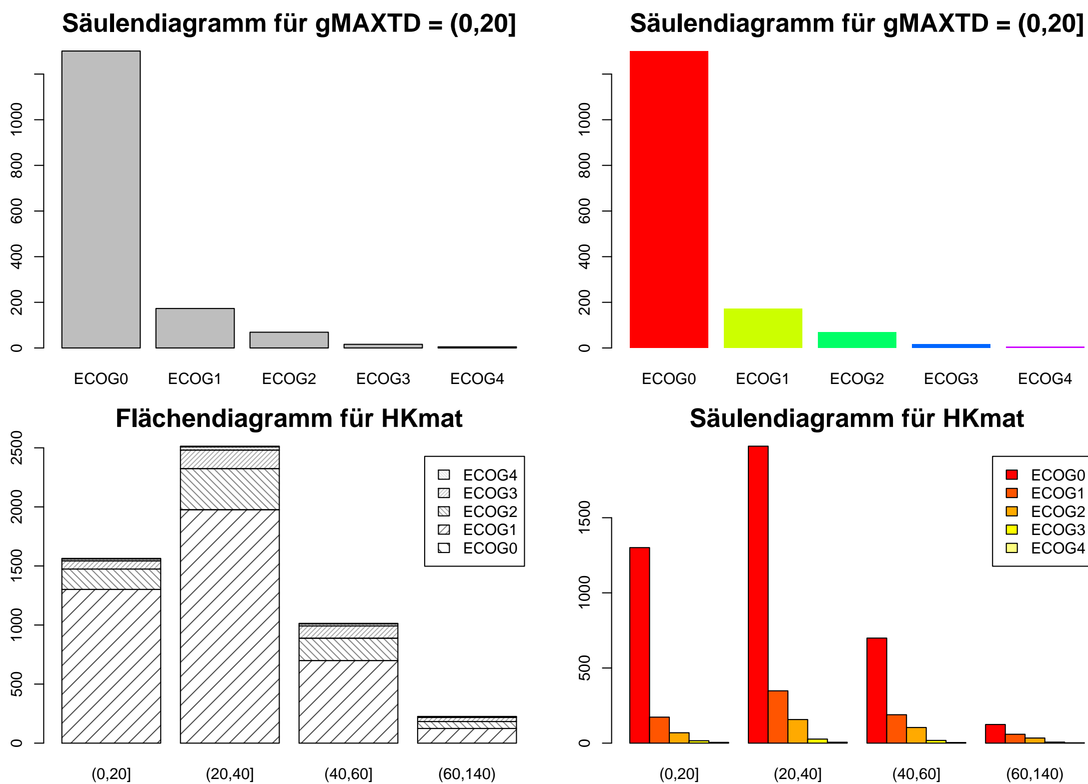
```
> barplot( HKmat,
+ angle = c( 45, 135),
+ density = (1:5)*10,
+ legend.text = TRUE,
+ main = "Flächendiagramm
+ für HKmat")
```

Eine Matrix als erstes Argument liefert für *jede Spalte* ein **Flächen-Diagramm**: Darin ist jeder Balken gemäß der Werte in der jeweiligen Matrixspalte vertikal in Segmente unterteilt. Deren Schraffur-Winkel und -Dichten werden durch `angle` bzw. `density` bestimmt. Balkenbeschriftung: Matrix*spalten*namen (oder `names.arg`). Wegen `legend.text = TRUE` wird aus den Matrix*zeilen*namen eine entsprechende Legende erzeugt (auch explizit angebbar). Überschrift: `main`. (Siehe im Bild unten links.)

```
> barplot( HKmat,
+ beside = TRUE,
+ col = heat.colors( 5),
+ legend.text = TRUE, ....)
```

`beside = TRUE` lässt für eine Matrix nebeneinander stehende Balken entstehen, `col` steuert (zyklisch) die Farben innerhalb dieser Balkengruppen, `legend.text = TRUE` führt zur Legende. (Im Bild unten rechts.)

Hinweis: Die Online-Hilfe zu `barplot()` zählt weitere ihrer Argumente auf, u. a. das für Aussehen und Platzierung der Legende.




```
> dotchart( HKmat[, 1],
+ main = "Dot Chart für
+ gMAXTD = (0,20]")
```

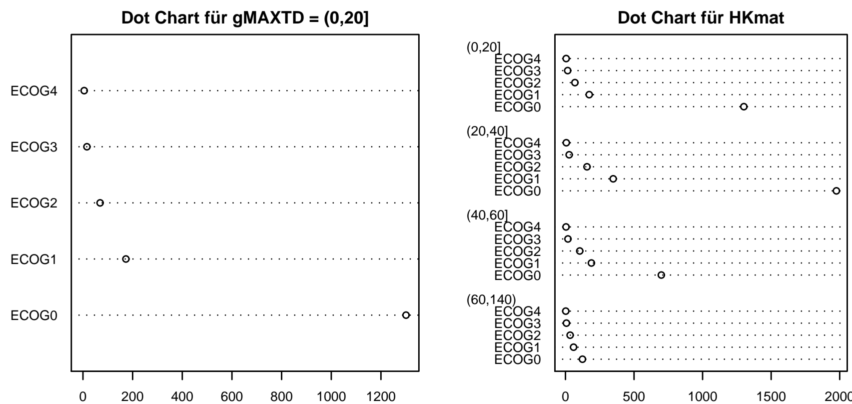
`dotchart()` erzeugt zu einem Vektor für die Werte seiner Elemente einen **"Dot Chart"**. (Dies ist eine im Uhrzeigersinn um 90 Grad gedrehte und auf das absolut Nötigste reduzierte Art von Balkendiagramm.) Die „zeilenweise" Chart-Beschriftung geschieht automatisch über das `names`-Attribut des Vektors (oder explizit mit dem Argument `labels`). Überschrift: `main`. (Bild auf Seite 73 oben links.)

```
> dotchart( HKmat,
+ main = "Dot Chart für
+ HKmat")
```

Aus einer Matrix wird für jede Spalte ein gruppierter Dot Chart angefertigt. Dessen gruppeninterne „Zeilen"-Beschriftung geschieht einheitlich durch die Matrix*zeilen*namen. Die Charts werden in ein gemeinsames Koordinatensystem eingezeichnet und durch die Matrix*spalten*namen beschriftet. Überschrift: `main`. (Bild auf Seite 73 oben rechts.)

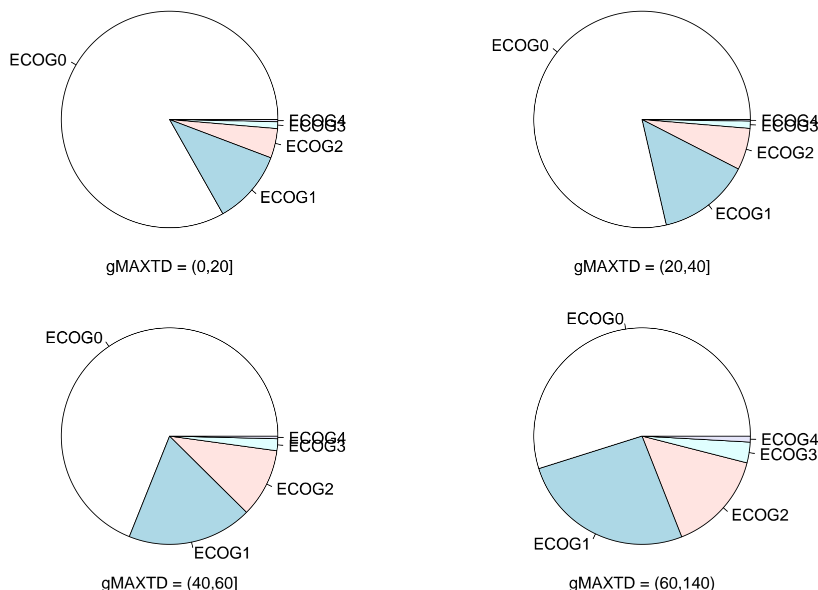
Hinweise:

- Für einen Vektor erlaubt das einen Faktor erwartende `dotchart()`-Argument `groups` die beliebige Gruppierung seiner Elemente gemäß des Faktors. Die Faktorlevels beschriften die Gruppen und mit dem weiteren `dotchart()`-Argument `labels` ließen sich die gruppeninternen Zeilen benennen. (Nicht gezeigt; siehe Online-Hilfe.)
- Die – eigentlich naheliegende – Übergabe des Resultates von `table()` (siehe §2.7.6) oder von `xtabs()` (siehe Online-Hilfe) führt im Falle einer *ein*dimensionalen Häufigkeitstabelle zu einer Warnmeldung, weil `dotchart()` einen numerischen Vektor (oder eine solche Matrix) erwartet, in den (bzw. die) ein `table`-Objekt erst noch konvertiert wird.




```
> pie( HKmat[, 1],
+ sub = paste( "gMAXTD =",
+  colnames( HKmat)[ 1]))
```

`pie()` erstellt zu einem Vektor (hier `HKmat[, 1]`) ein **Kreisdiagramm**, dessen Sektorenwinkel proportional zu den Werten der Vektorelemente sind. Die Einfärbung der Sektoren geschieht automatisch (oder explizit durch das Argument `col`) und ihre Benennung über das `names`-Attribut des Vektors (oder explizit mit dem Argument `labels`). (Mithilfe der Argumente `angle` und `density` können die Sektoren auch unterschiedlich schraffiert werden.) Einen Untertitel für den Plot liefert `sub` und `main` die Überschrift. (Siehe unten, Diagramm links oben. Die übrigen drei Diagramme wurden analog hergestellt, indem nacheinander die anderen Spalten von `HKmat` indiziert wurden.)



Bemerkung: Kreisdiagramme sind zur Informationsdarstellung oft weniger gut geeignet als Balkendiagramme oder Dot Charts, weswegen letztere vorzuziehen sind ([16, Cleveland (1985)]).

4.2.2 Die Verteilung metrischer Daten: Histogramme, Kern-Dichteschätzer, “stem-and-leaf”-Diagramme, Boxplots, “strip charts” und Q-Q-Plots

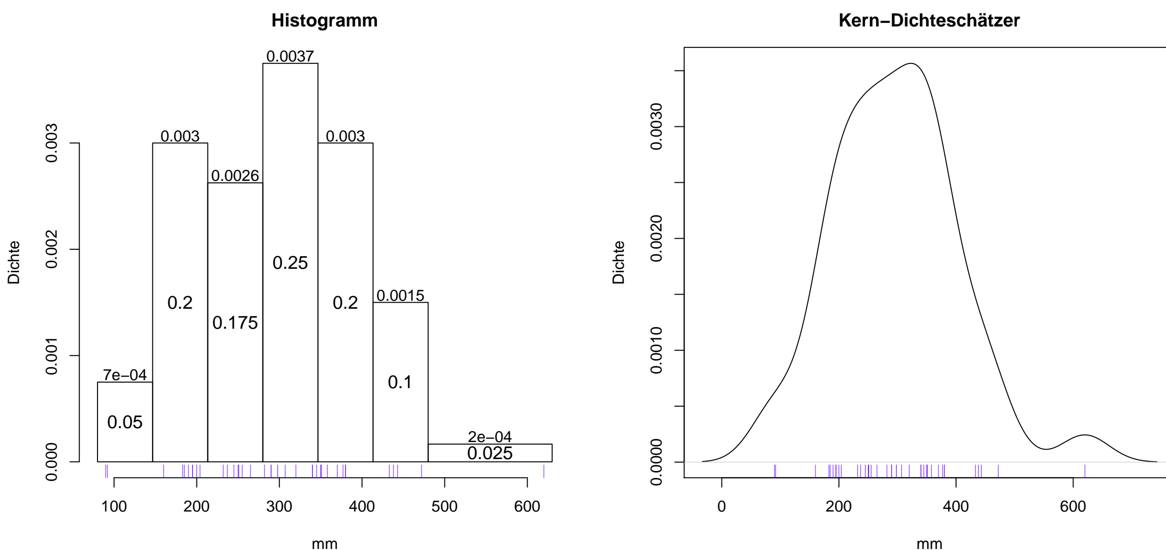
Für die im Folgenden verwendeten Beispieldaten

```
> X1 <- c( 298, 345, 183, 340, 350, 380, 190, 351, 443, 290, 160, 298, 185,
+          370, 245, 377,  92, 380, 195, 265, 232, 358, 290, 307, 433, 255,
+          320, 237, 472, 438, 250, 340, 204, 282, 195, 251,  90, 200, 350, 620)
```

findet sich in §4.3.2 eine Kurzbeschreibung.

`> brks <- c( seq( 80, 480,`
`+              length = 7), 630),`
`> hist( X1, freq = FALSE,`
`+ breaks = brks,`
`+ main = "Histogramm",`
`+ xlab = "mm", ylab = "Dichte")`
	`hist()` erzeugt zu einem Vektor (hier `X1`) ein wegen `freq = FALSE` auf 1 flächennormiertes **Histogramm** für die Werte in diesem Vektor. (Bei `freq = TRUE` sind die Balkenhöhen absolute Klassenhäufigkeiten.) Die Klasseneinteilung der x-Achse erfolgt gemäß der Angabe von Klassengrenzen für `breaks`; wenn sie fehlt, werden aus den Daten automatisch Grenzen bestimmt. Überschrift: `main`; Achsenbeschriftung: `xlab` und `ylab`. (Bild links)

`> plot( density( X1),`
`+ main = "Kern-Dichteschätzer",`
`+ xlab = "mm", ylab = "Dichte")`
	`density()` berechnet einen sogenannten (nicht-parametrischen) Kern-Schätzer für die Dichte der den Daten zugrundeliegenden Verteilung (und ist quasi ein „geglättetes“ Histogramm, wobei der Grad der Glättung anhand eines gewissen (Optimalitäts-)Kriteriums datenabhängig gewählt wird). Die Zeichnung des Graphen der geschätzten Dichte muss explizit durch `plot()` angefordert werden (Bild rechts). (Weitere wenige Details in Abschnitt 6.1 oder nochmal in 8.3.)



Hinweis: Das gezeigte Histogramm wurde durch folgende Befehle mit den zusätzlichen (blauen) Markierungen der Rohdatenwerte sowie den Zusatzinformationen zu Säulenhöhen und -flächen versehen. (Der Plot des Kerndichteschätzer wurde nur durch `rug()` ergänzt.)

```
> histwerte <- hist( X1, ....(wie oben))
> rug( X1, col = "blue")
> with( histwerte, {
+  text( x = mids, y = density/2, cex = 1.2, labels = round( density * diff( brks), 4))
+  text( x = mids, y = density, pos = 3, offset = 0.1, labels = round( density, 4))
+  })
```

Zum Rückgabewert von `hist()` siehe ihre Online-Hilfe. `with()` wurde kurz schon in §2.10.7 auf S. 56 angesprochen und auf `text()` gehen wir kurz in Abschnitt 7.2 ein bzw. verweisen auf ihre Online-Hilfe.

```
> stem( X1)
 The decimal point is 2 digit(s)
 to the right of the |
  0 | 99
  1 | 6899
  2 | 00003455567899
  3 | 001244555567888
  4 | 3447
  5 |
  6 | 2

> stem( X1, scale = 2)
 The decimal point is 2 digit(s)
 to the right of the |
  0 | 99
  1 |
  1 | 6899
  2 | 000034
  2 | 55567899
  3 | 001244
  3 | 555567888
  4 | 344
  4 | 7
  5 |
  5 |
  6 | 2
```

Ein **"stem-and-leaf"-Diagramm** ist eine halbgrafische Darstellung klassierter Häufigkeiten der Werte in einem Vektor, ähnlich der Art eines Histogramms. Allerdings gehen dabei die Werte selbst nicht „verloren" (im Gegensatz zum Histogramm), sondern werden so dargestellt, dass sie bis auf Rundung rekonstruierbar sind. (Siehe z. B. [45, Tukey (1977)].) Dazu werden die Daten aufsteigend sortiert und die führenden Stellen der Werte zur Klasseneinteilung verwendet. Sie liefert den Stamm ("stem") des Diagramms, der durch den senkrechten Strich „|" angedeutet wird. Hier sind es Hunderterklassen, was aus "`The decimal point is 2 digit(s) to the right of the |`" folgt. Die nächste Stelle (in diesem Fall also die – gerundete – Zehnerstelle) der Daten bildet die Blätter ("leafs"), die rechts am Stamm „angeheftet" werden. Der Strich markiert also die Grenze zwischen Stamm und Blättern (hier zwischen Hundertern und Zehnern).

Das Argument `scale` erlaubt, die „Auflösung" des Wertebereichs einzustellen: Je größer sein Wert, desto mehr Klassen werden gebildet. (Dadurch wird auch die „Höhe" des Stamms gesteuert.)

Boxplots und "Strip Charts" dienen nicht nur der – mehr oder minder übersichtlich zusammenfassenden – grafischen Darstellung metrischer Daten, sondern auch der qualitativen Beurteilung von Verteilungsannahmen über ihren „Generierungsmechanismus". (Die auf der nächsten Seite folgenden Boxplots wurden hier zur Erläuterung zum Teil mit Zusatzinfomationen versehen.)

```
> x1 <- rnorm( 50, 3, 3)
> x2 <- rexp( 200, 1/3)
```

(`x1` und `x2` erhalten 50 bzw. 200 pseudo-zufällige $\mathcal{N}(3, 3^2)$- bzw. $\mathit{Exp}(1/3)$-verteilte, künstliche Beispieldaten. Für Details siehe Kapitel 5.)

```
> boxplot( x1)
```

Ein `numeric`-Vektor als erstes Argument liefert den Boxplot nur für seinen Inhalt. (Keine Grafik gezeigt.)

```
> boxplot( list( x1, x2),
+ names = c( "N(3,9)-Daten",
+ "Exp(1/3)-Daten"),
+ main = "Boxplots",
+ boxwex = 0.3)
```

`boxplot()` erzeugt für jede Komponente von `list( x1, x2)` einen **Boxplot** (siehe §4.2.3), in einem *gemeinsamen* Koordinatensystem nebeneinander angeordnet und durch die Zeichenketten in `names` benannt. Überschrift: `main`. Steuerung der relativen Breite der Boxen: `boxwex`. (Siehe im Bild auf Seite 76 links.)

```
> boxplot( split(
+ SMSA$SCrimes, SMSA$GReg))
```

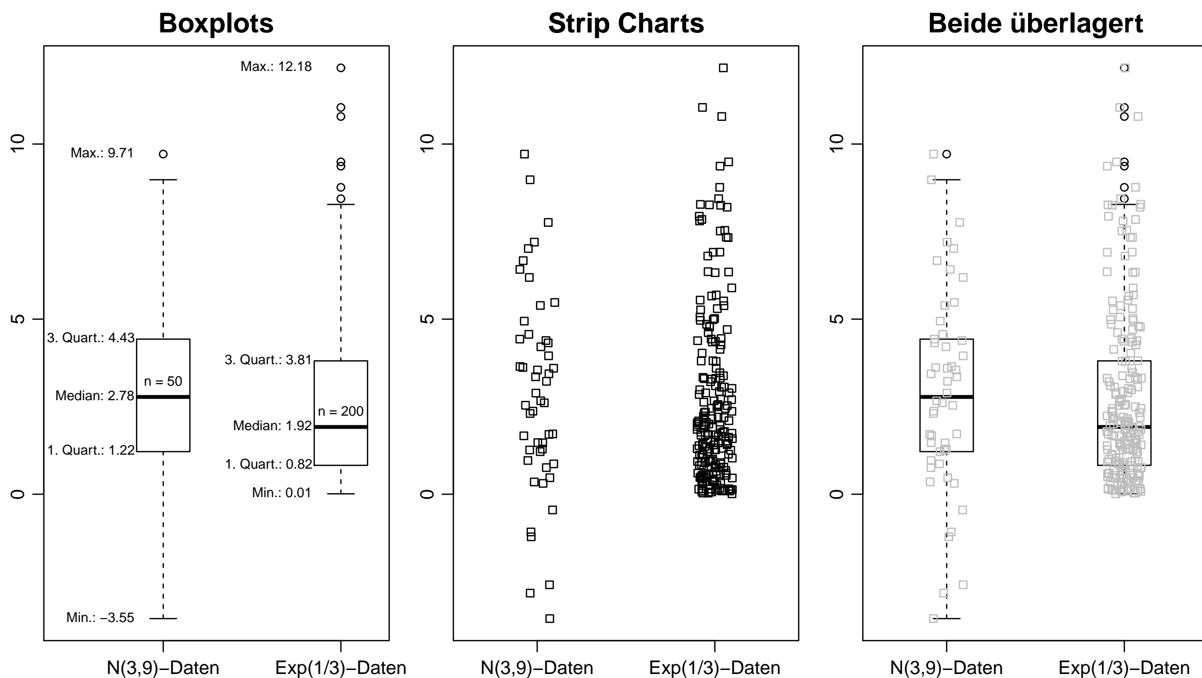
`split()` erzeugt eine für `boxplot()` geeignete Liste, indem sie ihr erstes Argument (`numeric`) gemäß des zweiten (`factor`) auf Listenkomponenten aufteilt. (Ohne Bild.)

```
> boxplot( SCrimes ~ GReg,
+ data = SMSA)
```

Das erste Argument von `boxplot()` darf auch eine „Formel" sein. Der Formeloperator `~` (Tilde) bedeutet, dass seine linke (hier: `numeric`-)Variable auf der Ordinate abgetragen wird, und zwar „aufgeteilt" entlang der Abszisse gemäß seiner rechten (hier: `factor`-)Variablen. Quelle der Variablen: Der Data Frame für `data`. (Kein Bild gezeigt.)

`> stripchart( list( x1, x2),`
`+ vertical = TRUE,`
`+ method = "jitter",`
`+ group.names = c( "N(3,9)-`
`+ Daten", "Exp(1/3)-Daten"),`
`+ ....)`
	`stripchart()` erzeugt für jede Komponente von `list( x1, x2)` ein hier wg. `vertical = TRUE` senkrechtes, eindimensionales Streudiagramm (**Strip Chart**) der Daten, die hier infolge von `method = "jitter"` zur besseren Unterscheidbarkeit horizontal „verwackelt" sind (im Bild in der Mitte). Das erste Argument kann auch ein Vektor oder eine Formel sein (siehe die Online-Hilfe).

Beachte: Überlagerung von Boxplot und Strip Chart mittels `add = TRUE` (und evtl. `at`) in `stripchart()` möglich (im Bild rechts). Dies ist empfehlenswert nur und gerade bei wenigen Daten.



Hinweis: Die gezeigte linke Boxplots-Grafik wurde (in etwa) durch die folgenden Befehle bzw. -ergänzungen mit den Zusatzinformationen versehen:

```
> xlist <- list( "N(3,9)-Daten" = x1, "Exp(1/3)-Daten" = x2)
> boxplot( xlist, main = "Boxplots", boxwex = 0.3, xlim = c( 0.4, 2.2))
> bp <- boxplot( xlist, plot = FALSE, range = 0)
> shift <- 0.15  # = boxwex/2
> with( bp, {
+       text( x = stats[ 3, ], labels = paste( "n =", n), pos = 3, cex = 0.7)
+       for( i in 1:ncol( stats)) {
+        text( x = rep( i - shift, nrow( stats)), y = stats[, i],
+              labels = paste( c( "Min.", "1. Quart.", "Median", "3. Quart.",
+                                 "Max."),
+                              round( stats[, i], 2), sep = ": "),
+              pos = 2, offset = 0.1, cex = 0.7)
+        } } )
```

Zu den Argumenten und dem Rückgabewert von `boxplot()` siehe ihre Online-Hilfe, auf `with()` wurde kurz schon auf Seite 56 in §2.10.7 hingewiesen, auf `text()` gehen wir kurz in Abschnitt 7.2 ein bzw. verweisen auf die Online-Hilfe und `for()` widmen wir uns in Abschnitt 6.6 bzw. empfehlen die Online-Hilfe via `?"for"` (beachte die hier notwendigen Hochkommata!).

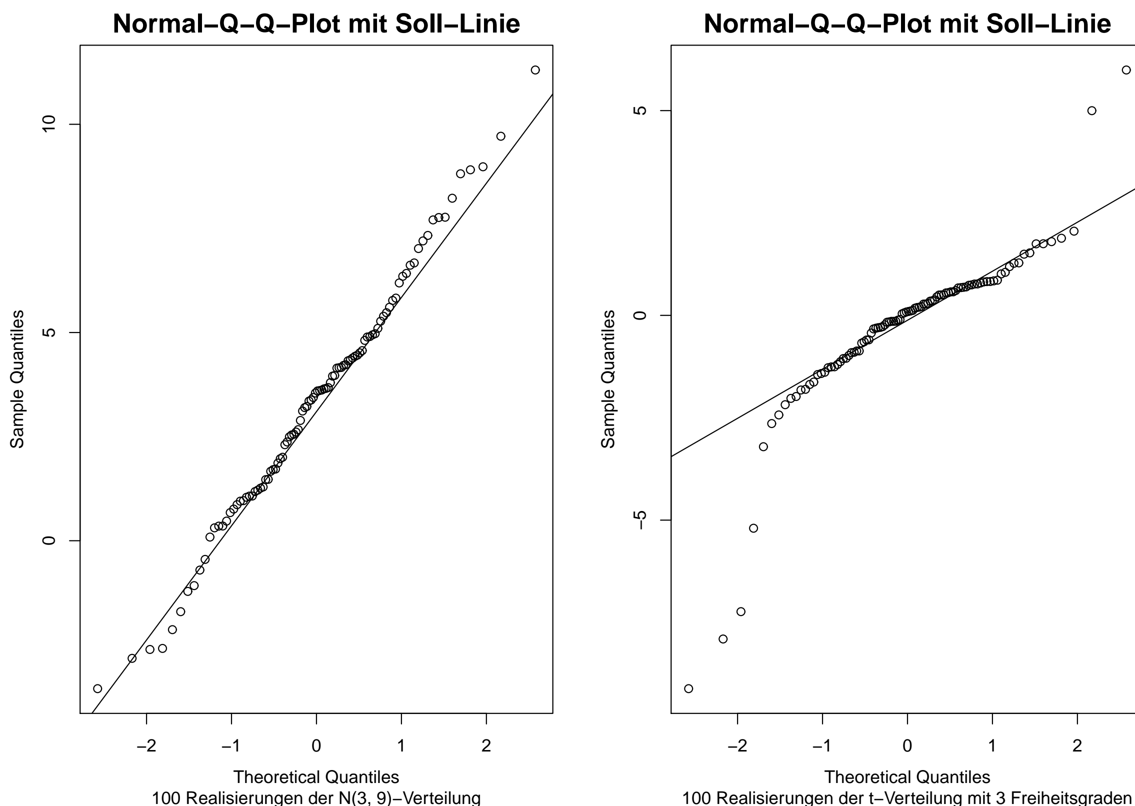
Normal-Q-Q-Plots wurden speziell dafür entwickelt, eine qualitative Beurteilung der Normalverteilungsannahme vorzunehmen:

`> x <- rnorm( 100, 3, 3)`	(`x` erhält 100 pseudo-zufällige $\mathcal{N}(3, 3^2)$-verteilte, künstliche Beispieldaten; Details folgen in Kapitel 5.)

`> qqnorm( x, main = "Normal-`
`+ Q-Q-Plot mit Soll-Linie",`
`+ sub = "100 Realisierungen`
`+ der N(3, 9)-Verteilung")`
	`qqnorm( x, ....)` liefert einen **Normal-Q-Q-Plot**, d. h. einen Plot der `x`-Ordnungsstatistiken gegen die entsprechenden Quantile der Standardnormalverteilung zur visuellen Prüfung der Normalverteiltheit der Werte in `x` (zur Theorie siehe §4.2.3). Überschrift und Untertitel: `main` und `sub`. (Siehe Grafik unten links.) Mit dem (nicht gezeigten) Argument `datax = TRUE` lässt sich erreichen, dass die Daten nicht auf der vertikalen, sondern auf der horizontalen Achse abgetragen werden.

`> qqline( x)`	`qqline()` zeichnet die „Soll-Linie“ ein, in deren Nähe die Punkte im Fall normalverteilter Daten theoretisch zu erwarten sind.

Die Grafik links unten zeigt einen Normal-Q-Q-Plot für 100 Realisierungen der $\mathcal{N}(3, 3^2)$-Verteilung und die rechte einen solchen für 100 Realisierungen der t-Verteilung mit 3 Freiheitsgraden, die im Vergleich zur Normalverteilung bekanntermaßen mehr Wahrscheinlichkeitsmasse in den Rändern hat. Dies schlägt sich im Normal-Q-Q-Plot nieder durch ein stärkeres „Ausfransen“ der Punktekette am linken Rand nach unten und am rechten Rand nach oben. (Zur Theorie siehe Punkt 2 im folgenden §4.2.3.)



Bemerkung: Im Package `car` wird eine Funktion `qqPlot()` zur Verfügung gestellt, die die Funktionalität von `qqnorm()` und `qqline()` erweitert, wie z. B. durch ein punktweises Konfidenzband um die Soll-Linie, wodurch die Beurteilung der Zulässigkeit der Normalverteilungsannahme etwas unterstützt wird.

4.2.3 Zur Theorie und Interpretation von Boxplots und Q-Q-Plots

1. Boxplots: Sie sind eine kompakte Darstellung der Verteilung eines metrischen Datensatzes mit Hervorhebung der wichtigen Kenngrößen Minimum, 1. Quartil, Median, 3. Quartil und Maximum. Sie erlauben die schnelle Beurteilung von Streuung und Symmetrie der Daten. Darüber hinaus werden potenzielle *Ausreißer* („relativ" zur Normalverteilung) in den Daten markiert, wobei ihre Identifikation gemäß des folgenden Kriteriums geschieht: Ist

$$\begin{aligned} X_i &> \text{3. Quartil} + 1.5 \cdot \text{Quartilsabstand} = X_{\frac{3n}{4}:n} + 1.5 \cdot \left(X_{\frac{3n}{4}:n} - X_{\frac{n}{4}:n} \right) \quad \text{oder} \\ X_i &< \text{1. Quartil} - 1.5 \cdot \text{Quartilsabstand} = X_{\frac{n}{4}:n} - 1.5 \cdot \left(X_{\frac{3n}{4}:n} - X_{\frac{n}{4}:n} \right), \end{aligned}$$

so gilt X_i als potenzieller Ausreißer und wird durch ein isoliertes Symbol (hier ein Kreis) markiert. Die senkrechten, gestrichelten Linien ("whiskers" genannt) erstrecken sich nach oben bis zum größten noch nicht als Ausreißer geltenden Datum und nach unten bis zum kleinsten noch nicht als Ausreißer geltenden Datum, die beide durch einen waagrechten Strich markiert sind.

Begründung: Die obige Ausreißer-Identifikation ist durch die folgende, im Normalverteilungsfall gültige Approximation motivierbar (vgl. (1) und (3) unten):

$$X_{\frac{3n}{4}:n} + 1.5 \cdot \left(X_{\frac{3n}{4}:n} - X_{\frac{n}{4}:n} \right) \approx 4\sigma \cdot \Phi^{-1}(3/4) + \mu \approx 2.7 \cdot \sigma + \mu$$

Da $\mathbb{P}(|\mathcal{N}(\mu, \sigma^2) - \mu| > 2.7 \cdot \sigma) \approx 0.007$, sollten also im Fall $X_i \sim \mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$ weniger als 1 % der Daten außerhalb der obigen Schranken liegen.

Zur Erinnerung hier auch die „$k\sigma$-Regel" der Normalverteilung:

$$\begin{array}{lll} k = \frac{2}{3}: & \mathbb{P}\left(\mu - \frac{2}{3}\sigma < X \le \mu + \frac{2}{3}\sigma\right) = 0.4950 \approx 0.5 & \\ k = 1: & \mathbb{P}\left(\mu - \sigma < X \le \mu + \sigma\right) = 0.6826 \approx \frac{2}{3} & \text{„}\sigma\text{-Intervall"} \\ k = 2: & \mathbb{P}(\mu - 2\sigma < X \le \mu + 2\sigma) = 0.9544 \approx 0.95 & \text{„}2\sigma\text{-Intervall"} \\ k = 3: & \mathbb{P}(\mu - 3\sigma < X \le \mu + 3\sigma) = 0.9973 \approx 0.997 & \text{„}3\sigma\text{-Intervall"} \end{array}$$

2. Q-Q-Plots: Der Satz von Glivenko-Cantelli besagt für unabhängige Zufallsvariablen $X_1, \ldots, X_n \sim F$ mit beliebiger Verteilungsfunktion F, dass ihre empirische Verteilungsfunktion F_n mit Wahrscheinlickeit 1 (also „fast sicher") gleichmäßig gegen F konvergiert. Kurz:

$$\sup_{q \in \mathbb{R}} |F_n(q) - F(q)| \longrightarrow 0 \text{ fast sicher für } n \to \infty$$

Daraus ist eine Aussage für die Konvergenz der empirischen Quantilfunktion F_n^{-1} herleitbar:

$$F_n^{-1}(p) \longrightarrow F^{-1}(p) \text{ fast sicher für } n \to \infty \text{ an jeder Stetigkeitsstelle } 0 < p < 1 \text{ von } F^{-1}$$

D. h., für hinreichend großes n ist $F_n^{-1}(p) \approx F^{-1}(p)$ an einem jeden solchen p. Und alldieweil wir für jede Ordnungsstatistik $X_{i:n}$ die Identität $F_n^{-1}(i/n) = X_{i:n}$ haben, muss gelten:

$$X_{i:n} \approx F^{-1}(i/n) \quad \text{für } i = 1, \ldots, n \text{ mit hinreichend großem } n \tag{1}$$

Die Approximation (1) verbessert sich, wenn man die Quantilfunktion etwas „shiftet":

$$\begin{aligned} X_{i:n} &\approx F^{-1}((i - 1/2)/n) \quad \text{für } n > 10 \quad \text{bzw.} \\ X_{i:n} &\approx F^{-1}((i - 3/8)/(n + 1/4)) \quad \text{für } n \le 10 \end{aligned} \tag{2}$$

Aufgrund dieser Approximationen sollten sich in einem Q-Q-Plot genannten Streudiagramm der – auch empirische Quantile heißenden – Ordnungsstatistiken $X_{i:n}$ gegen die theoretischen Quantile $F^{-1}((i - 1/2)/n)$ bzw. $F^{-1}((i - 3/8)/(n + 1/4))$ die Punkte in etwa entlang der Identitätslinie $y = x$ aufreihen. Damit haben wir ein Vehikel, um die Verteilungsannahme für die

X_i zu beurteilen: Sollte die „Punktekette" des Q-Q-Plots *nicht* in etwa an der Identitätslinie entlang verlaufen, so können die Daten nicht aus der Verteilung zu F stammen.

Im **Fall der Normalverteilung** ist $F = \Phi_{\mu,\sigma^2} \equiv \Phi\left(\frac{\cdot-\mu}{\sigma}\right)$, wobei Φ die Verteilungsfunktion der Standardnormalverteilung ist, μ der Erwartungswert und σ^2 die Varianz. Aus $\Phi_{\mu,\sigma^2}(x) = \Phi\left(\frac{x-\mu}{\sigma}\right)$ folgt

$$\Phi^{-1}_{\mu,\sigma^2}(u) = \sigma\ \Phi^{-1}(u) + \mu, \tag{3}$$

sodass unter X_i i.i.d. $\sim \mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$ für die Ordnungsstatistiken $X_{1:n}, \ldots, X_{n:n}$ gelten muss:

$$\begin{aligned} X_{i:n} &\approx \sigma\ \Phi^{-1}\left((i-0.5)/n\right) + \mu \quad \text{für } n > 10 \qquad \text{bzw.} \\ X_{i:n} &\approx \sigma\ \Phi^{-1}\left((i-3/8)/(n+1/4)\right) + \mu \quad \text{für } n \leq 10 \end{aligned} \tag{4}$$

Offenbar stehen diese empirischen Quantile $X_{i:n}$ aus einer beliebigen Normalverteilung in einer approximativ *linearen* Beziehung zu den theoretischen Quantilen $\Phi^{-1}((i-0.5)/n)$ bzw. $\Phi^{-1}((i-3/8)/(n+1/4))$ der Standardnormalverteilung, wobei Steigung und „y-Achsenabschnitt" dieser Beziehung gerade σ bzw. μ sind. In einem Streudiagramm dieser Quantile, das Normal-Q-Q-Plot genannt und durch die Funktion `qqnorm()` geliefert wird, sollte die resultierende Punktekette demnach einen approximativ linearen Verlauf zeigen. (Dabei ist irrelevant, wo und wie steil diese Punktekette verläuft, denn die Zulässigkeit statistischer Verfahren hängt oft nur davon ab, dass die Daten überhaupt aus einer Normalverteilung stammen.)

Fazit: Zeigt sich im Normal-Q-Q-Plot *kein* approximativ linearer Verlauf, so ist die Normalverteilungsannahme für die X_i *nicht* zulässig.

Ergänzung: Der Erwartungswert μ und die Standardabweichung σ sind in der Praxis – auch unter der Normalverteilungsannahme – in der Regel unbekannt, lassen sich aber durch das arithmetische Mittel $\hat{\mu}$ und die Stichprobenstandardabweichung $\hat{\sigma}$ konsistent schätzen. Die Soll-Linie $y(x) = \sigma\ x+\mu$ für den Normal-Q-Q-Plot der $X_{i:n}$ gegen $\Phi^{-1}((i-0.5)/n)$ oder $\Phi^{-1}((i-3/8)/(n+1/4))$ *könnte* also durch $y(x) = \hat{\sigma}\ x + \hat{\mu}$ approximiert und zur Beurteilung des linearen Verlaufs der Punktekette als Referenz eingezeichnet werden, was jedoch *nicht* geschieht. Stattdessen wird aus Gründen der Robustheit (durch die Funktion `qqline()`) diejenige Gerade eingezeichnet, die durch die ersten und dritten empirischen und theoretischen Quartile verläuft, also durch die Punkte $(\Phi^{-1}(1/4), X_{\frac{n}{4}:n})$ und $(\Phi^{-1}(3/4), X_{\frac{3n}{4}:n})$. Sie hat die Gleichung

$$y(x) = \frac{X_{\frac{3n}{4}:n} - X_{\frac{n}{4}:n}}{\Phi^{-1}(3/4) - \Phi^{-1}(1/4)}\ x + \frac{X_{\frac{3n}{4}:n} + X_{\frac{n}{4}:n}}{2}$$

Was hat diese robuste Gerade mit der eigentlichen, linearen Beziehung zu tun? Antwort(en):

1. Für symmetrische Verteilungen ist das arithmetische Mittel von erstem und zweitem empirischen Quartil ein guter Schätzer des Medians, der im Normalverteilungsfall gleich dem Erwartungswert μ ist. Also schätzt der y-Achsenabschnitt dieser robusten Geraden das μ.

2. Der empirische Quartilsabstand $X_{\frac{3n}{4}:n} - X_{\frac{n}{4}:n}$ ist ein Schätzer für $F^{-1}(3/4) - F^{-1}(1/4)$, wofür im Normalverteilungsfall gemäß (3) gilt: $F^{-1}(3/4) - F^{-1}(1/4) = \sigma\ (\Phi^{-1}(3/4) - \Phi^{-1}(1/4))$. Damit schätzt hier die Steigung dieser robusten Geraden das σ.

Bemerkungen:

- Als die „Bibel" der explorativen Datenanalyse gilt [45, Tukey (1977)]. Eine Einführung in die grafische Datenanalyse geben auch [14, Chambers et al. (1983)]. In beiden Referenzen werden auch die obigen Verfahren beschrieben.
- Zum praktischen Sinn oder Unsinn eines statistischen Tests der Hypothese, dass Daten aus einer exakten Normalverteilung kommen, ist die Funktion `SnowsPenultimateNormalityTest()` des **R**-Paketes `TeachingDemos` und ihre Online-Hilfe eine humorvoll gehaltene Ermahnung. Auch lesenswert zu diesem Thema ist
`http://stackoverflow.com/questions/7781798/seeing-if-data-is-normally-distributed-in-r`

4.3 Explorative Grafiken für multivariate Daten

Für **multivariate Datensätze** ist die Darstellung aufwändiger und schwieriger (bis unmöglich). Die Häufigkeitstabelle eines zweidimensionalen, endlich-diskreten oder nominal- bzw. ordinalskalierten Datensatzes lässt sich noch durch ein multiples Balkendiagramm oder durch Mosaikplots veranschaulichen und die Verteilung von zwei- bzw. dreidimensionalen metrischskalierten Daten durch ein zwei- bzw. dreidimensionales Streudiagramm. Ab vier Dimensionen jedoch erlauben im metrischen Fall nur noch paarweise Streudiagramme aller bivariaten Kombinationen der Dimensionen der multivariaten Beobachtungsvektoren eine grafisch einigermaßen anschauliche Betrachtung; Häufigkeitstabellen multivariat nominal- bzw. ordinalskalierter Daten werden schnell völlig unübersichtlich.

4.3.1 Die Häufigkeitsverteilung bivariat diskreter Daten: Mosaikplots

Für bivariate endlich-diskrete oder nominal- bzw. ordinalskalierte Daten sind Mosaikplots eine mögliche Darstellung der Häufigkeitstabelle der Wertepaare (auch Kontingenztafel genannt). Als Beispiel verwenden wir wieder die bereits als absolute Häufigkeiten in der `numeric`-Matrix `HKmat` vorliegenden Mundhöhlenkarzinomdaten (vgl. S. 71):

```
> HKtab <- as.table( HKmat)
> rownames( HKtab) <- 0:4
> dimnames( HKtab)
[[1]]
[1] "0" "1" "2" "3" "4"
[[2]]
[1] "(0,20]"   "(20,40]"
[3] "(40,60]"  "(60,140)"
```

Zunächst wandelt `as.table()` das `matrix`-Objekt `HKmat` in ein `table`-Objekt um. (Sinnvollerweise erzeugt man solche Häufigkeitstabellen von vorneherein mit `table()`, wie wir es später in Abschnitt 9.6 öfter tun werden. Außerdem verkürzen wir die Zeilennamen, damit die grafische Ausgabe übersichtlicher wird.)

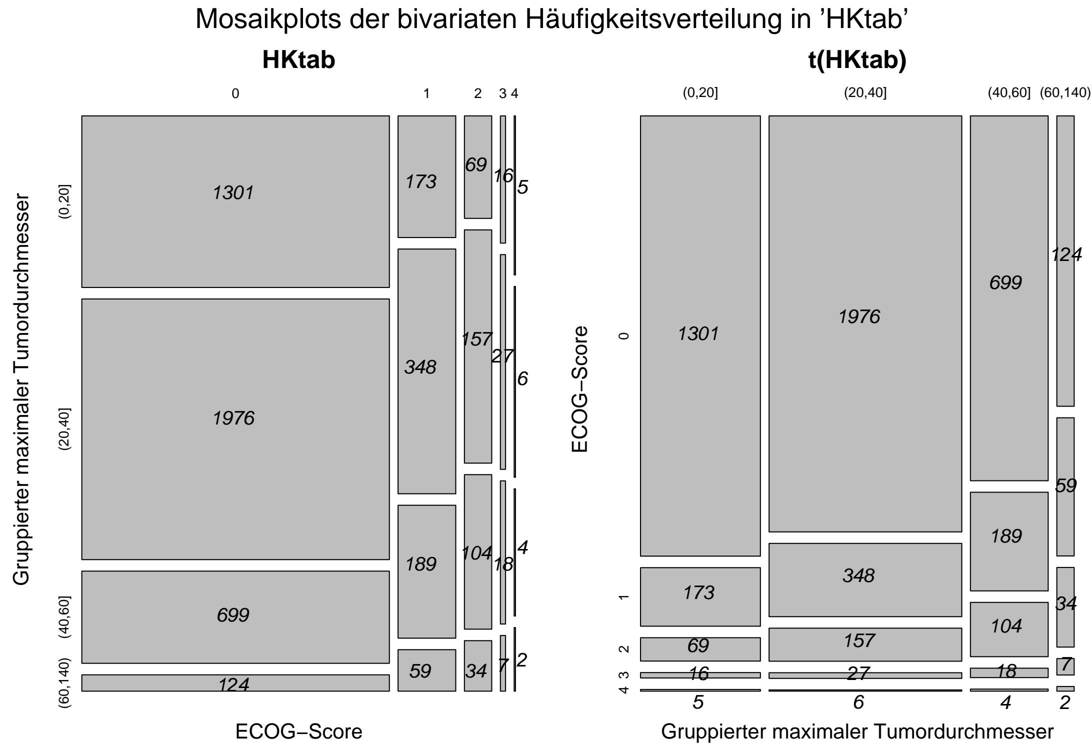
```
> mosaicplot( HKtab,
+ xlab = "ECOG-Score",
+ ylab = "Gruppierter
+ maximaler
+ Tumordurchmesser")
```

`mosaicplot()` erstellt für ein `table`-Objekt als erstem Argument (hier `HKtab`) den **Mosaikplot** auf der nächsten Seite oben links. Darin ist die Fläche von „Fliese“ (i, j) proportional zu H_{ij}/n, der relativen Häufigkeit in Tabellenzelle (i, j). Um dies zu erreichen, ist die Fliesenbreite proportional zu $H_{\cdot j}/n$, der relativen Spaltenhäufigkeit, und die Fliesenhöhe proportional zu $H_{ij}/H_{\cdot j}$, der Zellenhäufigkeit relativ zur Spaltenhäufigkeit.

```
> mosaicplot( t( HKtab)),
+ xlab = "Gruppierter
+ maximaler
+ Tumordurchmesser",
+ ylab = "ECOG-Score")
```

Daher ist die Darstellung nicht „transponierinvariant“, wie der Vergleich des Ergebnisses für `t( HKtab)` auf der nächsten Seite oben rechts mit der Grafik links daneben schnell klar macht.
Die „Zeilen“- und „Spalten“-Beschriftung wird dem `dimnames`-Attribut des `table`-Objekts entnommen, die „Achsen“-Beschriftung steuern `xlab` und `ylab` und die Überschrift ist mit `main` möglich. (Die gezeigten Grafiken haben eine eigene, nicht durch `mosaicplot()` generierte Zusatzbeschriftung durch Zellenhäufigkeiten.)

Bemerkung: Durch Mosaikplots lassen sich auch höher- als zweidimensionale Häufigkeitsverteilungen endlich-diskreter oder nominal- bzw. ordinalskalierter Datensätze darstellen. (Siehe z. B. [22, Friendly, M. (1994)]: *Mosaic displays for multi-way contingency tables.* Journal of the American Statistical Association, 89, pp. 190 - 200.)



4.3.2 Die Verteilung multivariat metrischer Daten: Streudiagramme

Als ein Beispiel für multivariate metrisch skalierte Daten dienen uns sechsdimensionale Messungen $(X_1, \ldots, X_6)$ an 40 Exemplaren des „Brillenschötchens“ (biscutella laevigata) (aus [44, Timischl (1990)], Seite 4), die in den jeweils 40-elementigen Vektoren `X1`, …, `X6` gespeichert seien. Diese Variablen enthalten die folgenden (namensgleichen) Merkmale, gefolgt von einem Ausschnitt aus der Tabelle der Rohdaten:

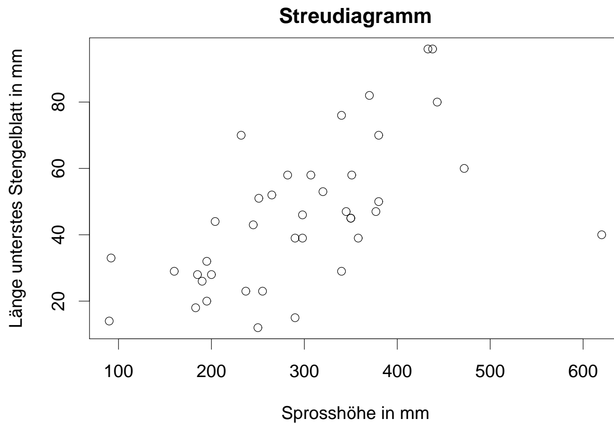
X_1 : Sprosshöhe in mm
X_2 : Länge des größten Grundblattes in mm
X_3 : Anzahl der Zähne des größten Grundblattes an einem Blattrand
X_4 : Anzahl der Stengelblätter am Hauptspross
X_5 : Länge des untersten Stengelblattes in mm
X_6 : Spaltöffnungslänge in μm
X_7 : Chromosomensatz (d = diploid, t = tetraploid)
X_8 : Entwicklungsstand (1 = blühend, 2 = blühend und fruchtend,
3 = fruchtend mit grünen Schötchen,
4 = fruchtend mit gelben Schötchen)

i	X_1	X_2	X_3	X_4	X_5	X_6	X_7	X_8
1	298	50	1	6	39	27	d	4
2	345	65	2	7	47	25	d	1
3	183	32	0	5	18	23	d	3
⋮				…				
20	265	63	4	6	52	23	d	4

i	X_1	X_2	X_3	X_4	X_5	X_6	X_7	X_8
21	232	75	3	6	70	26	d	2
22	358	64	2	11	39	28	t	4
23	290	48	0	12	39	30	t	1
⋮				…				
40	620	48	4	10	40	26	d	2

Ein (zweidimensionales) Streudiagramm (Engl.: “scatter plot”) für die Realisierungen der zwei Variablen X_1 und X_5 (genauer: der Elemente in `X5` gegen die Elemente in `X1`) kann wie folgt mit Hilfe der Funktion `plot()` erzeugt werden:

```
> plot( X1, X5, xlab = "Sprosshöhe in mm",
+ ylab = "Länge unterstes Stengelblatt in mm", main = "Streudiagramm")
```

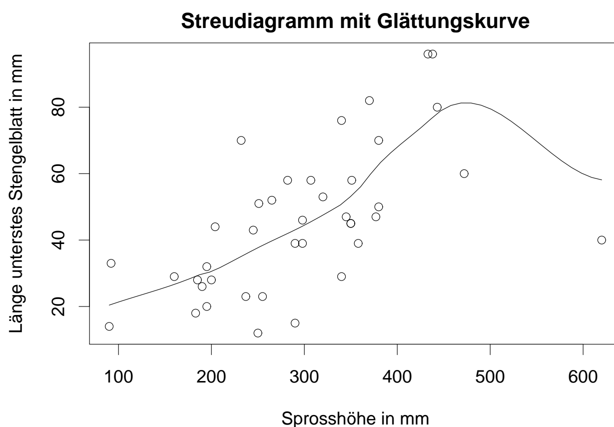


Das erste Argument von `plot()` ist der Vektor der waagrechten Koordinaten, das zweite der Vektor der senkrechten Koordinaten der zu zeichnenden Punkte. `xlab` und `ylab` liefern die Achsenbeschriftungen; `main` die Überschrift. (Mit dem hier nicht verwendeten Argument `sub` wäre noch ein Untertitel möglich.)

Hinweis: Sollte es – anders als hier – in einem Streudiagramm z. B. aufgrund gerundeter metrischer Koordinaten zu starken Überlagerungen der Punkte kommen, kann ein "sunflower plot" hilfreich sein. Siehe `example( sunflowerplot)` und die Online-Hilfe zu `sunflowerplot()`. Für *sehr* umfangreiche und dicht liegende zweidimensionale Datensätze lohnt sich ein Blick auf die Darstellungen, die `example( smoothScatter)` präsentiert, oder ein Blick auf `example( hexbinplot)` des **R**-Paketes `hexbin` (nachdem man es installiert hat).

Zusätzlich kann in ein Streudiagramm – sagen wir zur Unterstützung des optischen Eindrucks eines möglichen Zusammenhangs der dargestellten Variablen – eine sogenannte (nicht-parametrische) Glättungskurve (Engl.: "smooth curve") eingezeichnet werden. Dies ermöglicht die Funktion `scatter.smooth()`. Sie bestimmt mit der sogenannten „loess"-Methode eine lokal-lineare oder lokal-quadratische Regressionskurve und zeichnet den dazugehörigen Plot. („loess" könnte von dem deutschen Begriff „Löss" (= kalkhaltiges Sediment des Pleistozäns, das sich oft sanft wellig zeigt) kommen, oder eine Abkürzung für "locally estimated scatter smoother" sein; auf die technischen Details gehen wir hier nicht ein. Siehe z. B. [17, Cleveland, W. S., Grosse, E., Shyu, W. M. (1992): *Local regression models.* Chapter 8 of *Statistical Models in S*, eds J. M. Chambers and T. J. Hastie, Wadsworth & Brooks/Cole]. Beispiel:

```
> scatter.smooth( X1, X5, span = 2/3, degree = 1, xlab = "Sprosshöhe in mm",
+ ylab = "Länge unterstes Stengelblatt in mm",
+ main = "Streudiagramm mit Glättungskurve")
```



Die ersten zwei Argumente enthalten die x- und y-Koordinaten der Datenpunkte. Die Argumente `span` und `degree` steuern Grad und Art der Glättung: `span` ist der Anteil der Daten, der in die lokale Glättung eingehen soll. Je größer `span`, umso „glatter" die Kurve. `degree = 1` legt eine lokal-lineare und `degree = 2` eine lokal-quadratische Glättung fest. `xlab`, `ylab` und `main` (und `sub`) funktionieren wie bei `plot()`.

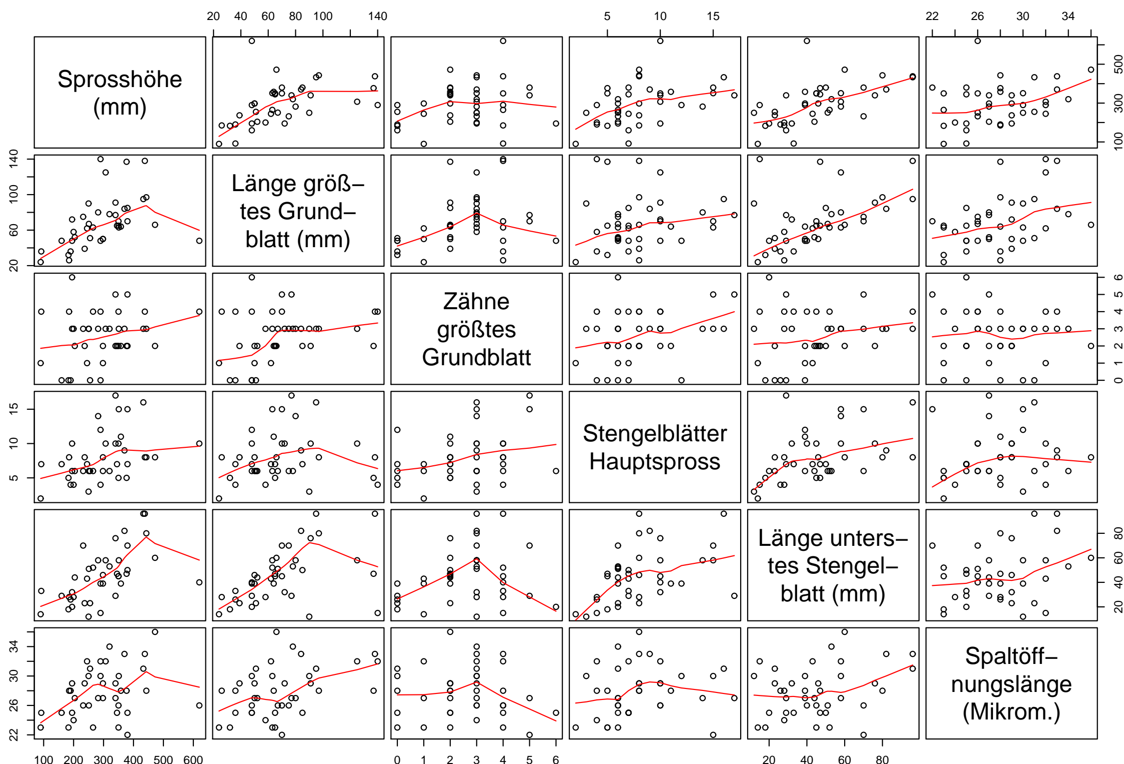
Ein Plot der Streudiagramme *aller* bivariaten Kombinationen der Komponenten multivariater Beobachtungsvektoren (hier 6-dimensional) befindet sich auf der nächsten Seite. Es ist ein sogenannter Pairs-Plot für die Matrix `M <- cbind( X1, ...., X6)`, deren Zeilen als die multivariaten Beobachtungsvektoren aufgefasst werden. Er wird durch die Funktion `pairs()` erzeugt,

die außerdem durch ihr Argument `labels` eine explizite Beschriftung der Variablen im Plot ermöglicht (dabei ist „`\n`“ das Steuerzeichen für den Zeilenumbruch).

Auch in einen Pairs-Plot kann in jedes der Streudiagramme eine (nicht-parametrische) lokale Glättungskurve eingezeichnet werden. Dazu muss dem Argument `panel` der Funktion `pairs()` die Funktion `panel.smooth()` übergeben werden. Im folgenden Beispiel geschieht dies gleich in Form einer “in-line”-definierten Funktion mit einem speziell voreingestellten Argument für den Glättungsgrad (`span = 2/3`), nur um anzudeuten, wie dieser (und andere) Parameter hier variiert werden könnte(n). (Der gewählte Wert 2/3 ist sowieso auch der **R**-Voreinstellungswert.)

Die in `panel.smooth()` zum Einsatz kommende lokale Glättungsmethode ist allerdings *nicht* die loess-Methode, sondern die sogenannte „lowess“-Methode (= “locally weighted scatter smoother”), die eine robuste, lokal gewichtete Glättung durchführt. (Siehe z. B. [15, Cleveland, W. S. (1981): *LOWESS: A program for smoothing scatterplots by robust locally weighted regression.* The American Statistician, 35, p. 54].) Die folgenden Befehle führten zu der unten gezeigten Grafik:

```
> var.labels <- c( "Sprosshöhe\n(mm)", "Länge größ-\ntes Grund-\nblatt (mm)",
+ "Zähne\ngrößtes\nGrundblatt","Stengelblätter\nHauptspross",
+ "Länge unters-\ntes Stengel-\nblatt (mm)",
+ "Spaltöff-\nnungslänge\n(Mikrom.)")
> pairs( M, labels = var.labels,
+ panel = function( x, y) { panel.smooth( x, y, span = 2/3) } )}
```



Bemerkungen:

- An der „Kreuzung“ von erster Spalte und fünfter Zeile des obigen Arrangements findet sich das Streudiagramm von Seite 82 unten wieder. Offensichtlich sind die jeweils darin eingezeichneten Glättungskurven verschieden.
- Für weitere, sehr leistungsfähige Argumente der Funktion `pairs()` verweisen wir (wieder einmal) auf die Online-Hilfe.

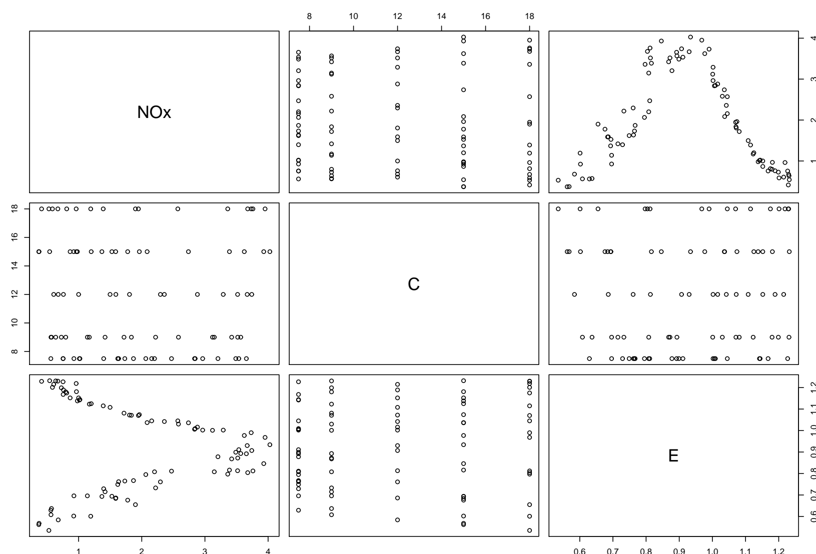
4.3.3 Die Verteilung trivariat metrischer Daten: Bedingte Streudiagramme ("co-plots")

Eine weitere Möglichkeit, eventuelle Zusammenhänge in dreidimensionalen Daten grafisch zweidimensional zu veranschaulichen, bieten die sogenannten "conditioning plots" (kurz: "co-plots") oder bedingten Plots. Hier werden paarweise Streudiagramme zweier Variablen (zusammen mit nicht-parametrischen Glättungskurven) unter der Bedingung geplottet, dass eine dritte Variable in ausgewählten Wertebereichen liegt. Realisiert wird dies durch die Funktion `coplot()` und anhand eines Beispiels soll das Verfahren erläutert werden:

Im – i. d. R. mit "base **R**" mit-installierten – **R**-Paket `lattice` ist ein Datensatz namens `ethanol` eingebaut, der Daten aus einem Experiment mit einem Ein-Zylinder-Testmotor zur Abhängigkeit der NO_x-Emmission (`NOx`) von verschiedenen Kompressionswerten (`C`) und Gas-Luft-Gemischverhältnissen (`E`) enthält. Er wird durch `data()` zur Verfügung gestellt und der folgende Pairs-Plot liefert einen ersten Eindruck der Daten:

```
> data( ethanol, package = "lattice")
> pairs( ethanol)
```

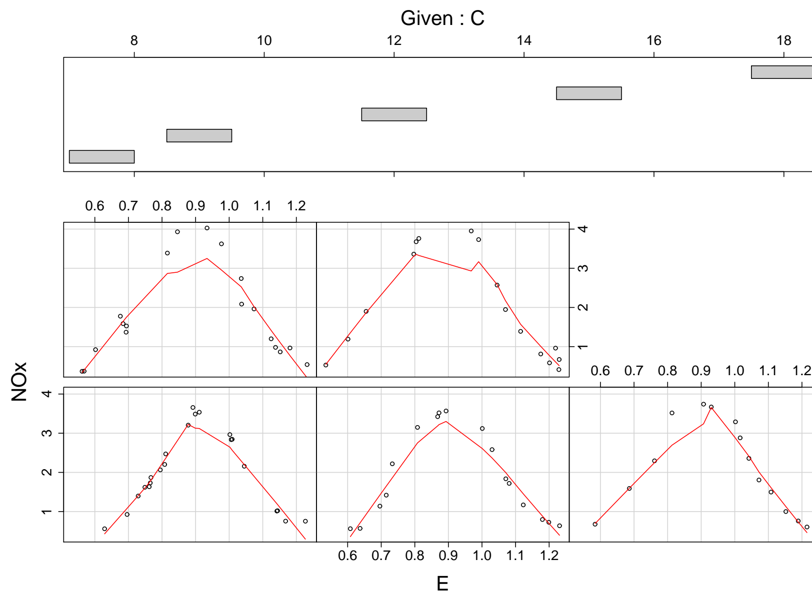
ergibt nebenstehenden Plot. Eine deutliche (evtl. quadratische) Abhängigkeit des `NOx` von `E` wird sofort offenkundig, was sich für `NOx` und `C` nicht sagen lässt. Auch ein Einfluss von `C` *auf die Abhängigkeit* des `NOx` von `E`, also eine *Wechselwirkung* zwischen `C` und `E`, ist so nicht zu entdecken.
Eine Möglichkeit hierzu bieten die unten beschriebenen co-plots, da sie eine detailliertere Betrachtung erlauben.



Zunächst betrachten wir den Fall, dass die **Variable** `C` (die nur fünf verschiedene Werte angenommen hat und somit als diskret aufgefasst werden kann) **als bedingende Größe** verwendet wird: Erst werden die `C`-Werte bestimmt, nach denen die Abhängigkeit von `NOx` und `E` bedingt werden soll (siehe `C.points` unten). Dann wird in `coplot()` „`NOx` an `E` modelliert, gegeben `C`" (mittels der Modellformel `NOx ~ E | C`), wozu die gegebenen `C`-Werte dem Argument `given.values` zugewiesen werden. Das Argument `data` erhält den Data Frame mit den in der Modellformel verwendeten Variablen und das Argument `panel` die Funktion `panel.smooth()` für die lowess-Glättungskurve (vgl. hierzu Seite 83 im vorherigen Paragraphen):

```
> C.points <- sort( unique( ethanol$C))
> coplot( NOx ~ E | C, given.values = C.points, data = ethanol,
+ panel = panel.smooth)
```

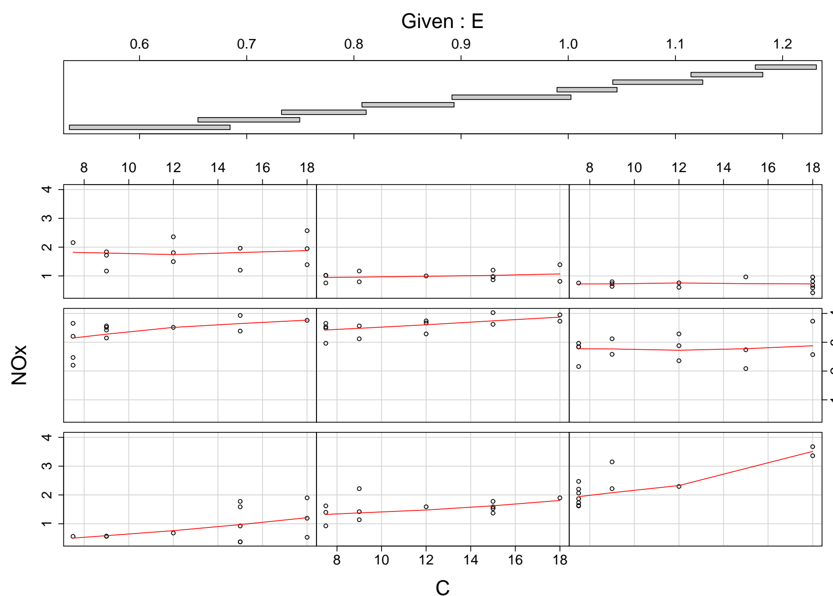
Das Resultat (auf der nächsten Seite oben) ist wie folgt zu „lesen": Die Werte(bereiche) der Bedingungsvariablen `C` sind in dem oberen „Panel" (mit der Überschrift `Given : C`) als graue Balken dargestellt, denen die darunter gezeigten `NOx`-`E`-Streudiagramme so zugeordnet sind, dass diese (beginnend links unten) von links nach rechts und von unten nach oben zu den Balken im `Given`-Panel von link nach rechts gehören.



Beobachtung: Über den gesamten Wertebereich von `C` hinweg scheint die Abhängigkeit von `NOx` von `E` vom selben (quadratischen?) Typ zu sein und dies auch gleichermaßen stark.

Nun wollen wir **nach der stetigen Variablen** `E` **bedingen**. Dazu wird mit der Funktion `co.intervals()` der `E`-Wertebereich in `number` Intervalle aufgeteilt, die sich zu `overlap` überlappen (siehe `E.ints` unten) und nach denen die Abhängigkeit von `NOx` und `C` bedingt werden soll. Dann wird „`NOx` an `C` modelliert, gegeben `E`", wozu die gegebenen `E`-Intervalle dem Argument `given.values` zugewiesen werden. Die Argumente `data` und `panel` fungieren wie eben, wobei hier an `panel` eine in-line-definierte Funktion mit spezieller Einstellung für den Glättungsparameter `span` in `panel.smooth()` übergeben wird. Da hier `span = 1` ist, wird stärker geglättet als bei der Voreinstellung 2/3.

```
> E.ints <- co.intervals( ethanol$E, number = 9, overlap = 0.25)
> coplot( NOx ~ C | E, given.values = E.ints, data = ethanol,
+ panel = function( x, y, ...) { panel.smooth( x, y, span = 1, ...) } )
```



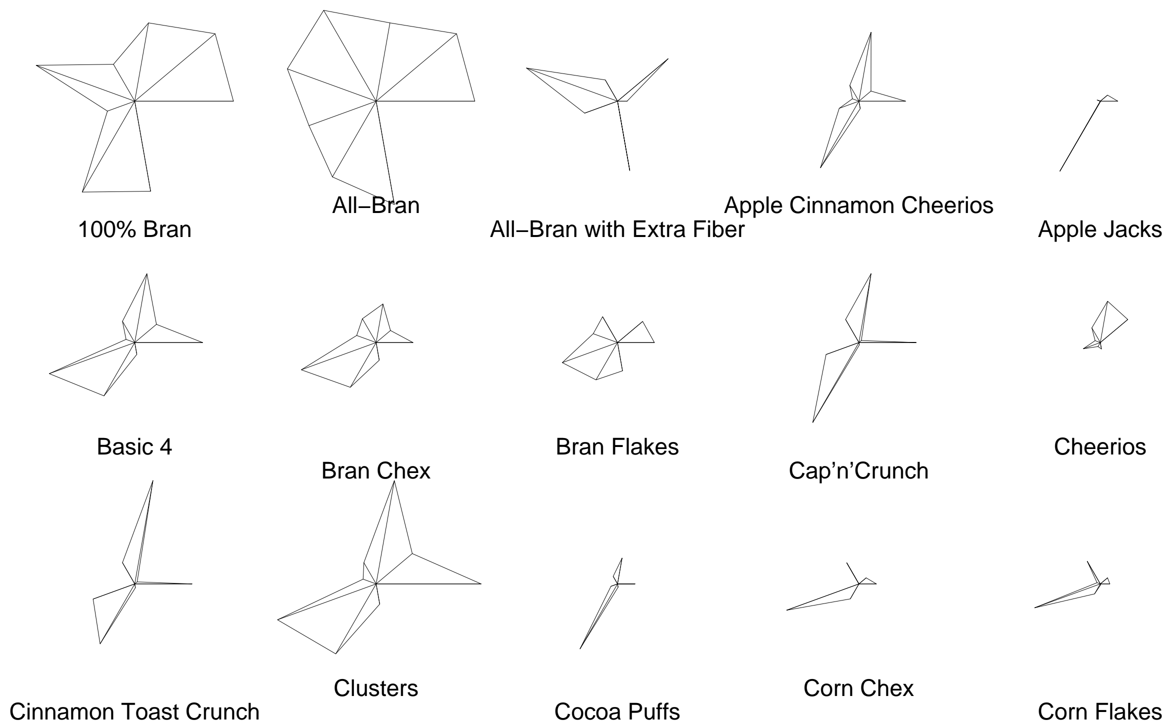
Beobachtung: Für niedrige Werte von `E` nimmt `NOx` mit steigendem `C` zu, während es für mittlere und hohe `E`-Werte als Funktion von `C` (!) konstant zu sein scheint.

Hinweis: Weitere und zum Teil etwas komplexere Beispiele zeigt Ihnen `example( coplot)`.

4.3.4 Weitere Möglichkeiten und Hilfsmittel für multivariate Darstellungen: `stars()`, `symbols()`

Eine weitere Möglichkeit, jede einzelne multivariate Beobachtung zu veranschaulichen, und zwar als „Sternplot“, bietet `stars()` (manchmal auch „Spinnen-“ oder „Radarplot“ genannt). Anhand eines Ausschnitts aus dem Datensatz `UScereal` im **R**-Paket `MASS` wird die Methode kurz vorgestellt, aber näher wollen wir hier nicht darauf eingehen. Zu Details siehe `?stars` und außerdem `help( UScereal, package = "MASS")`.

```
> data( UScereal, package = "MASS")
> stars( UScereal[ -c( 1, 9)][ 1:15,], nrow = 3, ncol = 5, cex = 1.1,
+ main = "Nährwertinformationen verschiedener Cerealiensorten")
```



Andere oder in der Ausgestaltung ausgefeiltere oder komplexere Varianten liefern Ihnen die – empfehlenswerten – Beispiele in der Online-Hilfe; siehe also `example( stars)`.

Über die Fähigkeiten und die Anwendung der Funktion `symbols()` sollten Sie sich durch ihre via `example( symbols)` erhältliche Beispielekollektion sowie die zugehörige Online-Hilfe informieren.

Amüsant und interessant, auch weil 100 % ernst gemeint, ist das Darstellungskonzept der “Chernoff faces” für multivariate Daten, wozu Sie z. B. unter `http://de.wikipedia.org/wiki/Chernoff_faces` mehr finden.

Bemerkungen: Ein sehr empfehlenswertes sowie weit- und tiefgehendes Buch zum Thema Grafik in **R** ist “R Graphics” ([38, Murrell (2005)] bzw. seine zweite Auflage [39, Murrell (2011)]). Dasselbe gilt für das exzellente Buch “Lattice. Multivariate Data Visualization with R” ([42, Sarkar (2008)]), das die **R**-Implementation und -Erweiterung des hervorragenden “Trellis-Grafik”-Systems vorstellt, auf das wir hier nicht eingehen.

5 Wahrscheinlichkeitsverteilungen und Pseudo-Zufallszahlen

R hat bereits in der "base distribution" für viele Wahrscheinlichkeitsverteilungen sowohl die jeweilige Dichtefunktion (im Fall einer stetigen Verteilung) bzw. Wahrscheinlichkeitsfunktion (im diskreten Fall) als auch Verteilungs- und Quantilfunktion implementiert; fallweise natürlich nur approximativ. Ebenso sind Generatoren für Pseudo-Zufallszahlen implementiert, mit denen Stichproben aus diesen Verteilungen simuliert werden können. Wenn wir im Folgenden (zur Abkürzung) von der Erzeugung von Zufallszahlen sprechen, meinen wir stets *Pseudo*-Zufallszahlen. (Beachte: In der **R**-Terminologie wird nicht zwischen Dichtefunktion einer stetigen Verteilung und Wahrscheinlichkeitsfunktion einer diskreten Verteilung unterschieden, sondern beides als "density function" bezeichnet.)

5.1 Die „eingebauten" Verteilungen

Die **R**-Namen der obigen vier Funktions*typen* setzen sich wie folgt zusammen: Ihr erster Buchstabe gibt den Funktionstyp an, der Rest des Namens identifiziert die Verteilung, für die dieser Typ zu realisieren ist. Der Aufruf eines Funktionstyps einer Verteilung benötigt (neben eventuell anzugebenden spezifischen Verteilungsparametern) die Angabe der Stelle, an der eine Funktion ausgewertet werden soll, bzw. die Anzahl der zu generierenden Zufallszahlen. Etwas formaler gilt allgemein für eine beliebige, implementierte Verteilung *dist* (mit möglichen Parametern „....") mit Verteilungsfunktion (VF) $F_{....}$ und Dichte- bzw. Wahrscheinlichkeitsfunktion $f_{....}$:

d*dist*(x, ...) $= f_{....}(x)$: Dichte-/Wahrscheinlichkeitsfkt.		
p*dist*(x, ...) $= F_{....}(x)$: VF (also $\mathbb{P}(X \leq x)$ für $X \sim F$)	der Verteilung *dist*	
q*dist*(y, ...) $= F_{....}^{-1}(y)$: Quantilfunktion		
r*dist*(n, ...) liefert n Zufallszahlen aus		

Beispiele: Für den stetigen Fall betrachten wir die (Standard-)Normalverteilung:

dnorm(x) $= \phi(x)$: Dichte	
pnorm(x) $= \Phi(x)$: VF	der Standardnormalverteilung
qnorm(y) $= \Phi^{-1}(y)$: Quantilfunktion	
rnorm(n) liefert n Zufallszahlen aus	

Gemäß der Voreinstellung liefern Aufrufe der Funktionstypen aus der Familie der Normalverteilung immer Resultate für die *Standard*normalverteilung, wenn die Parameter `mean` und `sd` nicht explizit mit Werten versehen werden:

Die Normalverteilung	
`> dnorm( c( 7, 8), mean = 10)` `[1] 0.004431848 0.053990967`	Werte der Dichte der $\mathcal{N}(10, 1)$-Verteilung an den Stellen 7 und 8.
`> pnorm( c( 1.5, 1.96))` `[1] 0.9331928 0.9750021`	Werte der Standardnormalverteilungsfunktion Φ an den Stellen 1.5 und 1.96.
`> qnorm( c( 0.05, 0.975))` `[1] -1.644854  1.959964`	Das 0.05- und das 0.975-Quantil der Standardnormalverteilung, also $\Phi^{-1}(0.05)$ und $\Phi^{-1}(0.975)$.

`> rnorm( 6, mean = 5, sd = 2)`
`[1] 5.512648 8.121941 5.672748`
`[4] 7.665314 4.081352 4.632989`
	Sechs Zufallszahlen aus der $\mathcal{N}(5, 2^2)$-Verteilung.

Für den diskreten Fall betrachten wir die Binomialverteilung:

`dbinom( k, size =` m`, prob =` p`)`	$= \mathbb{P}(X = k)$	: W.-Funktion
`pbinom( k, size =` m`, prob =` p`)`	$= F(k) := \mathbb{P}(X \leq k)$	: VF
`qbinom( y, size =` m`, prob =` p`)`	$= F^{-1}(y)$	: Quantilfunktion
`rbinom( n, size =` m`, prob =` p`)`	liefert n Zufallszahlen aus	

} ...

...der Binomial(m, p)-Verteilung (d. h. für $X \sim \text{Bin}(m, p)$).

Hier zwei Tabellen vieler der in **R** zur Verfügung stehenden Verteilungen, ihrer jeweiligen Funktionsnamen und Parameter (samt Voreinstellungen, sofern gegeben; beachte auch die Ergänzung auf Seite 89 oben):

Diskrete Verteilungen		
...(-)Verteilung	**R**-Name	Verteilungsparameter
Binomial	`binom`	`size, prob`
Geometrische	`geom`	`prob`
Hypergeometrische	`hyper`	`m, n, k`
Multinomial	`multinom`	`size, prob` (nur `r....` und `d....`)
Negative Binomial	`nbinom`	`size, prob`
Poisson	`pois`	`lambda`
Wilcoxons Vorzeichen-Rangsummen	`signrank`	`n`
Wilcoxons Rangsummen	`wilcox`	`m, n`

Stetige Verteilungen		
...(-)Verteilung	**R**-Name	Verteilungsparameter
Beta	`beta`	`shape1, shape2, ncp = 0`
Cauchy	`cauchy`	`location = 0, scale = 1`
χ^2	`chisq`	`df, ncp = 0`
Exponential	`exp`	`rate = 1`
F	`f`	`df1, df2 (ncp = 0)`
Gamma	`gamma`	`shape, rate = 1`
Log-Normal	`lnorm`	`meanlog = 0, sdlog = 1`
Logistische	`logis`	`location = 0, scale = 1`
Multivariate Normal (im package `mvtnorm`)	`mvnorm`	`mean = rep(0,`*d*`), sigma = diag(`*d*`)` (mit *d* = Dimension)
Multivariate t (im package `mvtnorm`)	`mvt`	(etwas komplizierter; siehe seine Online-Hilfe)
Normal	`norm`	`mean = 0, sd = 1`
Students t	`t`	`df, ncp = 0`
Uniforme	`unif`	`min = 0, max = 1`
Weibull	`weibull`	`shape, scale = 1`

Hinweise: Mehr Informationen über die einzelnen Verteilungen – wie z. B. die Beziehung zwischen den obigen **R**-Funktionsargumenten und der mathematischen Parametrisierung der Dichten – liefert die Online-Hilfe, die etwa mit dem Kommando `?d`*dist* konsultiert werden kann, wenn etwas über die Verteilung namens *dist* (vgl. obige Tabelle) in Erfahrung gebracht werden soll. Beachte: `?`*dist* funktioniert *nicht* oder liefert nicht das Gewünschte! Aber `?distribution` liefert eine Übersicht über alle Verteilungen im Paket `stats` mit Links auf deren Hilfe-Seiten. (Zusätzliche Möglichkeit: Mittels `help.search( "distribution")` erhält man u. A. Hinweise

auf alle Hilfedateien, in denen etwas zum Stichwort "distribution" steht.) Ist man an einem umfangreichen Überblick über die in "base-**R**" und anderen **R**-Paketen zur Verfügung gestellten Verteilungen interessiert, lohnt sich ein Blick auf den Task View "Probability Distributions" auf CRAN unter `http://cran.r-project.org` → Task Views → Distributions.

Ergänzung: Urnenmodelle sind in **R** ebenfalls realisierbar, und zwar mithilfe der Funktion `sample()`. Mit ihr kann das Ziehen von Elementen aus einer (endlichen) Grundmenge mit oder ohne Zurücklegen simuliert werden. Es kann auch festgelegt werden, mit welcher Wahrscheinlichkeit die einzelnen Elemente der Grundmenge jeweils gezogen werden sollen, wobei die Bedeutung dieser Festlegung beim Ziehen mit Zurücklegen eine andere ist als beim Ziehen ohne Zurücklegen. Die Voreinstellung von `sample()` produziert eine zufällige Permutation der Elemente der Grundmenge. In Abschnitt 9.1 „Bernoulli-Experimente mit `sample()`" gehen wir etwas näher darauf ein; vorerst verweisen wir für Details auf die Online-Hilfe.

5.2 Bemerkungen zu Pseudo-Zufallszahlen in R

Die Generierung von Pseudo-Zufallszahlen aus den verschiedenen Verteilungen basiert auf uniformen Pseudo-Zufallszahlen, welche mit einem Zufallszahlengenerator (Engl.: "random number generator" = RNG) erzeugt werden. In **R** stehen im Prinzip mehrere verschiedene RNGs zur Verfügung. Per Voreinstellung ist es der „Mersenne-Twister", ein uniformer RNG, der eine sehr lange, aber letztendlich doch periodische Zahlensequenz (der Länge $2^{19937} - 1$) im offenen Intervall $(0, 1)$ erzeugt. Diesbzgl. wird in der Online-Hilfe die Publikation [35, Matsumoto und Nishimura (1998)] zitiert. Weitere Details und zahlreiche Literaturverweise liefert `?RNG`.

Der Zustand des RNGs wird von **R** in dem Objekt `.Random.seed` im workspace (gewissermaßen unsichtbar) gespeichert. Vor dem **aller**ersten Aufruf des RNGs existiert `.Random.seed` jedoch noch nicht, z. B. wenn **R** in einem neuen Verzeichnis zum ersten Mal gestartet wird. Den Startzustand des RNGs leitet **R** dann aus der aktuellen Uhrzeit ab, zu der der RNG zum ersten Mal aufgerufen wird. Bei der Erzeugung von Zufallszahlen ändert sich der Zustand des RNGs und der jeweils aktuelle wird in `.Random.seed` dokumentiert. Daher führen wiederholte Aufrufe des RNGs, insbesondere in verschiedenen **R**-Sitzungen, zu verschiedenen Zufallszahlen(folgen).

Für die Überprüfung und den Vergleich von Simulationen ist es jedoch notwendig, Folgen von Zufallszahlen reproduzieren (!) zu können. Um dies zu erreichen, kann der Zustand des RNGs von der Benutzerin oder dem Benutzer gewählt werden, wozu die Funktion `set.seed()` dient. Wird sie vor dem Aufruf einer der obigen `r....`-Funktionen (und unter Verwendung desselben RNGs) jedesmal mit demselben Argument (einem `integer`-Wert) aufgerufen, so erhält man stets die gleiche Folge an Zufallszahlen. Beispiel:

```
> runif( 3)                          # Drei uniforme Zufallszahlen (aus dem
[1] 0.1380366 0.8974895 0.6577632    # RNG mit unbekanntem Startzustand).

> set.seed( 42)                      # Wahl eines Startzustandes des RNGs.
> runif( 3)                          # Drei weitere uniforme Zufallszahlen.
[1] 0.9148060 0.9370754 0.2861395

> set.seed( 42)                      # Wahl *desselben* RNG-Startzustandes
> runif( 3)                          # wie eben => Replizierung der drei
[1] 0.9148060 0.9370754 0.2861395    # uniformen Zufallszahlen von eben.

> runif( 3)                          # Ausgehend vom aktuellen (uns "unbe-
[1] 0.8304476 0.6417455 0.5190959    # kannten") Zustand liefert der RNG
                                     # drei andere uniforme Zufallszahlen.
```

6 Programmieren in R

Schon in “base **R**” (also **R**s „Grundausstattung“) gibt es eine Unmenge eingebauter Funktionen, von denen wir bisher nur einen Bruchteil kennengelernt haben. Viele der Funktionen sind durch eine Reihe von Optionen über Argumente im Detail ihrer Arbeitsweise modifizierbar, aber sie sind nichtsdestotrotz vorgefertigte „Konserven“. Häufig ist es gewünscht oder nötig, eine solche Funktion mit einer langen Liste von speziellen Optionen oder eine ganze Gruppe von Funktionen in immer derselben Abfolge wiederholt aufzurufen. Auch sind gelegentlich (beispielsweise bei der Simulation statistischer Verfahren) problemspezifische Algorithmen umzusetzen, was keine der eingebauten Funktionen allein kann, sondern nur eine maßgeschneiderte Implementation. Diese Ziele lassen sich durch das Programmieren neuer Funktionen in **R** erreichen.

6.1 Definition neuer Funktionen: Ein Beispiel

Anhand einer Beispielfunktion für die Explorative Datenanalyse (EDA) sollen die Grundlagen der Definition neuer, problemspezifischer Funktionen erläutert werden: Viele inferenzstatistische Verfahren hängen stark von Verteilungsannahmen über die Daten ab, auf die sie angewendet werden sollen. Für die Beurteilung, ob diese Annahmen gültig sind, ist die EDA hilfreich. Sie verwendet grafische Methoden, die wir zum Teil bereits kennengelernt haben, und es kann sinnvoll sein, diese in einer neuen Funktion zusammenzufassen.

Als Beispieldaten verwenden wir Messungen des amerikanischen Physikers A. A. Michelson aus dem Jahr 1879 zur Bestimmung der Lichtgeschwindigkeit in km/s (die folgenden Werte resultieren aus den eigentlichen Geschwindigkeitswerten durch Subtraktion von 299000 km/s):

```
> v <- c( 850, 740, 900, 1070, 930, 850,  950,  980, 980, 880,
+        1000, 980, 930,  650, 760, 810, 1000, 1000, 960, 960)
```

Eine neu definierte Funktion für die explorative Datenanalyse

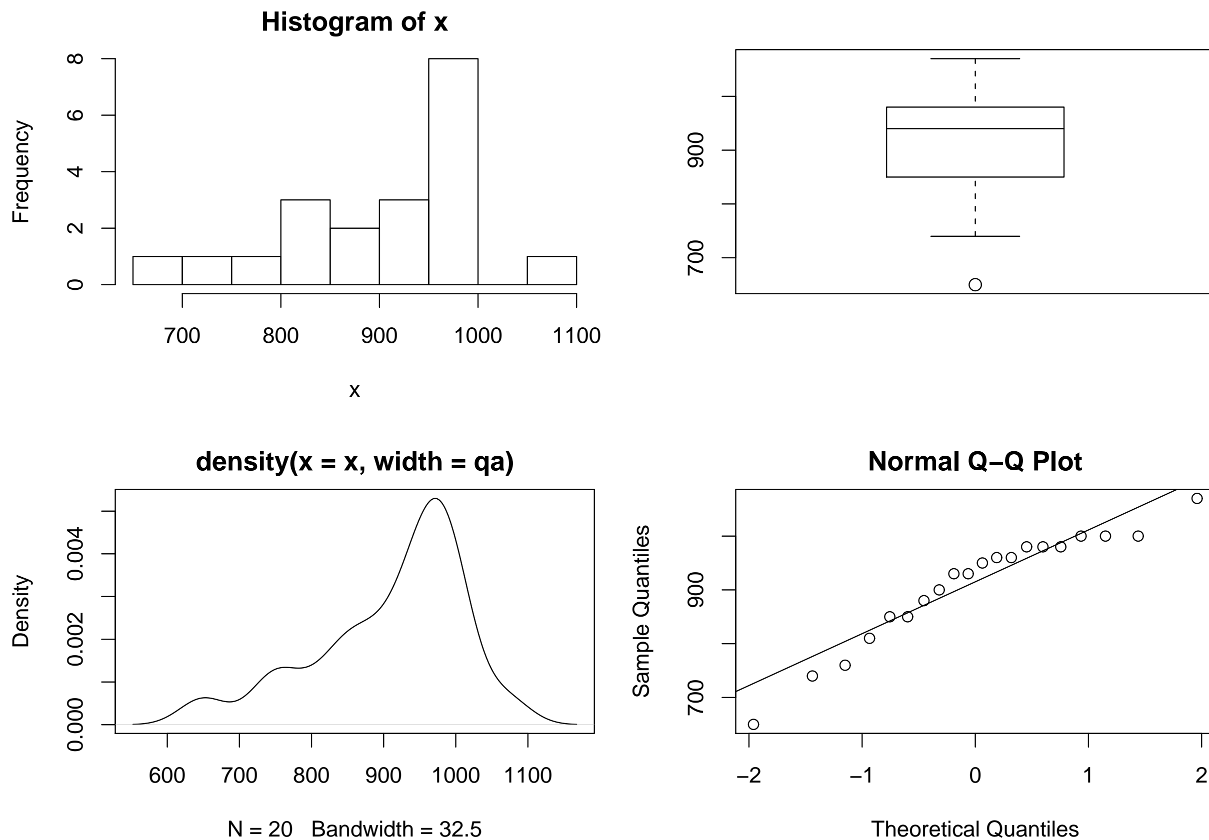
```
> eda <- function( x) {
+ par( mfrow = c( 2,2),
+      cex = 1.2)
+ hist( x)
+ boxplot( x)
+ qa <- diff( quantile( x,
+             c( 1/4, 3/4)))
+ dest <- density( x,
+                  width = qa)
+ plot( dest)
+ qqnorm( x)
+ qqline( x)
+ summary( x)
+ }

> eda( v)
 Min. 1st Qu. Median Mean
  650     850    940  909

 3rd Qu. Max.
    980 1070
```

Die Zuweisung `eda <- function( x) {....}` definiert eine Funktion namens `eda`, die bei ihrem Aufruf ein funktionsintern mit `x` bezeichnetes Argument erwartet. Die in `{....}` stehenden Befehle werden beim Aufruf von `eda()` sequenziell abgearbeitet:
Erst „formatiert“ `par()` ein Grafikfenster passend (und öffnet es, wenn noch keins offen war; Details hierzu in Kapitel 7). Als nächstes wird ein Histogramm für die Werte in `x` geplottet (womit klar ist, dass der an `x` übergebene Wert ein `numeric`-Vektor sein muss). Als drittes entsteht ein Boxplot. Dann wird der Quartilsabstand der Daten berechnet und funktionsintern in `qa` gespeichert. Hernach bestimmt `density()` einen Kern-Dichteschätzer (per Voreinstellung mit Gaußkern), wobei `qa` für die Bandbreite verwendet wird; das Resultat wird `dest` zugewiesen und dann geplottet. Des Weiteren wird ein Normal-Q-Q-Plot mit Soll-Linie angefertigt. Zuletzt werden arithmetische “summary statistics” berechnet und da dies der letzte Befehl in `eda()` ist, wird dessen Ergebnis als Resultatwert von `eda()` an die Stelle des Funktionsaufrufes zurückgegeben (wie `eda( v)` zeigt).

Das Resultat der Anwendung der Funktion `eda()` auf `v` ist die Ausgabe der “summary statistics” für `v` und als Nebenwirkung die folgenden Grafiken in einem Grafikfenster:



6.2 Syntax der Funktionsdefinition

Allgemein lautet die Syntax der Definition einer neuen **R**-Funktion

neuefunktion `<- function(` *argumenteliste*`) {` *funktionsrumpf* `}`

Dabei ist

- *neuefunktion* der (im Prinzip frei wählbare) Name des Objektes, als das die neue Funktion gespeichert wird und das zur Klasse `function` zählt;
- `function` ein reservierter **R**-Ausdruck;
- *argumenteliste* die stets in runde Klammern `( )` zu packende, möglicherweise leere Argumenteliste von durch Kommata getrennten Argumenten, die beim Aufruf der Funktion mit Werten versehen und innerhalb der neuen Funktion verwendet werden (können);
- *funktionsrumpf* der Funktionsrumpf, welcher aus einem zulässigen **R**-Ausdruck oder einer Sequenz von zulässigen **R**-Ausdrücken besteht, die durch Semikola oder Zeilenumbrüche getrennt sind. Er ist, wenn er aus mehr als einem Ausdruck besteht, notwendig in geschweifte Klammern `{ }` zu packen; bei nur einem Ausdruck ist die Verwendung von `{ }` zwar nicht nötig, aber dennoch empfehlenswert.

6.3 Verfügbarkeit einer Funktion und ihrer lokalen Objekte

Durch die Ausführung obiger **R**-Anweisung wird unter dem Namen *neuefunktion* die *argumenteliste* und die Gesamtheit der in *funktionsrumpf* stehenden **R**-Ausdrücke als **ein** neues Objekt der Klasse `function` zusammengefasst und im aktuellen workspace gespeichert. In unserem Eingangsbeispiel ist dies das `function`-Objekt mit dem Namen `eda`.

Die in *funktionsrumpf* stehenden **R**-Ausdrücke dürfen insbesondere auch Zuweisungsanweisungen sein. Diese Zuweisungsanweisungen haben i. d. R. jedoch nur „lokalen" Charakter, d. h., sie sind außerhalb der Funktion ohne Effekt und werden nach dem Abarbeiten der Funktion im Allgemeinen wieder vergessen. Mit anderen Worten, jedes innerhalb des Funktionsrumpfs *erzeugte* Objekt (auch wenn sein Name mit dem eines außerhalb der Funktion bereits existierenden Objekts übereinstimmt) hat eine rein temporäre und völlig auf das „Innere" der Funktion eingeschränkte, eigenständige Existenz. Diese Objekte werden daher auch lokale Variablen oder Objekte genannt. In unserem `eda`-Beispiel sind `qa` und `dest` solche Objekte, die nur während der Abarbeitung der Funktion existieren und auch nur innerhalb des Rumpfes der Funktion bekannt sind.

6.4 Rückgabewert einer Funktion

Jede **R**-Funktion liefert einen Rückgabewert. Er ist das Resultat, d. h. der Wert des im Funktionsrumpf als letztem ausgeführten Ausdrucks, wenn nicht vorher ein Aufruf der Funktion `return()` erreicht wird, der die Abarbeitung des Funktionsrumpfes sofort beendet und deren Argument dann der Rückgabewert ist. Sind mehrere Werte/Objekte zurückzugeben, können sie in eine Liste (z. B. mit benannten Komponenten) zusammengefasst werden.

War die Aufrufstelle der Funktion der Prompt der **R**-Console und ist keine andere Vorkehrung getroffen, wird der Rückgabewert der Funktion einfach in der Console angezeigt und vergessen. Soll er *nicht* angezeigt werden, so ist im Funktionsrumpf der Ausdruck, dessen Wert zurückzugeben ist, in die Funktion `invisible()` einzupacken. Nichtsdestotrotz wird der Rückgabewert der Funktion an die Aufrufstelle übergeben, nur eben „unsichtbar", d. h., er kann nach wie vor an ein Objekt zugewiesen und so gespeichert werden.

Beispiel: Im Fall von `eda()` in Abschnitt 6.1 ist der Rückgabewert das Ergebnis von `summary( x)`. Obiges bedeutet, dass der Aufruf `eda( v)` bzw. einer jeden neu definierten Funktion auch auf der rechten Seite einer Zuweisungsanweisung stehen darf: `michelson.summary <- eda( v)` ist also eine zulässige **R**-Anweisung, die als Haupteffekt dem Objekt `michelson.summary` den Rückgabewert des Funktionsaufrufs `eda( v)`, also die "summary statistics" für `v` zuweist und als Nebeneffekt die jeweiligen Grafiken erzeugt. Sollte das Ergebnis von `eda()`, also `summary( x)`, unsichtbar zurückgegeben werden, müsste der letzte Ausdruck in `eda()`s Rumpf `return( invisible( summary( x)))` oder kürzer `invisible( summary( x))` lauten. In diesem Fall hätte `michelson.summary <- eda( v)` also dieselbe Wirkung wie zuvor, aber `eda( v)` allein würde den Rückgabewert einfach „auf Nimmerwiedersehen" verschwinden lassen.

6.5 Spezifizierung von Funktionsargumenten

Es ist guter und sicherer Programmierstil, möglichst alle Informationen, die innerhalb des Funktionsrumpfs verarbeitet werden sollen, durch die Argumenteliste des Funktionsaufrufs an die Funktion zu übergeben (und nicht von innen auf „außerhalb" der Funktion vorhandene Objekte zuzugreifen). Dadurch wird die Argumenteliste jedoch schnell zu einem recht langen „Flaschenhals", sodass eine gut durchdachte Argumenteliste entscheidend zur Flexibilität und Praktikabilität einer Funktion beitragen kann.

Die in der Argumenteliste einer Funktions*definition* auftretenden Argumente sind ihre Formalparameter und die beim Funktions*aufruf* tatsächlich an die Argumenteliste übergebenen Objekte heißen Aktualparameter. Entsprechend haben Formalparameter Formalnamen und die Aktualparameter Aktualnamen.

6.5.1 Argumente mit default-Werten

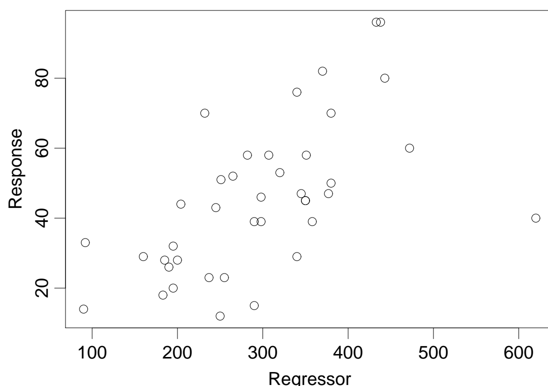
Um eine Funktion großer Flexibilität zu konstruieren, ist in ihrer Definition häufig eine umfangreiche Argumenteliste vonnöten, was ihren Aufruf rasch recht aufwändig werden lässt. Oft sind jedoch für mehrere Argumente gewisse Werte als dauerhafte „Voreinstellungen“ wünschenswert, die nur in gelegentlichen Aufrufen durch andere Werte zu ersetzen sind. Um diesem Aspekt Rechnung zu tragen, ist es schon in der Funktionsdefinition möglich, Argumenten Voreinstellungswerte (= “default values”) zuzuweisen, sodass diese bei einem konkreten Aufruf der Funktion nicht in der Argumenteliste des Aufrufs angegeben zu werden brauchen (wenn die voreingestellten Werte verwendet werden sollen). Dazu sind den jeweiligen Formalparametern in der Argumenteliste die gewünschten Voreinstellungswerte mittels Ausdrücken der Art *formalparameter* = *wert* zuzuweisen.

In §4.3.2 hatten wir auf Seite 81 das Beispiel eines Streudiagramms für die Werte in zwei Vektoren `X1` und `X5`, in dem die x- und y-Achsenbeschriftung durch die Argumente `xlab` und `ylab` der Funktion `plot()` festgelegt wurden. Angenommen, wir sind hauptsächlich an Streudiagrammen im Zusammenhang mit der einfachen linearen Regression interessiert und wollen häufig die Beschriftung „Regressor“ und „Response“ für die x- bzw. y-Achse verwenden. Dann könnten wir uns eine Funktion `rplot()` wie folgt definieren:

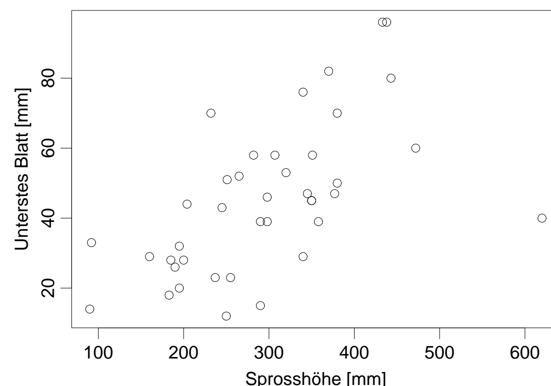
```
> rplot <- function( x, y, xlabel = "Regressor", ylabel = "Response") {
+ plot( x, y, xlab = xlabel, ylab = ylabel)
+ }
```

In der Definition von `rplot()` sind die zwei Argumente `xlabel` und `ylabel` auf die default-Werte „Regressor“ bzw. „Response“ voreingestellt und brauchen deshalb beim Aufruf von `rplot()` in seiner Argumenteliste nicht mit Werten versehen zu werden, wenn diese Achsenbeschriftung verwendet werden soll. Wenn jedoch `xlabel` und `ylabel` im Aufruf von `rplot()` mit Werten versehen werden, „überschreibt“ dies (temporär!) deren default-Werte. Vergleiche die beiden folgenden Aufrufe und die resultierenden Plots darunter:

```
> rplot( X1, X5)
```




```
> rplot( X1, X5,
+ xlabel = "Sprosshöhe [mm]",
+ ylabel = "Unterstes Blatt [mm]")
```



6.5.2 Variable Argumentezahl: Das „Dreipunkteargument“

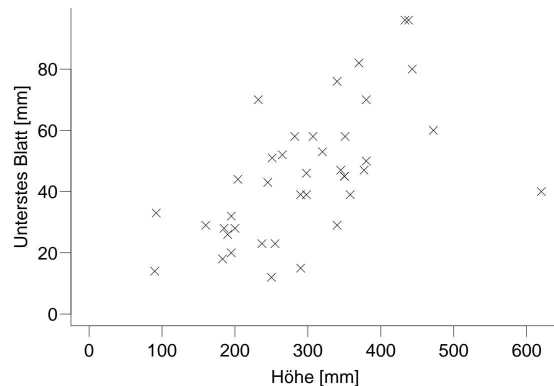
Gelegentlich ist es nötig, innerhalb einer neu definierten Funktion wie `rplot()` eine weitere Funktion (oder mehrere Funktionen) aufzurufen, an die gewisse Argumente von der Aufrufstelle von `rplot()` einfach nur „durchgereicht“ werden sollen, ohne dass sie durch `rplot()` verändert oder benutzt werden. Insbesondere kann auch die Anzahl der durchzureichenden Argumente variieren. Um dies zu ermöglichen, muss in der Argumenteliste der Funktionsdefinition von

`rplot()` der spezielle, „Dreipunkteargument“ (oder “dot-dot-dot”) genannte Formalparameter „`...`“ stehen. Er spezifiziert eine variable Anzahl beliebiger Argumente für diese Funktion (und zwar zusätzlich zu den in der Argumenteliste bereits angegebenen). In einem solchen Fall können dieser Funktion unter Verwendung der Syntax *formalparameter* `=` *wert* beliebige und beliebig viele Argumente übergeben werden. Innerhalb des Funktionsrumpfes wird der Formalparameter „`...`“ typischerweise nur in den Argumentelisten weiterer Funktionsaufrufe verwendet (siehe aber auch den knappen Hinweis zum Dreipunkteargument auf Seite 96 oben).

In unserem Beispiel `rplot()` könnten durch eine solche Erweiterung beispielsweise Argumente an die Funktion `plot()` durchgereicht werden, die das Layout des zu zeichnenden Koordinatensystems, die zu verwendenden Linientypen, Plot-Zeichen usw. beeinflussen:

```
> rplot <- function( x, y, xlabel = "Regressor", ylabel = "Response", ...) {
+ plot( x, y, xlab = xlabel, ylab = ylabel, ...)
+ }
```

```
> rplot( X1, X5,
+ xlabel = "Höhe [mm]",
+ ylabel = "Unterstes Blatt [mm]",
+ xlim = c( 0, max( X1)),
+ ylim = c( 0, max( X5)),
+ las = 1, bty = "l", pch = 4)
```



In dem obigen Aufruf von `rplot()` werden die Aktualparameter `X1`, `X5`, `xlabel` und `ylabel` von `rplot()` „abgefangen“, weil die ersten beiden über ihre Position im Funktionsaufruf den beiden ersten Formalparametern `x` und `y` von `rplot()` zugewiesen werden und die beiden anderen mit Formalnamen in der Argumenteliste von `rplot()` in Übereinstimmung gebracht werden können. Die Argumente `xlim`, `ylim`, `las`, `bty` und `pch` sind in der Argumenteliste von `rplot()` nicht aufgeführt und werden daher vom Dreipunkteargument „`...`“ übernommen und im Rumpf von `rplot()` unverändert an `plot()` weitergereicht. (Zur Bedeutung der Layout-Parameter `xlim` bis `pch` siehe Kapitel 7 und zu den Details der Parameterübergabe den folgenden Abschnitt.)

6.5.3 Zuordung von Aktual- zu Formalparametern beim Funktionsaufruf

Hier zählen wir **R**s wesentliche Regeln und ihre Anwendungsreihenfolge für die Zuordnung von Aktual- zu Formalparametern beim Funktionsaufruf auf, wobei die vier Schritte anhand der Funktion `mean( x, trim = 0, na.rm = FALSE, ...)` und eines Beispielvektors `z <- c( 9, 14, NA, 10, 8, 7, 5, 11, 1, 3, 2)` erläutert werden:

1. **Zuordnung über vollständige Formalnamen**: Zunächst wird für jedes Argument der Bauart *argumentname* = *wert*, bei dem *argumentname* vollständig mit einem Formalnamen in der Argumenteliste der Funktion übereinstimmt, *wert* diesem Formalparameter zugewiesen. Die Reihenfolge der Argumente mit vollständigen Formalnamen ist dabei im Funktionsaufruf irrelevant:

   ```
   > mean( na.rm = TRUE, x = z)
   [1] 7
   ```

2. **Zuordnung über unvollständige Formalnamen**: Sind nach Schritt 1 noch Argumente der Art *argumentname* = *wert* übrig, so wird für jedes verbliebene Argument, dessen *argumentname* mit den Anfangszeichen eines noch „unversorgten" Formalnamens übereinstimmt, *wert* dem entsprechenden Formalparameter zugewiesen. Auch hier spielt die Reihenfolge der Argumente im Funktionsaufruf keine Rolle:

```
> mean( na.rm = TRUE, x = z, tr = 0.1)
[1] 6.875
```

```
> mean( x = z, na = TRUE, tr = 0.1)
[1] 6.875
```

3. **Zuordnung über Argumentepositionen**: Sind auch nach Schritt 2 noch Argumente übrig, werden die Werte **unbenannter** Argumente von links beginnend, der Reihe nach den noch übrigen „unversorgten" Formalparametern zugewiesen:

```
> mean( na.rm = TRUE, tr = 0.1, z)
[1] 6.875
```

```
> mean( z, 0.1, TRUE)
[1] 6.875
```

4. **Zuordnung über das Dreipunkteargument**: Sind nach dem 3. Schritt immer noch Argumente übrig, werden sie dem Dreipunkteargument zugewiesen, falls es in der Funktionsdefinition vorhanden ist, ansonsten gibt es eine Fehlermeldung:

```
> mean( z, na = TRUE, nochwas = "Unsinn")          # Offenbar besitzt mean()
[1] 7                                               # das Dreipunkteargument,
> median( z, na = TRUE, nochwas = "Unsinn")        # aber median() nicht.
Error in median(z, na = TRUE, nochwas = "Unsinn") :
        unused argument(s) (nochwas ...)
```

Beachte: Für benannte Argumente *hinter* dem Dreipunkteargument klappt eine Zuordnung über unvollständige Formalnamen nicht, d. h. deren Argumentnamen sind beim Funktionsaufruf nicht abkürzbar.

6.5.4 Nützliches für den Zugriff auf Argumentelisten und Argumente sowie auf den Quellcode existierender Funktionen

Es folgen einige **knappe Hinweise** zur Existenz von Funktionen, die für die „direkte" Arbeit mit Argumentelisten und Argumenten einer Funktion im Rumpf derselben nützlich sein können. Details sind unbedingt der Online-Hilfe zu entnehmen.

- Argumente können einen Vektor als default-Wert haben, dessen Elemente mit Hilfe von `match.arg()` auf „Passgenauigkeit" mit dem beim Funktionsaufruf übergebenen Aktualparameter untersucht werden können, was einerseits sehr flexible und gleichzeitig äußerst knappe Funktionsaufrufe ermöglicht und andererseits die Wertemenge zulässiger Aktualparameter beschränkt und eine „integrierte Eingabefehlerkontrolle" implementiert:

```
> rplot <- function( x, y, xlabel = c( "Regressor", "Unabhängige Variable"),
+                    ylabel = c( "Response", "Abhängige Variable"), ...) {
+ xlabel <- match.arg( xlabel)
+ ylabel <- match.arg( ylabel)
+ plot( x, y, xlab = xlabel, ylab = ylabel, ...)
+ }
```

  `match.arg()` prüft, ob und wenn ja, zu welchem der default-Werte der tatsächlich übergebene Aktualparameter passt und liefert den (nötigenfalls vervollständigten) Wert zurück.

- `hasArg()` und `missing()` dienen im Rumpf einer Funktion der Prüfung, ob Formalparameter beim Aufruf jener Funktion mit Aktualparametern versorgt wurden bzw. ob diese fehlten.

`formals()` und `args()` liefern die gesamte Argumenteliste einer Funktion in zwei verschiedenen Formaten.

- Zugriff auf den „Inhalt“ des Dreipunktearguments erhält man mittels `list(...)`. Das Ergebnis ist eine Liste mit den in `...` auftauchenden Paaren *argumentname* = *wert* als Komponenten.

  Evtl. recht instruktiv für die Funktionsweise des Dreipunktearguments könnte auch die kleine Aufgabe in einer E-Mail von Bert Gunter vom 30. 1. 2013 auf R-help sein, zu finden z. B. unter `http://article.gmane.org/gmane.comp.lang.r.general/285906/match=how+to+use`.

- `deparse()` und `substitute()` in geeigneter Kombination im Rumpf einer Funktion erlauben, an die Aktualnamen der an die Formalparameter übergebenen Aktualparameter heranzukommen, was z. B. genutzt werden kann für die flexible Beschriftung von Grafiken, die „innerhalb“ von benutzereigenen Funktionen angefertigt werden:

```
> myplot <- function( x, y) {
+ plot( x, y, xlab = deparse( substitute( x)), ylab = deparse( substitute( y)))
+ }
```

  `deparse( substitute( y))` ermittelt in obigem Fall z. B. die Zeichenkette, die den Objektnamen des an den Formalparameter `y` übergebenen Aktualparameter darstellt.

- Will man sich den Quellcode einer *selbstdefinierten* Funktion ansehen, so erreicht man dies durch Eingabe des Funktionsnamens – ohne das Klammernpaar `()` – am `R`-Prompt (da der Code ja der Wert des `function`-Objektes mit dem betreffenden Namen ist). Für bereits in “base **R**” oder in **R**-Paketen existierende Funktionen ist es gelegentlich jedoch geringfügigst aufwändiger, an ihren Quellcode zu kommen, da sie aus technischen Gründen „versteckt“ sein können. In [30, Ligges (2006)] wird genauer beschrieben, was dahinter steckt und warum dann wie vorzugehen ist.

  Hier nur ein paar Beispiele:

  – Für die Funktion `sd()` zur Berechnung der Standardabweichung ist es ganz einfach. Die Eingabe ihres Namens liefert ihre Definition und eine Zusatzinformation (die hier aus Platzgründen nur unvollständig und leicht editiert abgedruckt werden):

```
> sd
function (x, na.rm = FALSE) {
    if (is.matrix(x)) {
        msg <- "sd(<matrix>) is deprecated.\n Use apply(*, 2, sd) instead."
        warning(paste(msg, collapse = ""), call. = FALSE, domain = NA)
        apply(x, 2, sd, na.rm = na.rm)
    } else
....
```

  – Bei `mean()` geschieht dies eigentlich auch, aber das Ergebnis ist – zunächst – wenig erhellend, denn es sagt uns letztendlich nur, dass es mehrere sogenannte Methoden für die „generische“ Funktion `mean()` gibt und eine adäquate aufgerufen wird:

```
> mean
function (x, ...)
UseMethod("mean")
<bytecode: 0x0555f5e0>
<environment: namespace:base>
```

  Welche Methoden es gibt, bekommt man durch die Funktion `methods()` aufgelistet:

```
> methods( mean)
[1] mean.data.frame   mean.Date    mean.default   mean.difftime   mean.POSIXct
[6] mean.POSIXlt
```

Und die konkrete Abfrage der interessierenden Methode liefert schließlich ihre Definition (die aus Platzgründen hier ebenfalls nicht vollständig abgedruckt wird):

```
> mean.default
function (x, trim = 0, na.rm = FALSE, ...) {
    if (!is.numeric(x) && !is.complex(x) && !is.logical(x)) {
        warning("argument is not numeric or logical: returning NA")
        return(NA_real_)
    }
....
```

– Schwieriger wird's wenn einige der Methoden "invisible" sind, wie z. B. die `ecdf`-Methode der generischen Funktion `summary()`, nämlich `summary.ecdf()`, denn an sie kommt man nicht durch lediglich die Eingabe ihres Namens:

```
> methods( summary)
 [1] summary.aov           summary.aovlist        summary.aspell*
 [4] summary.connection    summary.data.frame     summary.Date
 [7] summary.default       summary.ecdf*          summary.factor
....
   Non-visible functions are asterisked

> summary.ecdf
Fehler: Objekt 'summary.ecdf' nicht gefunden
```

– Die Online-Hilfe zu `summary.ecdf()` zeigt uns jedoch (in der linken oberen Ecke ihrer Hilfeseite), dass diese Methode zum Paket `stats` gehört, sodass das Voranstellen des Paketnamens und zweier oder dreier Doppelpunkte den Zugriff auf den Funktionscode erlaubt:

```
> stats:::summary.ecdf
function (object, ...) {
    header <- paste("Empirical CDF:\t ", environment(object)$n,
        "unique values with summary\n")
....
```

6.6 Kontrollstrukturen: Bedingte Anweisungen, Schleifen, Wiederholungen

Die Abarbeitungsreihenfolge von **R**-Ausdrücken in einer Funktion ist sequenziell. Kontrollstrukturen wie bedingte Anweisungen und Schleifen erlauben Abweichungen davon:

Bedingte Anweisungen: `if`, `ifelse`, `switch`	

`> if(` *bedingung* `) {`
`+` *ausdruck1*
`+ } else {`
`+` *ausdruck2*
`+ }`
	Die `if`-Anweisung erlaubt die alternative Auswertung zweier Ausdrücke abhängig vom Wert des Ausdrucks *bedingung*, der ein skalares `logical`-Resultat liefern muss: ist es `TRUE`, wird *ausdruck1* ausgewertet, anderenfalls *ausdruck2*. Der „`else`-Zweig" (`else{....}`) kann weggelassen werden, wenn für den Fall *bedingung* = `FALSE` keine Aktion benötigt wird. Der Resultatwert der `if`-Anweisung ist der des tatsächlich ausgeführten Ausdrucks.

`> a <- if( n > 10) {`
`+   print( "Shift 1")`
`+   (1:n - 1/2)/n`
`+  } else {`
`+   print( "Shift 2")`
`+   (1:n - 3/8)/`
`+     (n + 1/4)`
`+  }`
	Die Bestandteile der gesamten „`if( ){ }else{ }`“-Struktur und insbesondere ihre vier geschweiften Klammern sollten stets so auf verschiedene Zeilen verteilt werden, wir links gezeigt, um Lesbarkeit und Eindeutigkeit der `if`-Struktur zu gewährleisten. (Handelt es sich bei *ausdruck1* oder *ausdruck2* um einen einzelnen Ausdruck, so können die geschweiften Klammern `{ }` jeweils weggelassen werden, was jedoch fehleranfällig ist.)

`> ifelse(` *test*`,`
`+ ` *ausdr1* `,` *ausdr2*`)`
 	
`> ifelse(`
`+  runif( 4) > 1/2,`
`+  letters[ 1:4],`
`+  LETTERS[ 1:4])`
`[1] "A" "b" "C" "D"`
	Die Funktion `ifelse()` ist eine vektorisierte Version von `if`, wobei *test* ein `logical`-Objekt ist oder ergibt; dieses gibt auch die Struktur des Resultates vor. *ausdr1* und *ausdr2* müssen vektorwertige Resultate derselben Länge wie *test* liefern (können also schon Vektoren sein). Für jedes Element von *test*, das `TRUE` ist, wird das korrespondierende Element von *ausdr1* in das entsprechende Element des Resultates eingetragen, für jedes Element, das `FALSE` ist, das korrespondierende Element von *ausdr2*.

`> switch(` *ausdr*`,`
`+` *argname.1* `=` *ausdr.1* `,`
`+  ....,`
`+` *argname.N* `=` *ausdr.N*
`+ )`
 	
`> switch( Verteilung,`
`+  normal = rnorm(1),`
`+  cauchy = rcauchy(1),`
`+  uniform = runif(1),`
`+  stop( "Unbekannt")`
`+  )`
	Die Funktion `switch()` ist, wie ihr Name nahelegt, ein Schalter, der abhängig vom Wert des (Steuer-)Ausdrucks *ausdr* die Ausführung von höchstens einem von mehreren, alternativen Ausdrücken veranlasst. Der Resultatwert von `switch()` ist der Wert des tatsächlich ausgeführten Ausdrucks: *ausdr* muss sich zu `numeric` oder `character` ergeben. Ist das Ergebnis `numeric` mit dem Wert *i*, wird *ausdr.i* ausgewertet; ist es `character`, so wird derjenige Ausdruck ausgeführt, dessen Formalname (*argname.1* bis *argname.N*) mit *ausdr* exakt übereinstimmt. Falls der Wert von *ausdr* nicht zwischen 1 und *N* liegt oder mit keinem Formalnamen übereinstimmt, wird `NULL` zurückgegeben oder, falls ein letzter unbenannter Ausdruck existiert, dessen Wert: In `switch(` *ausdr* `,` *f1* `=` *a1* `, ....,` *fN* `=` *aN* `, aX)` wäre es dann also `aX`.

Die `for`-Schleife	

`> for(` *variable* `in` *werte*`) {`
`+ ` *ausdruck*
`+  }`
 	
`> X <- numeric( 100)`
`> e <- rnorm( 99)`
`> for( i in 1:99) {`
`+  X[ i+1] <- alpha *`
`+          X[ i] + e[ i]`
`+  }`
	Die `for`-Schleife weist *variable* sukzessive die Elemente in *werte* zu und führt dabei *ausdruck* jedes Mal genau einmal aus. *variable* muss ein zulässiger Variablenname sein, `in` ist ein notwendiges Schlüsselwort, *werte* ein Ausdruck, der ein `vector`-Objekt liefert, und *ausdruck* ein beliebiger Ausdruck (oder eine Sequenz von Ausdrücken). Innerhalb von *ausdruck* steht *variable* zur Verfügung, braucht aber nicht verwendet zu werden. Der Rückgabewert der gesamten `for`-Schleife ist der Wert von *ausdruck* in ihrem letzten Durchlauf.

Vielfach wiederholte Ausdruckauswertung mit `replicate()`	

`> replicate( n,` *ausdruck*`)`
 	
`> replicate( 10, {`
`+  x <- rnorm( 30)`
`+  y <- rnorm( 30)`
`+  plot( x, y)`
`+  } )`
	Für `n` $\in \mathbb{N}$ wird *ausdruck* `n`-mal ausgewertet und die `n` Ergebnisse in einer möglichst einfachen Struktur (z. B. als Vektor) zusammengefasst zurückgegeben. `replicate()` ist faktisch nur eine “wrapper”-Funktion für eine typische Anwendung von `sapply()` (vgl. S. 48) und insbesondere geeignet für Simulationen, in denen wiederholt Stichproben von Zufallszahlen zu generieren und jedes Mal auf dieselbe Art und Weise zu verarbeiten sind.

Hinweis: Für detailliertere Informationen und weitere Anwendungsbeispiele zu obigen Kontrollstrukturen bzw. auch zu anderen Schleifentypen (`repeat` und `while`) sowie Kontrollbefehlen für Schleifen (`next` und `break`) siehe die Online-Hilfe. Beachte: Um die Online-Hilfe zu `if` oder zur `for`-Schleife zu bekommen, müssen Anführungszeichen verwendet werden: `?"if"` bzw. `?"for"`.

Warnungen, Tipps & weitere – knappe – Hinweise:

- **Warnung:** `for`-Schleifen können in **R** *ziemlich ineffizient* und daher relativ langsam sein. Für gewisse, insbesondere iterative Berechnungen sind sie zwar nicht zu umgehen, sollten aber, wann immer möglich, vermieden und durch eine vektorisierte Version des auszuführenden Algorithmus ersetzt werden!

  Für unvermeidbar hoch-iterative (oder auch rekursive) Algorithmen ist in Erwägung zu ziehen, sie in C oder Fortran zu programmieren und die C- bzw. Fortran-Schnittstelle von **R** zu nutzen. Siehe hierzu die unten empfohlenen Bücher oder in der Online-Hilfe in der Dokumentation "Writing R Extensions" den Abschnitt 6 "System and foreign language interfaces" (vgl. §1.5.3, Bild 2).

  Was man *auf jeden Fall* zu vermeiden versuchen sollte, weil es extrem ineffizient (und schlechter **R**-Programmierstil) ist:

  – Vektorisierbare Berechnungen in einer Schleife der Art `for( i in ....) { y[ i] <- ....}` durchführen zu lassen.
  – Objekte (Vektoren, Matrizen, Listen etc.) durch oder in eine/r `for`-Schleife „wachsen", d. h. dynamisch entstehen zu lassen wie z. B. in `for( i in ....) { y <- c( y, ....)}`, wobei für `cbind()` oder `rbind()` anstelle von `c()` hierbei dasselbe gilt.

    Selbst wenn man nicht weiß, wie groß das resultierende Objekt schließlich genau sein wird, man aber immerhin eine obere Schranke kennt, so lohnt es sich oft, diese Schranke zu nutzen, indem man ein zu großes Objekt kreiert, durch geeignete Indizierung (nur teilweise) füllt und das erhaltene Objekt schließlich auf die endgültig benötigte Dimension verkleinert.

- Einige sehr nützliche Hilfsfunktionen, um Eigenschaften von Programmcode wie Schnelligkeit und Objektgrößen zu kontrollieren bzw. um die Fehlersuche zu erleichtern, sind die folgenden:

  – `system.time()` ermittelt die CPU-Zeit (und andere Zeiten), die zum Abarbeiten eines an sie übergebenen **R**-Ausdrucks benötigt wurde.
  – `object.size()` ergibt den ungefähren Speicherplatzbedarf in Bytes des an sie übergebenen Objektes.
  – `browse()` erleichtert die Fehlersuche z. B. im Rumpf einer Funktion, indem sie erlaubt, die Auswertungsumgebung der Stelle, an der sie aufgerufen wurde, zu inspizieren.

    `debug()` ermöglicht noch mehr, z. B. das „schrittweise" Abarbeiten der Ausdrücke in einem Funktionsrumpf und (ebenfalls) das zwischenzeitliche Inspizieren sowie nötigenfalls sogar das Modifizieren der dabei verwendeten oder erzeugten Objekte.

    Für die Funktionsweise und Nutzung von `browse()` und `debug()` siehe jeweils ihre Online-Hilfe.
  – `Rprof()` erlaubt das zeitlich diskrete, aber relativ engmaschige "profiling" (eine Art Protokollieren) der Abarbeitung von **R**-Ausdrücken. Siehe die Online-Hilfe.

- Gute und nützliche, einführende, aber auch schon tiefgehende Bücher zur Programmierung in **R** bzw. **S** sind „Programmieren mit R" ([31, Ligges (2008)]) und "S Programming" ([47, Venables & Ripley (2004)]).

  Noch tiefer- und weitergehend sind "Software for Data Analysis: Programming with R" ([13, Chambers (2008)]) und das exzellente "The Art of R Programming" ([36, Matloff (2011)]).

7 Weiteres zur elementaren Grafik

Die leistungsfähige Grafik von **R** zählt zu seinen wichtigsten Eigenschaften. Um sie zu nutzen, bedarf es eines speziellen Fensters bzw. einer speziellen Ausgabedatei zur Darstellung der grafischen Ausgabe. Wie bereits gesehen, gibt es viele Grafikfunktionen, die gewisse Voreinstellungen besitzen, welche es erlauben, ohne großen Aufwand aufschlussreiche Plots zu erzeugen. Grundlegende Grafikfunktionen, wie sie im Folgenden beschrieben werden, ermöglichen dem/der BenutzerIn die Anfertigung sehr spezieller Plots unter Verwendung verschiedenster Layoutfunktionen und Grafikparameter. Für die *interaktive* Nutzung der Grafikausgabe stehen ebenfalls (mindestens) zwei Funktionen zur Verfügung.

7.1 Grafikausgabe

Zur Vollständigkeit sind hier nochmal die in 4.1 aufgeführten Funktionen wiederholt. (Beachte auch die dortigen Hinweise.)

Öffnen und Schließen von Grafik-Devices:	

`> X11()`
`> windows()`
.... (Grafikbefehle) ....
	`X11()` öffnet unter Unix und `windows()` unter Windows bei jedem Aufruf ein neues Grafikfenster. Das zuletzt geöffnete Device ist das jeweils aktuell *aktive*, in welches die Grafikausgabe erfolgt.

`> dev.list()`	Listet Nummern und Typen aller geöffneten Grafik-Devices auf.
`> dev.off()`	Schließt das zuletzt geöffnete Grafik-Device *ordnungsgemäß*.
`> graphics.off()`	Schließt alle geöffneten Grafik-Devices auf einen Schlag.
`> postscript( file)` .... (Grafikbefehle)	Öffnet bei jedem Aufruf eine neue (EPS- (= "Encapsulated PostScript"-) kompatible) PostScript-Datei mit dem als Zeichenkette an `file` übergebenen Namen. Das zuletzt geöffnete Device ist das jeweils aktuelle, in welches die Grafikausgabe erfolgt.
`> dev.off()`	Schließt das zuletzt geöffnete Grafik-Device und *muss* bei einer PostScript-Datei unbedingt zur Fertigstellung verwendet werden, denn erst danach ist sie vollständig und korrekt interpretierbar.

`> pdf( file)`
.... (Grafikbefehle) ....
`> dev.off()`
	Völlig analog zu `postscript()`, aber eben für PDF-Grafikdateien.

7.2 Elementare Zeichenfunktionen: `plot()`, `points()`, `lines()` & Co.

Eine Funktion zur „Erzeugung" eines Streudiagramms samt Koordinatensystem (= „Kosy"):

Koordinatensysteme & Streudiagramme	

`> x <- runif( 50)`
`> y <- 2*x + rnorm( 50)`
`> z <- runif( 50)`
`> X11()`
	(Synthetische Beispieldaten einer einfachen linearen Regression $y_i = 2x_i + \varepsilon_i$ mit ε_i i.i.d. $\sim \mathcal{N}(0,1)$, weiterer z_i i.i.d. $\sim \mathcal{U}(0,1)$ und Öffnen eines neuen Grafikfensters.)

`> plot( x, y)`
 	
`> plist <- list( x = x, y = y)`
`> plot( plist)`
 	
`> pmat <- cbind( x, y)`
`> plot( pmat)`
	Erstellt ein Kosy und zeichnet („plottet") zu den `numeric`-Vektoren `x` und `y` das Streudiagramm der Punkte (`x[i], y[i]`) für i=1, ..., `length( x)`. Statt `x` und `y` kann eine Liste übergeben werden, deren Komponenten `x` und `y` heißen, oder eine zweispaltige Matrix, deren erste Spalte die x- und deren zweite Spalte die y-Koordinaten enthalten.

`> DF <- data.frame( y, x, z)` `> plot( y ~ x + z, data = DF)`	`plot()` akzeptiert auch eine Formel (vgl. `boxplot()` und `stripchart()` in §4.2.2 auf S. 76): `y ~ x1 + .... + xk` bedeutet, dass die „linke“ `numeric`-Variable auf der Ordinate abgetragen wird und die „rechte(n)“ `numeric`-Variable(n) entlang der Abszisse eines jeweils eigenen Kosys. Quelle der Variablen ist der Data Frame für `data`.
`> plot( y)` `> plot( y ~ 1, data = DF)`	Für einen Vektor allein oder die Formel `y ~ 1` wird das Streudiagramm der Punkte (`i, y[i]`) gezeichnet.

Funktionen, mit denen einfache grafische Elemente in ein *bestehendes* Koordinatensystem eingezeichnet werden können:

Punkte, Linien, Pfeile, Text & Gitter in ein Koordinatensystem einzeichnen	

`> points( x, y)`
 	
`> points( plist)`
`> points( pmat)`
`> points( x)`
	In ein *bestehendes* (durch `plot()` erzeugtes) Kosy werden für die `numeric`-Vektoren `x` und `y` an den Koordinaten (`x[i], y[i]`) Punkte eingetragen. Ebenso können (wie bei `plot()`) eine Liste (mit Komponenten namens `x` und `y`) oder eine zweispaltige Matrix verwendet werden. Für alleiniges `x` werden die Punkte an (`i, x[i]`) eingezeichnet.

`> lines( x, y)`
`> lines( plist)`
`> lines( pmat)`
`> lines( x)`
	Zeichnet einen Polygonzug durch die Punkte (`x[i], y[i]`) in ein *existierendes* Kosy. Eine *x*-*y*-Liste, eine zweispaltige Matrix oder ein alleiniges `x` funktionieren analog zu `points()`.

`> abline( a, b)`
`> abline( a)`
 	
`> abline( h = const)`
 	
`> abline( v = const)`
	Zeichnet eine Gerade mit y-Achsenabschnitt `a` und Steigung `b` in ein *bestehendes* Kosy ein. Bei alleiniger Angabe eines *zwei*elementigen Vektors `a` wird `a[1]` der y-Achsenabschnitt und `a[2]` die Steigung. Alleinige Angabe von `h = const` liefert horizontale Geraden mit den Elementen des `numeric`-Vektors `const` als Ordinaten; `v = const` führt zu vertikalen Geraden mit den Abszissen aus `const`.

`> segments( x0, y0,` `+ x1, y1)`	Fügt für die gleich langen `numeric`-Vektoren `x0`, `y0`, `x1` und `y1` in ein *vorhandenes* Kosy für jedes i=1, ..., `length( x0)` eine Strecke von (`x0[i], y0[i]`) bis (`x1[i], y1[i]`) ein.
`> arrows( x0, y0,` `+ x1, y1)`	`arrows()` wirkt wie `segments()`; zusätzlich wird an jedem Endpunkt (`x1[i], y1[i]`) eine Pfeilspitze gezeichnet. Durch `length` wird die Größe (in Zoll) des bzw. der zu zeichnenden Pfeilspitzen gesteuert; die Voreinstellung ist mit 0.25 Zoll ziemlich groß. (Eine Angabe `code = 3` liefert Pfeilspitzen an beiden Enden.)
`> text( x, y, labels,` `+ adj, pos)`	Für die `numeric`-Vektoren `x` und `y` und den `character`-Vektor `labels` wird der Text `labels[i]` (per Voreinstellung horizontal und vertikal zentriert) an die Stelle (`x[i], y[i]`) in ein *bestehendes* Kosy geschrieben. Mit `adj` oder `pos` lässt sich die Ausrichtung der Textes relativ zur Stelle (`x[i], y[i]`) variieren. Voreinstellung für `labels` ist `1:length( x)`, d. h., an den Punkt (`x[i], y[i]`) wird `i` geschrieben.
`> grid( nx, ny)`	Zeichnet ein (`nx` × `ny`)-Koordinatengitter in einen bestehenden Plot ein, das sich an seiner Achseneinteilung orientiert.

Bemerkung: Alle obigen Funktionen habe zahlreiche weitere Argumente. Eine große Auswahl davon wird im folgenden Abschnitt beschrieben, aber nicht alle; speziell interessant für `points()` ist `pch` und für `lines()` sind es `lty` und `col` auf Seite 103. Die Online-Hilfe der einzelnen Funktionen ist – wie immer – eine wertvolle Informationsquelle.

7.3 Die Layoutfunktion `par()` und Grafikparameter für `plot()`, `par()` et al.

Viele Grafikfunktionen, die einen Plot erzeugen, besitzen optionale Argumente, die bereits beim Funktionsaufruf die Spezifizierung einiger Layoutelemente (wie Überschrift, Untertitel, Legende) erlauben. Darüber hinaus stehen bei Plotfunktionen, die ein Koordinatensystem erzeugen, Argumente zur Verfügung, mit denen man dessen Layout spezifisch zu steuern vermag (Achsentypen, -beschriftung und -skalen, Plottyp). Weitere Grafikparameter werden durch die Funktion `par()` gesetzt und steuern grundlegende Charakteristika aller nachfolgenden Plots. Sie behalten so lange ihre (neue) Einstellung bis sie explizit mit `par()` wieder geändert oder beim Aufruf eines neuen Grafik-Devices (Grafikfenster oder -datei) automatisch für diese Grafikausgabe auf ihre Voreinstellung zurückgesetzt werden. Zusätzlich gibt es einige „eigenständige“ Layoutfunktionen (wie `title()`, `mtext()`, `legend()`), die zu einem bestehenden Plot (bereits erwähnte) Layoutelemente auch nachträglich hinzuzufügen erlauben. Die folgende Auflistung ist *nicht* vollständig!

Seitenlayoutparameter der Funktion `par()`	
`mfrow = c( m, n)`	`mfrow = c( m,n)` teilt eine Grafikseite in $m \cdot n$ Plotrahmen ein, die in m Zeilen und n Spalten angeordnet sind. Dieser Mehrfachplotrahmen wird links oben beginnend *zeilenweise* mit Plots gefüllt.
`mfcol = c( m, n)`	Wie `mfrow`, nur wird der Mehrfachplotrahmen *spaltenweise* gefüllt.
`oma = c( u, l, o, r)`	Spezifiziert die maximale Textzeilenzahl für den unteren (`u`), linken (`l`), oberen (`o`) und rechten (`r`) „äußeren“ Seitenrand eines Mehrfachplotrahmens. Voreinstellung: `oma = c( 0,0,0,0)`. Für die Beschriftung dieser Ränder siehe `mtext()` und `title()` in Abschnitt 7.4.
`mar = c( u, l, o, r)`	Bestimmt die Breite der Seitenränder (unten, links, oben und rechts) eines einzelnen Plotrahmens in Zeilen ausgehend von der Box um den Plot. Voreinstellung: `mar = c( 5,4,4,2)+0.1`, was etwas „verschwenderisch“ ist.
`pty = "c"`	Setzt den aktuellen Plotrahmentyp fest. Mögliche Werte für `c` sind `s` für einen quadratischen Plotrahmen und `m` für einen maximalen, typischerweise rechteckigen Plotrahmen (Voreinstellung).

Hinweis: Flexiblere und komplexere Einteilungen von Grafik-Devices erlaubt u. a. die Funktion `layout()`, die jedoch inkompatibel mit vielen anderen Layoutfunktionen ist; siehe ihre Online-Hilfe und die dortigen Beispiele.

Koordinatensystemparameter der Funktionen `plot()` oder `par()`	
`axes = L`	Logischer Wert; `axes = FALSE` unterdrückt jegliche Achsenkonstruktion und -beschriftung. Voreinstellung: `TRUE`. (Siehe auch `axis()` in Abschnitt 7.4.)
`xlim = c( x1, x2)` `ylim = c( y1, y2)`	Erlaubt die Wahl der Achsenskalen: `x1, x2, y1, y2` sind approximative Minima und Maxima der Skalen, die für eine „schöne“ Achseneinteilung automatisch gerundet werden.
`log = "c"`	Definiert eine logarithmische Achsenskaleneinteilung: `log = "xy"`: doppelt-logarithmisches Achsensystem; `log = "x"`: logarithmierte x- und „normale“ y-Achse; `log = "y"`: logarithmierte y- und „normale“ x-Achse.
`lab = c( x, y, len)`	Kontrolliert die Anzahl der Achseneinteilungsstriche (“ticks”) und ihre Länge (jeweils approximativ): `x`: Anzahl der tick-Intervalle der x-Achse; `y`: Anzahl der tick-Intervalle der y-Achse; (`len`: tick-Beschriftungsgröße beider Achsen. *Funktionslos!*) Voreinstellung: `lab = c( 5,5,7)`.

`tcl = x`	Länge der ticks als Bruchteil der Höhe einer Textzeile. Ist `x` negativ (positiv), werden die ticks außerhalb (innerhalb) des Kosys gezeichnet; Voreinstellung: -0.5.
`las = n`	Orientierung der Achsenskalenbeschriftung: `las = 0`: parallel zur jeweiligen Achse (Voreinstellung); `las = 1`: waagrecht; `las = 2`: senkrecht zur jeweiligen Achse; `las = 3`: senkrecht.
`mgp = c( x1, x2, x3)`	Abstand der Achsenbeschriftung (`x1`), der -skalenbeschriftung (`x2`) und der -linie (`x3`) vom Zeichenbereich in relativen Einheiten der Schriftgröße im Plotrand. Voreinstellung: `mgp = c( 3,1,0)`. Größere Werte führen zur Positionierung weiter vom Zeichenbereich entfernt, negative zu einer innerhalb des Zeichenbereichs.

Linien-, Symbol-, Textparameter für `par()`, `plot()` & Co.	
`type = "c"`	Spezifiziert als `plot()`-Argument den Plottyp. Mögliche Werte für `c` sind `p`: Punkte allein; `l`: Linien allein; `b`: beides, wobei die Linien die Punkte aussparen; `o`: beides, aber überlagert; `h`: vertikale “high-density”-Linien; `s`, `S`: Stufenplots (zwei Arten Treppenfunktionen); `n`: „nichts“ außer ein leeres Koordinatensystem.
`pch = "c"` `pch = n`	Verwendetes Zeichen `c` bzw. verwendeter Zeichencode `n` für zu plottende Punkte. Voreinstellung: `o`. Andere Symbole können der Online-Hilfe zu `points()` entnommen werden (am besten durch `example( points)`).
`lty = n` `lty = "text"`	Linientyp (geräteabhängig) als `integer`-Code `n` oder als `character`-Wert. Normalerweise ergibt `lty = 1` (Voreinstellung) eine durchgezogene Linie und für höhere Werte erhält man gestrichelte und/oder gepunktete Linien. Für `text` sind englische Ausdrücke zugelassen, die den Linientyp beschreiben wie z. B. `solid` oder `dotted`. Details: Online-Hilfe zu `par()`.

`col = n`
`col = "text"`
`col.axis`
`col.lab`
`col.main`
`col.sub`
	Linienfarbe als `integer`-Code oder `character`: `col = 1` ist die Voreinstellung (i. d. R. schwarz); 0 ist stets die Hintergrundfarbe. Hier sind englische Farbnamen zugelassen, z. B. `red` oder `blue`. Die Parameter `col.axis`, `col.lab`, `col.main`, `col.sub` beziehen sich speziell auf die Achsenskalenbeschriftung, die Achsenbeschriftung, die Überschrift bzw. den Untertitel, wie durch `title()` erzeugt werden (siehe Abschnitt 7.4).

`cex = x`
`cex.axis`
`cex.lab`
`cex.main`
`cex.sub`
	Zeichen-„Expansion“ relativ zur Standardschriftgröße des verwendeten Gerätes: Falls `x` >1, ein Vergrößerungs-, falls `x` <1, ein Verkleinerungsfaktor. Für `cex.axis`, `cex.lab`, `cex.main` und `cex.sub` gilt dasselbe wie für `col.axis` usw.
	Details zu `col` und `cex`: Online-Hilfe zu `par()`.

`adj = x`	Ausrichtung von (z. B. durch `text()`, `title()` oder `mtext()`, siehe Abschnitt 7.4) geplottetem Text: `adj = 0`: linksbündig, `adj = 0.5`: horizontal zentriert (Voreinstellung), `adj = 1`: rechtsbündig. Zwischenwerte führen zur entsprechenden Ausrichtung zwischen den Extremen.

Beschriftungsparameter der Funktion `plot()`	
`main = "text"`	Plotüberschrift `text`; 1.5-fach gegenüber der aktuellen Standardschriftgröße vergrößert. Voreinstellung: `NULL`.
`main = "text1\ntext2"`	`\n` erzwingt einen Zeilenumbruch und erzeugt (hier) eine zweizeilige Plotüberschrift. (Analog für das Folgende.)
`sub = "text"`	Untertitel `text`, unterhalb der x-Achse. Voreinstellung: `NULL`.

`xlab = "text"` `ylab = "text"`	x- bzw. y-Achsenbeschriftung (`text`). Voreinstellung ist jeweils der Name der im Aufruf von `plot()` verwendeten Variablen.

7.4 Achsen, Überschriften, Untertitel und Legenden

Wurde eine Grafik angefertigt, ohne schon beim Aufruf von `plot()` Achsen, eine Überschrift oder einen Untertitel zu erstellen (z. B. weil `plot()`'s Argumenteliste `axes = FALSE, ylab = "", xlab = ""` enthielt und weder `main` noch `sub` mit einem Wert versehen wurden), kann dies mit den folgenden Funktionen nachgeholt und bedarfsweise auch noch genauer gesteuert werden, als es via `plot()` möglich ist. Darüberhinaus lässt sich eine Grafik um eine Legende ergänzen.

„Eigenständige“ Plotbeschriftungsfunktionen	

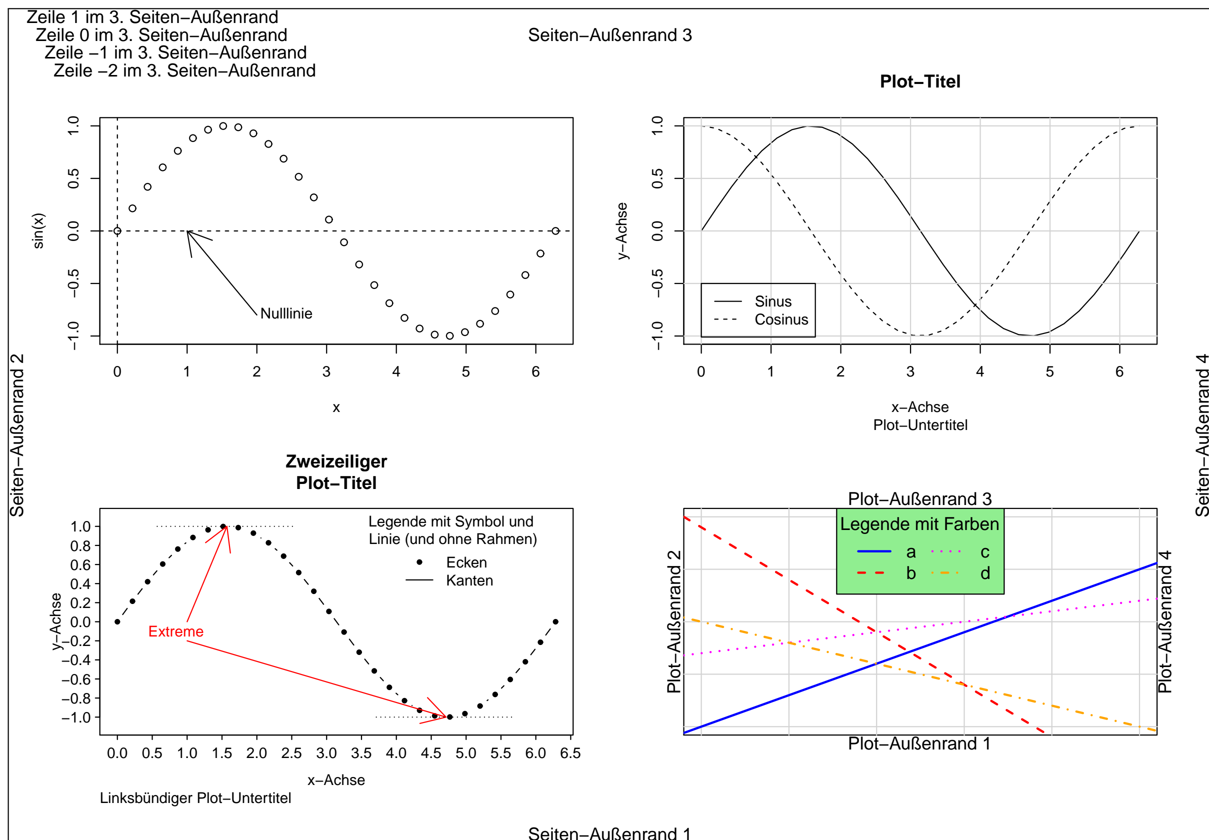
`> axis( side,`
`+ at = NULL,`
`+ labels = TRUE,`
`+ tick = TRUE,`
`+ ....)`
	Fügt zu einem bestehenden Plot eine Achse an der durch `side` spezifizierten Seite (1 = unten, 2 = links, 3 = oben, 4 = rechts) hinzu, die ticks an den durch `at` angebbaren Stellen hat (`Inf`, `NaN`, `NA` werden dabei ignoriert); in der Voreinstellung `at = NULL` werden die tick-Positionen intern berechnet. `labels = TRUE` (Voreinstellung) liefert die übliche numerische Beschriftung der ticks (auch ohne eine Angabe für `at`). Für `labels` kann aber auch ein `character`- oder `expression`-Vektor mit an den ticks zu platzierenden Labels angegeben werden; dann muss jedoch `at` mit einem Vektor derselben Länge versorgt sein. `tick` gibt an, ob überhaupt ticks und eine Achsenlinie gezeichnet werden; in der Voreinstellung geschieht dies.

`> title( main,`
`+ sub,`
`+ xlab,`
`+ ylab,`
`+ line,`
`+ outer = FALSE)`
	Fügt zu einem bestehenden Plot (zentriert in den Rändern des aktuellen Plotrahmens) die Überschrift `main` (1.5-mal größer als die aktuelle Standardschriftgröße) und den Untertitel `sub` unterhalb des Kosys sowie die Achsenbeschriftungen `xlab` und `ylab` hinzu. Der voreingestellte Zeilenabstand ist durch `line` änderbar, wobei positive Werte den Text weiter vom Plot entfernt positionieren und negative Werte näher am Plot. Falls `outer = TRUE`, landen die Texte in den Seiten-Außenrändern.

`> mtext( text,`
`+ side = 3,`
`+ line = 0,`
`+ outer = FALSE)`
	Schreibt den Text `text` in einen der Seitenränder des aktuellen Plotrahmens. Dies geschieht in den Seitenrand `side`: 1 = unten, 2 = links, 3 = oben (Voreinstellung), 4 = rechts. Dort wird in die Zeile `line` (Bedeutung wie bei `title()`) geschrieben. Soll der Text in den (äußeren) Rand eines *Mehrfach*plotrahmens geplottet werden (also beispielsweise als Überschrift für einen Mehrfachplotrahmen), muss `outer = TRUE` angegeben werden.

`> legend( x = 0,`
`+ y = NULL,`
`+ legend,`
`+ lty, pch,`
`+ ncol = 1)`
 	
`> legend( "top",`
`+ legend, ....)`
	In den bestehenden Plot wird eine Legende eingezeichnet, deren linke obere Ecke sich an einer durch `x` und `y` definierten Position befindet und worin die Elemente des `character`-Vektors `legend` auftauchen, gegebenenfalls kombiniert mit den durch `lty` und/oder `pch` spezifizierten Linientypen bzw. Plotsymbolen. (Die nächste Seite und der nächste Abschnitt zeigen Beispiele.) Mit `ncol` wird die (auf 1 voreingestellte) Spaltenzahl variiert. Weitere grafische Parameter sind angebbar; siehe die Online-Hilfe. Anstelle numerischer Werte für `x` und `y` kann an `x` eines der Worte `"bottomright"`, `"bottom"`, `"bottomleft"`, `"left"`, `"topleft"`, `"top"`, `"topright"`, `"right"` oder `"center"` als Ort der Legende (im Inneren des Kosys) übergeben werden.

Die Grafik auf der nächsten Seite oben zeigt das Beispiel einer Seite mit einem (2×2)-Mehrfachplotrahmen und verschiedensten Layouteinstellungen, die durch die darunter folgenden **R**-Kommandos erzeugt wurde.




```
# 30 äquidistante Stützstellen von 0 bis 2*pi als Beispieldaten und
# Formatieren eines Grafikfensters als (2 x 2)-Mehrfachplotrahmen:
#*******************************************************************
x <- seq( 0, 2*pi, length = 30)
par( mfrow = c( 2, 2), oma = c( 1, 1, 2, 1), mar = c( 5, 4, 4, 2) + 0.1)

# Plot links oben:
#*****************
plot( x, sin( x));         abline( v = 0, lty = 2);     abline( h = 0, lty = "dashed")
arrows( 2, -0.8, 1, 0);    text( 2, -0.8, "Nulllinie", pos = 4, offset = 0.2)

# Plot rechts oben:
#******************
plot( x, sin( x), type = "l", main = "Plot-Titel", sub = "Plot-Untertitel",
      xlab = "x-Achse", ylab = "y-Achse")
lines( x, cos( x), lty = "dashed");     grid( lty = "solid")
legend( 0, -0.5, legend = c( "Sinus", "Cosinus"), lty = c( "solid", "dashed"))

# Plot links unten:
#******************
par( mgp = c( 2, 0.5, 0))
plot( x, sin( x), type = "b", pch = 20, las = 1, lab = c( 10, 10, 7), tcl = -0.25,
      ylim = c( -1.1, 1.1), xlab = "x-Achse", ylab = "y-Achse")

text( 1, -0.1, "Extreme", adj = 0.7, col = "red")
arrows( c( 1, 1), c( 0, -0.2), c( pi/2, 3*pi/2), c( 1, -1), col = "red")
segments( c( pi/2, 3*pi/2) - 1, c( 1, -1),
          c( pi/2, 3*pi/2) + 1, c( 1, -1), lty = "dotted")
legend( 3.5, 1, legend = c( "Ecken", "Kanten"), lty = c( -1, 1), pch = c( 20, -1),
        bty = "n", title = "Legende mit Symbol und\nLinie (und ohne Rahmen)")

title( main = "Zweizeiliger\nPlot-Titel", cex = 0.75)
title( sub = "Linksbündiger Plot-Untertitel", adj = 0, cex = 0.6)
```

```
# Plot rechts unten:
#******************
par( mgp = c( 3, 1, 0))
plot( c( 0, 5), c( -1, 1), type = "n", axes = FALSE, xlab = "", ylab = "");    box()
grid( lty = "solid")

abline( -1,   0.3, lty = 1, lwd = 2, col = "blue")
abline( 0.9, -1/2, lty = 2, lwd = 2, col = "red")
abline( -0.3, 0.1, lty = 3, lwd = 2, col = "magenta")
abline( 0,   -0.2, lty = 4, lwd = 2, col = "orange")

legend( "top", legend = letters[ 1:4], lty = 1:4, lwd = 2,
        col = c( "blue", "red", "magenta", "orange"), cex = 1.2, ncol = 2,
        bg = "lightgreen", title = "Legende mit Farben")

mtext( "Plot-Außenrand 1", side = 1);   mtext( "Plot-Außenrand 2", side = 2)
mtext( "Plot-Außenrand 3", side = 3);   mtext( "Plot-Außenrand 4", side = 4)

# Text im äußeren Rahmen der Seite:
#*********************************
mtext( paste("Seiten-Außenrand", 1:4), side = 1:4, outer = TRUE)    # mtext() mit
mtext( paste( "Zeile", 1:-2, "im 3. Seiten-Außenrand"),             # vektoriellen
       outer = TRUE, line = 1:-2, adj = 0:3/100)                    # Argumenten.

# Schließen der Grafikausgabe:
#****************************
dev.off()
```

7.5 Einige (auch mathematisch) nützliche Plotfunktionen

In mathematisch-statistischen Anwendungen sind mit gewisser Häufigkeit die Graphen stetiger Funktionen, einseitig stetiger Treppenfunktionen oder geschlossener Polygonzüge (mit gefärbtem Inneren) zu zeichnen. Hierfür präsentieren wir einige **R**-Plotfunktionen im Rahmen von Anwendungsbeispielen (und verweisen für Details auf die Online-Hilfe):

7.5.1 Stetige Funktionen: `curve()`

```
> curve( sin( x)/x, from = -20, to = 20, n = 500)
> curve( abs( 1/x), add = TRUE, col = "red", lty = 2)
```

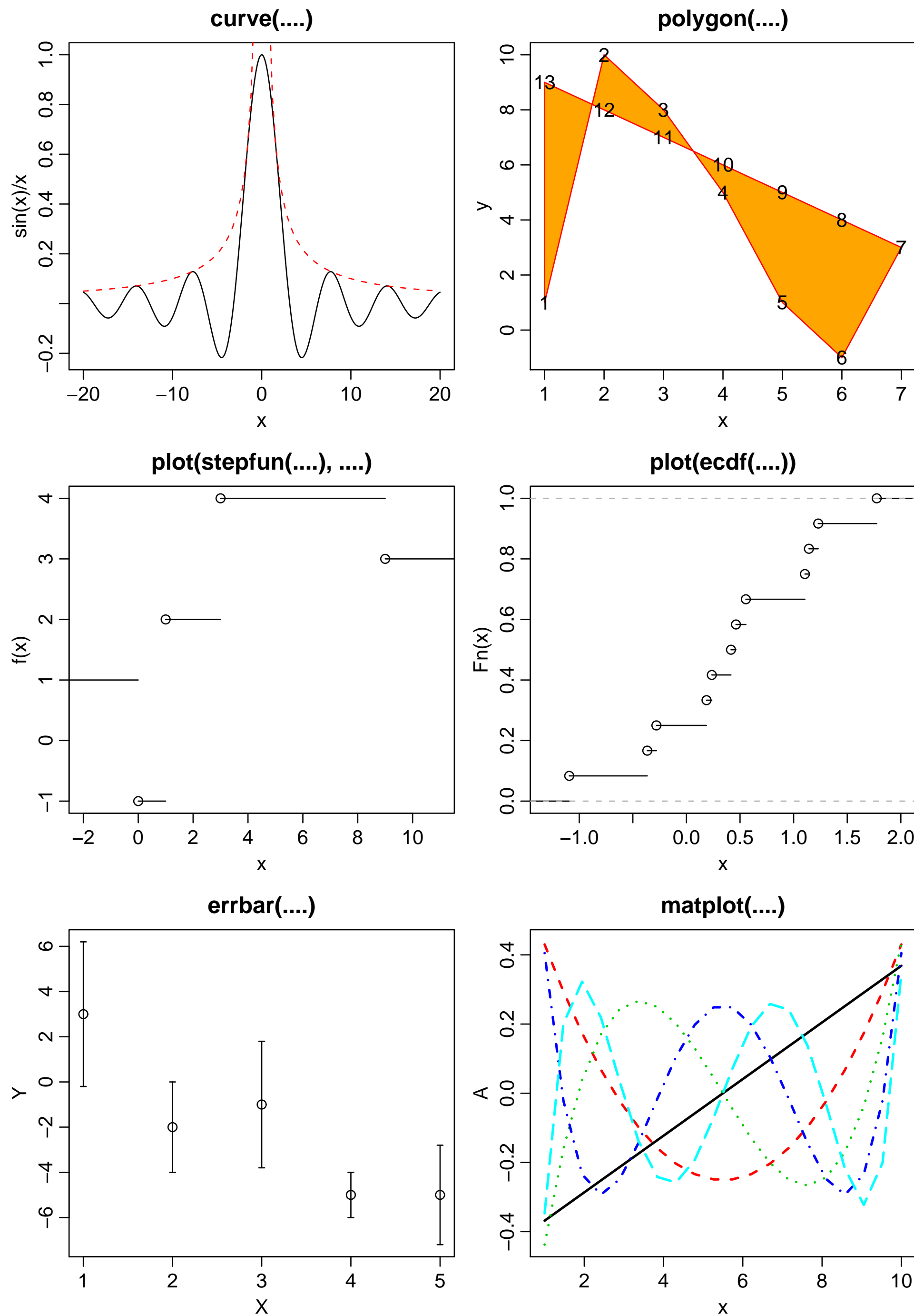
(Plot links oben auf nächster Seite.) Das erste Argument von `curve()` ist der Ausdruck eines Aufrufs einer (eingebauten oder selbstdefinierten) Funktion. Die Argumente `from` und `to` spezifizieren den Bereich, in dem die Funktion ausgewertet und gezeichnet wird. `n` (Voreinstellung: 101) gibt an, wie viele äquidistante Stützstellen dabei zu nutzen sind. Ist `add = TRUE`, wird in ein *bestehendes* Koordinatensystem gezeichnet, wobei dessen x-Achsenausschnitt verwendet wird (und dies, wenn nicht anders spezifiziert, mit `n = 101` Stützstellen). Wie stets, bestimmen `col`, `lty` und `lwd` Linienfarbe, -typ bzw. -dicke.

7.5.2 Geschlossener Polygonzug: `polygon()`

```
> x <- c( 1:7, 6:1);     y <- c( 1, 10, 8, 5, 1, -1, 3:9)
> plot( x, y, type = "n")                              # Generiert das (leere) Kosy.
> polygon( x, y, col = "orange", border = "red")             # Der Polygonzug.
> text( x, y)                                    # Nur zur Beschriftung der Ecken.
```

(Plot rechts oben auf nächster Seite.) `polygon()` zeichnet ein Polygon in ein *bestehendes* Koordinatensystem. Seine ersten beiden Argumente `x` und `y` müssen die Koordinaten der Polygonecken

enthalten, die durch Kanten zu verbinden sind, wobei die letzte Ecke automatisch mit der ersten (`x[1], y[1]`) verbunden wird. Innen- und Randfarbe werden durch `col` bzw. `border` festgelegt.



7.5.3 Beliebige Treppenfunktionen: `plot()` in Verbindung mit `stepfun()`

```
> x <- c( 0, 1, 3, 9);      y <- c( 1, -1, 2, 4, 3)
> plot( stepfun( x, y), verticals = FALSE)
```

(Linker Plot in zweiter „Zeile“ oben auf dieser Seite.) Für einen aufsteigend sortierten Vektor `x` von Sprungstellen und einen *um ein Element längeren* Vektor `y` von Funktionswerten *zwischen* den Sprungstellen generiert `stepfun( x, y)` ein `stepfun`-Objekt, das eine rechtsseitig stetige Treppenfunktion repräsentiert, die links von der ersten Sprungstelle `x[1]` auf dem Niveau `y[1]` startet und an `x[i]` auf `y[i+1]` springt. Sie wird von `plot()` „mathematisch korrekt“ gezeichnet, falls das `plot`-Argument `verticals = FALSE` ist.

7.5.4 Die empirische Verteilungsfunktion: `plot()` in Verbindung mit `ecdf()`

```
> plot( ecdf( rnorm( 12)))     # Empirische Verteilungsfunktion zu 12 standard-
                               # normalverteilten Pseudozufallsvariablen.
```

(Rechter Plot in zweiter „Zeile“ oben auf vorheriger Seite.) Die empirische Verteilungsfunktion F_n zu n Werten ist eine Treppenfunktion, die auf dem Niveau 0 startet und an der i-ten OS auf den Funktionswert i/n springt. Zu einem beliebigen `numeric`-Vektor generiert `ecdf()` ein `stepfun`-Objekt, das diese speziellen Eigenschaften hat und von `plot()` „mathematisch korrekt“ gezeichnet wird, da hierzu automatisch die `plot`-Methode `plot.stepfun()` verwendet wird.

7.5.5 „Fehlerbalken“: `errbar()` im Package `Hmisc`

```
> X <- 1:5;   Y <- c( 3, -2, -1, -5, -5);   delta <- c( 3.2, 2, 2.8, 1, 2.2)
> library( Hmisc)
> errbar( x = X, y = Y, yplus = Y + delta, yminus = Y - delta)
> detach( package:Hmisc)
```

(Plot ganz links unten auf vorheriger Seite.) Mit `library(Hmisc)` wird das Package `Hmisc` in den Suchpfad eingefügt, damit die Funktion `errbar()` zur Verfügung steht. (Vorsicht! Hierdurch wird – temporär – die Funktion `ecdf()` durch eine `Hmisc`-spezifische maskiert, wie eine entsprechende Mitteilung meldet. Das abschließende `detach(package:Hmisc)` revidiert diese Maskierung.) `errbar()` plottet an den für `x` angegebenen Stellen vertikale „Fehlerbalken“. Die Werte für `y` (hier also die Werte in `Y`) werden markiert und die (absoluten) Unter- und Obergrenzen der vertikalen Balken werden von `yminus` bzw. `yplus` erwartet.

7.5.6 Mehrere Polygonzüge „auf einmal“: `matplot()`

`matplot( A, B)` trägt jede Spalte einer n-zeiligen Matrix `B` gegen jede Spalte einer anderen, ebenfalls n-zeiligen Matrix `A` als Polygonzug in ein gemeinsames Koordinatensystem ab, wobei jede Spaltenkombination einen eigenen Linientyp erhält. Bei ungleicher Spaltenzahl wird (spalten-)zyklisch repliziert; also kann jede der Matrizen auch ein n-elementiger Vektor sein.

Beispiel: `B` sei eine $(n \times k)$-Matrix, die in ihren $j = 1, \ldots, k$ Spalten die Funktionswerte $p_j(x_i)$ gewisser Orthonormalpolynome $p_1, \ldots, p_k$ an Stützstellen x_i für $i = 1, \ldots, n$ enthält:

```
> x <- seq( 1, 10, length = 20)
> (B <- poly( x, 5))      # Gewisse Orthonormalpolynome bis zum Grad 5
               1          2           3           4           5
 [1,] -0.36839420  0.43019174 -0.43760939  0.40514757 -0.34694765
 [2,] -0.32961586  0.29434172 -0.16122451 -0.02132356  0.20086443
 [3,] -0.29083753  0.17358614  0.03838679 -0.23455912  0.32260045
....
[20,]  0.36839420  0.43019174  0.43760939  0.40514757  0.34694765
```

Durch

```
> matplot( x, B, type = "l")
```

wird eine Grafik erzeugt, in der für jede Spalte $j = 1, \ldots, k$ ein (farbiger) Polygonzug durch die Punkte (`x[ i]`, `B[ i, j]`), $i = 1, \ldots, n$, gezeichnet ist, wobei die Polygonzüge automatisch verschiedene Linientypen bekommen. (Plot auf der vorherigen Seite ganz unten rechts.)

7.6 Interaktion mit Plots

R erlaubt dem/der BenutzerIn unter Verwendung der Maus mit einem in einem Grafikfenster bestehenden Plot zu interagieren: Durch „Anklicken" mit der Maus können geplottete Punkte in einem Koordinatensystem (Kosy) identifiziert oder Informationen an beliebigen, „angeklickten" Positionen in einen Plot eingefügt werden.

Interaktion mit Plots	
`> identify( x, y)` `[1]  4  7 13 19 24`	In den in einem Grafikfenster *bestehenden* Plot von `y` gegen `x` wird nach jedem Klick mit der linken Maustaste die *Indexnummer* des dem Mauszeiger nächstliegenden Punktes in dessen Nähe in das bestehende Kosy platziert. Ein Klick der mittleren Maustaste beendet die Funktion `identify()`. Rückgabewert: Vektor der Indizes der „angeklickten" Punkte (hier 5 Stück).

`> identify( x, y,`
`+ labels = c( "a",`
`+ "b", ....))`
	Wird `labels` ein `character`-Vektor (derselben Länge wie `x`) zugewiesen, so wird das dem „angeklickten" Punkt entsprechende Element von `labels` in dessen Nähe gezeichnet.

`> identify( x, y,` `+ plot = FALSE)`	Für `plot = FALSE` entfällt das Zeichnen. (`identify()` gibt aber stets die Indices der angeklickten Punkte zurück.)

`> locator()`
`$x`
`[1] 0.349  4.541`
 	
`$y`
`[1] -0.291 0.630`
	Für einen in einem Grafikfenster bestehenden Plot wird eine Liste von x-y-Koordinaten der mit der linken Maustaste „angeklickten" Stellen geliefert (hier 2 Stück; Voreinstellung: Maximal 500). Mit einem Klick der mittleren Maustaste wird die Funktion beendet. (Kann z. B. zur Positionierung einer Legende genutzt werden; siehe unten.)

`> locator( n = 10,` `+ type = "c")`	Das Argument `n` bestimmt die Höchstzahl der identifizierbaren Punkte. `type` gibt an, ob bzw. was an den „angeklickten" Koordinaten geplottet werden soll. Mögliche Werte für `c` sind `p`: Punkte allein; `l`: Die Punkte verbindende Linien (also ein Polygonzug); `o`: Punkte mit verbindenden Linien überlagert; `n`: „Nichts" (Voreinstellung).

Anwendungsbeispiele für die Interaktion mit Plots	

`> pos <- locator( 1)`
`> legend( pos,`
`+ legend, ....)`
	`pos` speichert die in einem bestehenden Plot in einem Grafikfenster angeklickte Stelle. Dann wird dort die durch `legend()` spezifizierte Legende positioniert.

`> text( locator(),` `+ labels)`	An den durch `locator()` in einem bestehenden Plot in einem Grafikfenster spezifizierten Positionen werden die in `labels` angegebenen Elemente (zyklisch durchlaufend) gezeichnet. Allerdings geschieht das Zeichnen erst, *nachdem* durch einen Klick der mittleren Maustaste die Funktion `locator()` beendet worden ist.

`> mies <- identify( x,`
`+ y, plot = FALSE)`
`> xgut <- x[ -mies]`
`> ygut <- y[ -mies]`
	Die Indexnummern der unter den `(x[i], y[i])` durch Anklicken mit der Maus identifizierten Punkte werden in `mies` gespeichert, damit diese „miesen" Punkte danach aus `x` und `y` entfernt werden können.

Hinweise:

- Wörtliche Wiederholung der Bemerkungen von Seite 86 unten: Ein sehr empfehlenswertes sowie weit- und tiefgehendes Buch zum Thema Grafik in **R** ist "R Graphics" ([38, Murrell (2005)]) (bzw. die zweite Auflage [39, Murrell (2011)]). Dasselbe gilt für das exzellente Buch "Lattice. Multivariate Data Visualization with R" ([42, Sarkar (2008)]), das die **R**-Implementation und -Erweiterung des hervorragenden "Trellis-Grafik"-Systems vorstellt, auf das wir hier nicht eingehen.

- Die "**R**-Gallery" (`http://gallery.r-enthusiasts.com/`) wurde bereits in Abschnitt 1.1 erwähnt. In ihr sind zahlreiche, mit **R** angefertigte, exzellente Grafiken (samt des sie produzierenden **R**-Codes) zu finden und sie können dort nach verschiedenen Kriterien sortierbar betrachtet werden.

- **R** stellt auch eine LaTeX-ähnliche Funktionalität für die Erstellung mathematischer Beschriftung von Grafiken zur Verfügung. Die Online-Hilfe dazu erhält man via `?plotmath`. `example( plotmath)` und `demo( plotmath)` liefern einen Überblick über das, was damit möglich ist, und wie es erreicht werden kann. Warnung: Die Syntax ist etwas „gewöhnungsbedürftig“.

- Für erheblich leistungsfähigere interaktive und dynamische Grafik stehen z. B. die **R**-Packages `rgl` und `rggobi` zur Verfügung. Sie besitzen auch eigene Websites, zu denen man z. B. aus der Package-Sammlung von **R** kommt: `www://cran.r-project.org/` → "Packages" → `rgl` oder `rggobi` und dort dann der angegebenen URL folgen.

Literatur

[1] Agresti, A.: *Categorical Data Analysis.* John Wiley, New York, 1990. (2nd ed., 2002: ∼ 135 €)

[2] Agresti, A.: *An Introduction to Categorical Data Analysis.* John Wiley, New York, 1996. (2nd ed., 2007: ∼ 71 €)

[3] Bock, J.: *Bestimmung des Stichprobenumfangs für biologische Experimente und kontrollierte klinische Studien.* R. Oldenbourg Verlag, München, 1998. (Evtl. vergriffen.)

[4] Bortz, J., Lienert, G. A., Boehnke, K.: *Verteilungsfreie Methoden in der Biostatistik.* 2., korrig. und aktualis. Auflage, Springer-Verlag, Berlin, 2000. (oder 3. Aufl. 2008). (Beides Taschenbücher á ∼ 50 €)

[5] Box, G. E. P., Hunter, W. G., Hunter, J. S.: *Statistics for Experimenters: An Introduction to Design, Data Analysis and Model Building.* John Wiley, New York, 1978. (∼ 79 €; 2nd ed., 2005: ∼ 125 €)

[6] Braun, W. J., Murdoch, D. J.: *A First Course in Statistical Programming with R.* Cambridge University Press, 2007. (Taschenbuchausgabe aus 2011: ∼ 37 €)

[7] Bretz, F., Hothorn, T., Westfall, P.: *Multiple Comparisons Using R.* Chapman & Hall/CRC Press, Boca Raton/Florida, 2010. (∼ 67 €)

[8] Brown, L. D., Cai, T. T., DasGupta, A.: *Interval Estimation for a Binomial Proportion.* Statistical Sciences, 2001, Vol. 16, No. 2, pp. 101 - 133.

[9] Brunner, E., Domhof, S., Langer, F.: *Nonparametric Analysis of Longitudinal Data in Factorial Experiments.* John Wiley, 2002. (Vermutlich vergriffen.)

[10] Brunner, E., Langer, F.: *Nichtparametrische Analyse longitudinaler Daten.* Oldenbourg-Verlag, 1999. (Gebraucht ab ∼ 357 (!) €)

[11] Brunner, E., Munzel, U.: *Nicht-parametrische Datenanalyse. Unverbundene Stichproben.* Springer-Verlag, Berlin, 2002. (∼ 45 €, Taschenbuch)

[12] Büning, H., Trenkler, G.: *Nichtparametrische statistische Methoden.* 2., völlig neu überarb. Ausg., Walter-de-Gruyter, Berlin, 1994. (∼ 45 €, Taschenbuch)

[13] Chambers, J.: *Software for Data Analysis: Programming with R.* Corr. 2nd printing, Springer-Verlag, Berlin, 2008. (Taschenbuchausgabe aus 2010: ∼ 33 €)

[14] Chambers, J. M., Cleveland, W. S., Kleiner, B., Tukey, P. A.: *Graphical Methods for Data Analysis.* Wadsworth Pub. Co., Belmont/Californien, 1983. (Gebraucht ab 21 €)

[15] Cleveland, W. S.: *LOWESS: A program for smoothing scatterplots by robust locally weighted regression.* The American Statistician, 35, p. 54.

[16] Cleveland, W. S.: *The Elements of Graphing Data.* Wadsworth Advanced Books and Software, Monterey/Californien, 1985. (Hobart Pr., revised ed., 1994: Gebraucht ab 57 €)

[17] Cleveland, W. S., Grosse, E., Shyu, W. M.: *Local regression models.* Chapter 8 of *Statistical Models in S*, eds J. M. Chambers and T. J. Hastie, Wadsworth & Brooks/Cole, 1992. (Gebraucht ab 62 €)

[18] Dalgaard, P.: *Introductory Statistics with R.* 2nd ed., Springer-Verlag, 2008. (∼ 50 €, paperback)

[19] Dilba, G., Schaarschmidt, F., Hothorn,L. A.: *Inferences for Ratios of Normal Means.* In: R News Vol. 7(1), April 2007, pp. 20 - 23. URL http://cran.r-project.org/doc/Rnews/Rnews_2007-1.pdf

[20] Everitt, B. S., Hothorn, T.: *A Handbook of Statistical Analyses Using R.* 2nd ed., Chapman & Hall/CRC, Boca Raton, 2010. (∼ 47 €, paperback)

[21] Fleiss, J. L., Levin, B., Paik, M. C.: *Statistical Methods for Rates and Proportions.* 3rd ed., John Wiley, New York, 2003. (∼ 133 €)

[22] Friendly, M.: *Mosaic displays for multi-way contingency tables.* Journal of the American Statistical Association, 89, pp. 190 - 200.

[23] Friendly, M.: *Visualizing Categorical Data.* SAS Insitute, Carey, NC, 2000. URL http://www.math.yorku.ca/SCS/vcd (Gebraucht ab ∼ 157 €)

[24] Gardner, M. J., Altman, D. G.: *Confidence intervals rather than P values: estimation rather than hypothesis testing.* British Medical Journal 1986, Vol. 292, pp. 746 - 750.

[25] Ghosh, B. K.: *Some monotonicity theorems for χ^2, F and t distributions with appplications.* Journal of the Royal Statistical Society, Series B, 1973, Vol. 35, pp. 480 - 492.

[26] Henze, N.: *Stochastik für Einsteiger. Eine Einführung in die faszinierende Welt des Zufalls.* 8., erw. Aufl., Vieweg + Teubner Verlag, 2010. (∼ 25 €; 9., erw. Aufl. 2011 ∼ 25 €, Taschenbuch)

[27] Hettmansperger, T. P.: *Statistical inference based on ranks.* John Wiley, New York, 1984. (Gebraucht ab ∼ 68 €)

[28] Hollander, M., Wolfe, D. G.: *Nonparametric statistical methods.* John Wiley, New York, 1974. (2nd ed., 1999; gebraucht ab ∼ 55 €)

[29] ICH E9: *Statistical Principles for Clinical Trials.* London, UK: International Conference on Harmonisation, 1998. Adopted by CPMP March 1998 (CPMP/ICH/363/96). URL http://www.ich.org

[30] Ligges, U.: *R Help Desk: Accessing the sources.* In: R News Vol. 6(4), October 2006, pp. 43 - 45. URL http://cran.r-project.org/doc/Rnews/Rnews_2006-4.pdf

[31] Ligges, U.: *Programmieren mit R.* 3., überarb. & aktualis. Auflage, Springer-Verlag, 2008. (∼ 33 €, Taschenbuch)

[32] Linhart, Zucchini: *?*, 1986.

[33] Maindonald, J., Braun, J.: *Data Analysis and Graphics Using R. An Example-based Approach.* 3rd ed., Cambridge University Press, 2010. (∼ 66 €).

[34] Mathai, A. M., Provost, S. B.: *Quadratic Forms in Random Variables: Theory and Applications.* Marcel Dekker, Inc., New York, 1992. (Scheint vergriffen.)

[35] Matsumoto, M., Nishimura, T.: *Mersenne Twister: A 623-dimensionally equidistributed uniform pseudo-random number generator.* ACM Transactions on Modeling and Computer Simulation, Vol. 8, 1998, pp. 3 - 30.

[36] Matloff, N.: *The Art of R Programming. A Tour of Statistical Software Design.* No Starch Press, Inc., San Francisco/California, 2011. (∼ 27 €, paperback)

[37] Meyer, D., Zeileis, A., Hornik, K.: *The Strucplot Framework: Visualizing Multi-way Contingency Tables with vcd.* Journal of Statistical Software, Vol. 17 (3), 2006, pp. 1 - 48. URL `http://www.jstatsoft.org/v17/i03`

[38] Murrell, P.: *R Graphics.* Chapman & Hall/CRC Press, Boca Raton/Florida, 2005. (Gebraucht ab ∼ 41 €)

[39] Murrell, P.: *R Graphics.* 2nd ed. Chapman & Hall/CRC Press, Boca Raton/Florida, 2011. (∼ 61 €)

[40] Neter, J., Wasserman, W., Kutner, M. H.: *Applied Linear Statistical Models: Regression, Analysis of Variance, and Experimental Designs.* 3rd ed., Richard D. Irwin, Inc., 1990. (Gebraucht ab 24 €) ODER: Kutner, M. H., Neter, J., Nachtsheim, C. J., Wasserman, W.: *Applied Linear Statistical Models.* 5th revised ed., McGraw Hill Higher Education, 2004. (Gebraucht ab 41 €, paperback)

[41] Sachs, L., Hedderich, J.: *Angewandte Statistik. Methodensammlung mit R.* 12., vollst. neu bearb. Aufl., Springer-Verlag, 2006. (oder 14. Aufl., 2012, beide ∼ 47 €, Taschenbuch)

[42] Sarkar, D.: *Lattice: Multivariate Data Visualization with R.* Springer-Verlag, Berlin, 2008. (∼ 65 €, paperback)

[43] Snedecor, G. W., Cochran, W. G.: *Statistical Methods.* 8th ed., Iowa State University Press, Ames, Iowa, 1989; Blackwell Publishers. (∼ 88 €)

[44] Timischl, W.: *Biostatistik. Eine Einführung für Biologen.* Springer-Verlag, Wien, New York, 1990. (Nachfolger: *Biostatistik. Eine Einführung für Biologen und Mediziner.* 2., neu bearb. Aufl., 2000. (∼ 40 €, Taschenbuch))

[45] Tukey, J. W.: *Exploratory Data Analysis* Addison-Wesley, Reading/Massachusetts, 1977. (∼ 73 €, paperback)

[46] Venables, W. N., Ripley, B. D.: *Modern Applied Statistics with S.* 4th ed., Corr. 2nd printing, Springer-Verlag, New York, 2003. (∼ 82 €, paperback)

[47] Venables, W. N., Ripley, B. D.: *S Programming.* Corr. 3rd printing, Springer-Verlag, New York, 2004. (∼ 97 €) ODER: Corr. 2nd printing, 2001. (∼ 68 €, Taschenbuch)

[48] Verzani, J.: *Using R for Introductory Statistics.* Chapman & Hall/CRC Press, Boca Raton/Florida, 2005. (∼ 43 €)

[49] Wickham, H.: *Reshaping data with the reshape Package.* Journal of Statistical Software, 2007, Vol. 21, No. 12, pp. 1 - 20.

[50] Witting, H., Müller-Funk, U.: *Mathematische Statistik II. Asymptotische Statistik: Parametrische Modelle und nichtparametrische Funktionale.* Teubner, Stuttgart, 1995. (Scheint vergriffen.)

[51] Zhao, Y. D., Rahardja, D., Qu, Y.: *Sample size calculation for the Wilcoxon-Mann-Whitney test adjusting for ties.* Statistics in Medicine 2008, Vol. 27, pp. 462 - 468.

[52] Zuur, A. F., Ieno, E. N., Elphick, C. S.: *A protocol for data exploration to avoid common statistical problems.* Methods in Ecology & Evolution 2009, pp. 1 - 12.

Bemerkung: Circa-Preise lt. `Amazon.de` im November 2012.